



**CENTRO DE INVESTIGACIÓN Y DE ESTUDIOS AVANZADOS
DEL INSTITUTO POLITÉCNICO NACIONAL
UNIDAD ZACATENCO**

DEPARTAMENTO DE BIOMEDICINA MOLECULAR

**“Zonas de riesgo epidemiológico del ciclo de transmisión vectorial
doméstico de la enfermedad de Chagas en el estado de Hidalgo, con una
perspectiva integral del parásito, el vector y la población humana”**

T E S I S

Que presenta:

M. en G. MÓNICA CHICO AVELINO

Para obtener el grado de:

DOCTORA EN CIENCIAS

En la especialidad de:

BIOMEDICINA MOLECULAR

Directora de Tesis:

DRA. REBECA GEORGINA MANNING CELA

Asesores:

Profesores del Departamento de Biomedicina Molecular del CINVESTAV-IPN:

Dra. María Teresa Estrada García

Dra. Rosaura Hernández Rivas

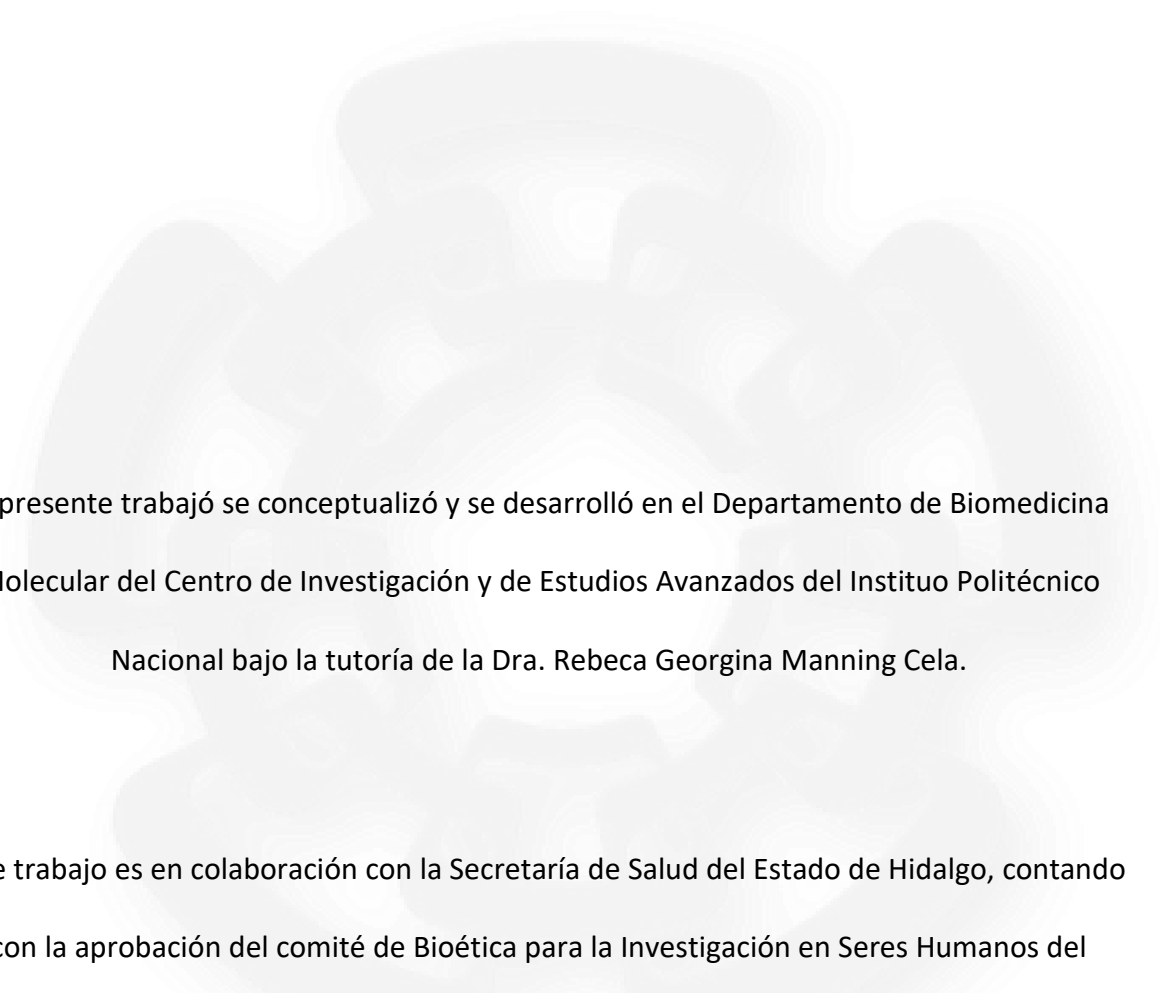
Dr. Nicolás Villegas Sepúlveda

Profesor de la Facultad de Geografía, UAEM:

Dr. Noel Bonfilio Pineda Jaimes

Profesor de la Unidad de Biomedicina de la FES Iztacala, UNAM:

Dr. Santiago Martínez Calvillo



El presente trabajo se conceptualizó y se desarrolló en el Departamento de Biomedicina Molecular del Centro de Investigación y de Estudios Avanzados del Instituto Politécnico Nacional bajo la tutoría de la Dra. Rebeca Georgina Manning Cela.

Este trabajo es en colaboración con la Secretaría de Salud del Estado de Hidalgo, contando con la aprobación del comité de Bioética para la Investigación en Seres Humanos del CINVESTAV del IPN (COBISH) 056/2019 y el Comité de ética en Investigación de los Servicios de Salud de Hidalgo (FSSA2019085).

Durante los estudios de doctorado la estudiante Mónica Chico Avelino fue becaria del Programa de Apoyos para la Superación del Personal Académico de la Universidad Nacional Autónoma de México (PASPA Nacional).

Agradecimientos:

A la Dra. Rebeca G. Manning Cela por confiar en mi trabajo y ver tanto potencial en mí, por todas sus enseñanzas, gracias por acompañarme en este reto y por ser mi mentora en la Enfermedad de Chagas.

A mis revisores la Dra. María Teresa Estrada García, la Dra. Rosaura Hernández Rivas, el Dr. Nicolás Villegas Sepúlveda, el Dr. Noel Bonfilio Pineda Jaimes y el Dr. Santiago Martínez Calvillo, gracias por su compromiso y su rigurosidad científica que contribuyeron en la mejora de este trabajo.

A todo el profesorado del departamento de biomedicina molecular del CINVESTAV por ser tan exigentes, lo que ha contribuido en mi crecimiento científico y académico.

A todo el equipo del laboratorio de *T. cruzi* del departamento de biomedicina molecular del CINVESTAV, en particular a la QFB. Claudia Dueñas y al IBT. David Ortiz, por todo su apoyo, sin sus ánimos y amistad no lo hubiera logrado. También un agradecimiento muy especial al Dr. Eloy Contreras y a la Mtra. Elisa Escabia, que siempre me escucharon y me brindaron una amistad invaluable.

A mi maestro, jefe y amigo el Dr. Raymundo Montota Ayala, por apoyarme en todo, gracias por ser mi mentor desde hace muchos años, sigo aprendiendo de ti.

A la Universidad Nacional Autónoma de México por la beca del Programa de Apoyos para la Superación del Personal Académico (PASPA Nacional) que me fue otorgada durante mis estudios de doctorado.

A todo el equipo del Programa Estatal de Vectores del Estado de Hidalgo y de la Secretaría de Salud de Hidalgo, por su ejemplar trabajo y apoyo. Sin su ayuda no hubiera sido posible realizar este proyecto de investigación.

Dedicatorias:

A mi madre, por apoyarme en todas las decisiones que he tomado en mi vida, por su ejemplo de constancia y superación. Te amo, mutti.

A mi padre, por enseñarme a ser libre y fuerte que ha sido la base para ser la mujer que soy ahora. Te amo, pa.

A Rodrigo y a Bruno, porque a pesar de todas nuestras diferencias el apoyo y el cariño siempre nos une. Les amo.

A mis alumnos por ser mi motivación y la razón de seguir creciendo en mi camino académico.

A todas las personas que de alguna manera me han compartido de sus pasiones. Una lección que aprendí durante los recientes años es que: una pasión es una pasión porque uno...

- puede cambiar de cara, de casa, de familia, de novia, de religión, de Dios. Pero hay una cosa que no puede cambiar, no puede cambiar de pasión-

Campanella y Sacheri, 2009

Mónica



Índice

Resumen.....	10
Abstract	11
Introducción	12
Antecedentes directos	36
Justificación	38
Hipótesis.....	38
Objetivo general.....	39
Área de estudio	40
Estrategia experimental	40
Resultados	55
Discusión	108
Resumen de resultados.....	124
Conclusiones	124
Bibliografía	125

Índice de Figuras

Figura 1. Distribución de la población estimada infectada en países endémicos y no endémicos de la enfermedad de Chagas en el mundo.	14
Figura 2. Fases del ciclo biológico de <i>T. cruzi</i>	18
Figura 3. Ciclo de vida de <i>Trypanosoma cruzi</i>	20
Figura 4. Distribución geográfica aproximada de las DTU de <i>T. cruzi</i> en ciclos de transmisión domésticos y selváticos.	23
Figura 5. Distribución de los DTUs de <i>T. cruzi</i>	24
Figura 6. Prevalencia de los DTU de <i>T. cruzi</i> en humanos y las manifestaciones de la enfermedad de Chagas	25
Figura 7. Morfología externa del género <i>Triatoma</i> (Hemiptera: Reduviidae).	28
Figura 8. Ciclo de vida de <i>Triatoma</i>	29
Figura 9. Mapa de localización del estado de Hidalgo.	40
Figura 10. Esquema de la estrategia experimental propuesta para el modelo espacial de riesgo ecoepidemiológico de la transmisión vectorial de la ECh de aspectos ecológicos, moleculares y sociodemográficos en el estado de Hidalgo.	41
Figura 11. Formulario diseñado para el levantamiento de información sobre las características de la vivienda y factores de riesgo de la población	50
Figura 12. Esquema de la integración del modelo espacial de riesgo ecoepidemiológico de la transmisión vectorial de la Enfermedad de Chagas.	55
Figura 13. Mapa de la distribución de triatominos en el estado de Hidalgo.	56
Figura 14. Densidad de triatominos por regiones geoculturales y especímenes por tipo de clima en el estado de Hidalgo.	57
Figura 15. Mapas del Índice de Moran local bivariado.	59
Figura 16. Dinámica temporal de los elementos del clima y los patrones temporales de los vectores en el estado de Hidalgo.	61
Figura 17. Dinámica temporal de las cuatro especies dominantes en el estado de Hidalgo.	62
Figura 18. Variaciones temporales de adultos (machos y hembras) y ninfas de las cuatro especies de Triatominos dominantes en el estado de Hidalgo.	63
Figura 19. Ocupación de los triatominos en el ciclo doméstico y fuera del ciclo doméstico asociados a la presencia del hombre.	65
Figura 20. Tasas de infección de los triatominos reportados en las bases de datos históricas en el estado de Hidalgo.	68
Figura 21. Distribución de triatominos reportados infectados con <i>T. cruzi</i> en las bases de datos históricas para el estado de Hidalgo.	69
Figura 22. Resultados obtenidos en las bases de datos de banco de sangre para el estado de Hidalgo.	70
Figura 23. Distribución de la seroprevalencia por <i>T. cruzi</i> en banco de sangre para el estado de Hidalgo en el periodo 2009 - 2019.	73
Figura 24. Número de casos positivos en población humana reportadas en las bases de datos de sangre para el estado de Hidalgo.	74
Figura 25. Representación espacio- temporal de los casos seropositivos a <i>T. cruzi</i> acumulados por año durante el periodo 2009 a 2019 reportados en banco de sangre en el estado de Hidalgo.	75
Figura 26. Distribución de la seroprevalencia por <i>T. cruzi</i> en banco de sangre vs la distribución de las especies de triatominos en el estado de Hidalgo.	77
Figura 27. Número de casos positivos a <i>T. cruzi</i> reportados en banco de sangre en el estado de Hidalgo, representados por género.	78
Figura 28. Valores del coeficiente de correlación de Pearson evaluados para las variables incluidas en los modelos de distribución potencial de las especies de triatominos.	82
Figura 29. Resultados de la prueba de Jackknife obtenidos con MaxEnt	83
Figura 30. Mapa de distribución potencial de <i>T. dimidiata</i> en el estado de Hidalgo.	84
Figura 31. Mapa de distribución potencial de <i>T. mexicana</i> en el estado de Hidalgo.	85
Figura 32. Mapa de distribución potencial de <i>T. gerstaeckeri</i> en el estado de Hidalgo.	86
Figura 33. Mapa de distribución potencial de <i>T. barberi</i> en el estado de Hidalgo.	87
Figura 34. Curva de Receiver Operating Characteristic (ROC) obtenida con MaxEnt.	88
Figura 35. Sitios de muestreo para la validación experimental de presencia / ausencia de las especies de triatominos en el estado de Hidalgo.	89
Figura 36. Sitios de muestreo y colecta de triatominos para la validación experimental de presencia / ausencia basada en los modelos de distribución potencial.	90
Figura 37. Técnicas de colecta aplicadas en el muestreo durante la validación de la presencia / ausencia de triatominos en el estado de Hidalgo.	93
Figura 38. Concordancia entre las clasificaciones de los modelos de <i>T. dimidiata</i> y <i>T. mexicana</i> frente a los datos de validación de experimental.	95
Figura 39. Concordancia entre las clasificaciones de los modelos de <i>T. barberi</i> y <i>T. gerstaeckeri</i> frente a los datos de validación de experimental.	96
Figura 40. Imágenes representativas de la colecta de <i>T. pallidipennis</i> y <i>T. phyllosoma</i> en la localidad de Guadalupe, Tecozautla.	97

Figura 41. Espécimen macho de la especie <i>T. longipennis</i> , recochado por colecta comunitaria en la localidad de Guadalupe, Tecozautla Hidalgo.....	98
Figura 42. Características y materiales del intradomicilio de las viviendas muestreadas en la validación experimental.	99
Figura 43. Imágenes representativas de las características (intradomicilio) de las viviendas	100
Figura 44. Imágenes representativas de las características (intradomicilio) de las viviendas	101
Figura 45. Imágenes representativas de las características de las viviendas de la localidad de Guadalupe, Tecozautla, en las que no se encontraron vectores intradomiciliados.	102
Figura 46. Características y materiales del peridomicilio de las viviendas muestreadas en la validación experimental.	103
Figura 47. Imágenes representativas de las características del peridomicilio de las viviendas.	104
Figura 48. Mapa de riesgo de la transmisión vectorial en el ciclo doméstico de la enfermedad de Chagas en el estado de Hidalgo.	107

Índice de Tablas

Tabla 1. Tabla de frecuencia, que muestra los parámetros de concordancia y discrepancia utilizados para las métricas para la evaluación del modelo de clasificación.	48
Tabla 2. Se muestran las variables incluidas en el modelo y los criterios de categorización de riesgo epidemiológico de transmisión vectorial de la Enfermedad de Chagas.	52
Tabla 3. Tabla 3. Se muestran los factores de riesgo documentados en la validación experimental, incluidos en el mapa de riesgo.	54
Tabla 4. Ocupación de las especies de triatominos en el ciclo doméstico reportados para el estado de Hidalgo.	64
Tabla 5. Lugares dentro del ciclo doméstico se capturaron especies de <i>Triatoma</i> en Hidalgo.	66
Tabla 6. Procedencia de los casos reportados positivos, negativos e indeterminados en banco de sangre para <i>T. cruzi</i> en el estado de Hidalgo (periodo 2009 – 2019).	71
Tabla 7. Reportes de infección por <i>T. cruzi</i> en banco de sangre de los municipios con registros en el estado de Hidalgo (periodo 2009 – 2019).....	72
Tabla 8. Asociación de la seroprevalencia por <i>T. cruzi</i> en banco de sangre en el estado de Hidalgo (periodo 2009 – 2019), con las características de la población reportada infectada.	78
Tabla 9. Valores de contribución e importancia de las variables incluidas en el modelado de distribución potencial de las especies de triatominos.	80
Tabla 10. Número de ejemplares colectados de <i>T. dimidiata</i> , <i>T. mexicana</i> y <i>T. barberi</i> en la validación experimental.	92
Tabla 11. Datos utilizados para el cálculo de la muestra estadísticamente significativa* para las especies triatominos con base en los datos históricos (22 años) para el estado de Hidalgo.	93

Resumen

La enfermedad de Chagas (ECh) es una afección parasitaria causada por el protozoario *Trypanosoma cruzi*, que puede transmitirse al ser humano a través de insectos hematófagos pertenecientes a la subfamilia Triatominae. La ECh se ha relacionado con diversos determinantes sociales como viviendas deficientes, residir en comunidades con altos niveles de pobreza e inestabilidad demográfica debido a la migración, así como desarrollar ocupaciones ligadas al sector agropecuario. Por lo tanto, resulta fundamental abordar el estudio de la ECh en entornos endémicos mediante un enfoque espacio-temporal que permita analizar la dinámica de los vectores transmisores, la población humana infectada y los factores de riesgo asociados a su dispersión. El estado de Hidalgo representa uno de los principales focos endémicos de la ECh en México, donde se han documentado tasas de seroprevalencia en la población infectada que oscilan entre el 0.73% y el 8.21%. De acuerdo con los antecedentes históricos, se ha constatado la circulación de cuatro especies de vectores en la región: *T. dimidiata*, *T. mexicana*, *T. gerstaeckeri* y *T. barberi*, las cuales han sido reportadas infectadas con el parásito en estudios previos. Más recientemente, también se han reportado avistamientos de *T. protracta woodi* y *T. longipennis* en informes procedentes de la zona. A pesar de contar con esta información previa, no existen investigaciones que hayan abordado los patrones de distribución temporal y espacial de los elementos involucrados en la ECh en el estado de Hidalgo. Un estudio de este tipo sentaría las bases para fundamentar estrategias de control vectorial sustentadas en evidencia para esta región. El presente trabajo aspira a llenar este vacío mediante una evaluación integral y espacio-temporal de los componentes que participan en el ciclo doméstico de transmisión de la ECh en Hidalgo. A través de un enfoque espacial empleando Sistemas de Información Geográfica y modelamiento, el objetivo fue analizar de manera conjunta los vectores, casos humanos infectados y factores asociados, con la finalidad de estratificar zonas de riesgo de transmisión y orientar de mejor forma las acciones preventivas y mitigación en el futuro. Se generó una base de datos georreferenciada de triatomíneos presentes en el estado. Estos registros históricos (22 años de reportes) se emplearon para desarrollar mapas de probabilidad de presencia-ausencia mediante modelos de máxima entropía para cada especie. Los modelos se sometieron a validaciones estadísticas y experimentales, lo que permitió direccionar esfuerzos de muestreo en campo. Asimismo, durante la validación experimental se caracterizaron los factores de riesgo en las viviendas encuestadas. Adicionalmente, se analizó una base de datos con 11 años de casos seropositivos provenientes de bancos de sangre y el Laboratorio Estatal de Salud. Finalmente, se utilizó un modelo de estadística espacial (GWR) con el fin de integrar información referente al parásito, los vectores, la población humana infectada y factores de riesgo asociados. Los resultados mostraron la presencia de siete especies de vectores, siendo las más dominantes *T. dimidiata*, *T. mexicana*, *T. gerstaeckeri* y *T. barberi*. Asimismo, se documentaron tres nuevas especies representadas cada una por un único ejemplar: *T. nidita*, *T. pallidipennis* y *T. phyllosoma*. Se obtuvieron patrones diferenciales de distribución entre las especies, los cuales se asociaron a ciertas características climáticas. La validación experimental corroboró las variaciones temporales, las cuales estuvieron relacionadas con la domiciliación en el caso de *T. dimidiata* y una presencia de visitante en *T. mexicana*. También se validó la presencia y establecimiento local de *T. pallidipennis*, *T. phyllosoma* y *T. longipennis*. La tasa general de infección entre los vectores y la seroprevalencia encontrada en las muestras de bancos de sangre resultaron ser más altas que lo reportado anteriormente para el estado. El periodo analizado mostró un comportamiento muy similar entre años, lo cual sugiere una transmisión activa del parásito en la región. Si bien el número de muestras seropositivas ha ido disminuyendo con el tiempo, la transmisión del parásito pareciera continuar en el estado. Por otra parte, el patrón espacial contrastó con el patrón temporal, dado que a lo largo de los años la distribución geográfica de los casos positivos fue ampliándose. En particular, la expansión de nuevos casos se observó desplazándose hacia las zonas sudoccidentales del estado, principalmente dentro de los municipios del Valle del Mezquital. Los modelos de distribución potencial tuvieron un buen desempeño de acuerdo con las validaciones estadística y experimental, logrando con éxito validar la presencia y ausencia en los sitios potenciales. Lo anterior se evaluó mediante la concordancia entre las predicciones de los modelos y los datos de campo, la

cual varió desde muy buena a débil. Las condiciones de las viviendas mostraron diferencias entre los sitios evaluados, reflejando aspectos culturales. El riesgo de transmisión vectorial en el ciclo doméstico se estratificó espacialmente, identificando lugares de alto riesgo cercanos a donde previamente se había validado la presencia e instalación de las especies de vectores. Dichos sitios también compartían condiciones sociodemográficas y factores de riesgo particulares que proporcionan nichos con microambientes favorables para los vectores. En este análisis también se definieron zonas prioritarias para la búsqueda tanto de vectores como de casos seropositivos en todo el estado. En general, los hallazgos de este estudio aportan perspectivas actualizadas sobre la situación epidemiológica de la ECh dentro del estado. Los resultados tienen el potencial de ayudar al diseño de estrategias de control enfocadas, cuyo objetivo sea reducir los niveles de transmisión localizada en el futuro. Este proyecto nos permitió articular diversos aspectos del campo de la salud, incluyendo la investigación y el sector salud, a través del análisis espacial utilizando Sistemas de Información Geográfica. Esto contribuyó significativamente al conocimiento de la enfermedad de Chagas en Hidalgo, identificando patrones en la distribución del vector, el parásito y las poblaciones vulnerables. Sin duda, los hallazgos sentarán las bases para el diseño de un esquema de control exitoso de esta enfermedad en la población. Además, los resultados demuestran el gran potencial de los SIG para aplicaciones prácticas en el análisis y abordaje de enfermedades transmitidas por vector y problemas de salud pública.

Abstract

Chagas disease (CD) is a condition caused by the protozoan parasite *Trypanosoma cruzi*, which can be transmitted to humans via hematophagous insect vectors belonging to the Triatominae subfamily. CD has been linked to several social determinants such as substandard housing, residing in impoverished areas with high migration, and occupations involving agricultural labor. As such, examining vectors, infected people, and risk factors using a spatiotemporal lens is pivotal to understanding CD in endemic settings. The state of Hidalgo, Mexico represents one of the country's primary CD hotspots, where seroprevalence among 0.73-8.21% has been recorded among residents. Historically, four vector types have been documented in the region: *T. dimidiata*, *T. mexicana*, *T. gerstaeckeri*, and *T. barberi*, all of which have tested positive for the parasite. More recently, the bugs *T. protracta woodi* and *T. longipennis* have also appeared in reports from the area. While this baseline understanding existed, no investigations had examined the temporal and spatial distribution patterns of CD components within Hidalgo. Such an analysis could lay the groundwork for rationalizing evidence-based vector control approaches tailored for the state. The present study aims to fill this gap through a comprehensive, spatiotemporal evaluation of the factors involved in CD's domestic transmission cycle across Hidalgo. Utilizing geographic information systems and modeling techniques, an integrated analysis of vectors, human infections, and associated risk factors is conducted. This spatial methodology strives to stratify transmission risk levels across localities as a means to better guide targeted prevention and mitigation efforts going forward. A georeferenced database of Triatomine bugs present in the state was developed, compiled from 22 years of historical record data. Maximum entropy models were applied to these data to generate presence-absence probability maps for each species through spatial modeling techniques. The resulting models were then statistically and experimentally validated, allowing for targeted field collection of specimens. During experimental validation, risk factors were also characterized at the surveyed households. Additionally, a database of seropositive cases from blood banks and the State Health Laboratory over 11 years was constructed. Finally, spatial statistics modeling (GWR) was utilized to integrate information on the parasite, vectors, infected human population, and associated risk factors. Results indicated the presence of seven vector species, most dominantly *T. dimidiata*, *T. mexicana*, *T. gerstaeckeri* and *T. barberi*. Three novel species, *T. nidita*, *T. pallidipennis* and *T. phyllosoma*, were also recorded, each represented by a single specimen. Differential distribution patterns emerged between the vector species, correlating with certain climatic characteristics. Experimental validation helped corroborate the temporal variations, finding domestication linked these patterns in *T. dimidiata* whereas visitation behaviors explained

distributions for *T. mexicana*. The validated presence and local establishment of *T. pallidipennis*, *T. phyllosoma* and *T. longipennis* were also reported. Overall, infection rates in the vector populations and seroprevalence from blood bank samples turned out to be higher than previously reported for the state. The period analyzed revealed a highly consistent annual pattern, suggesting ongoing active transmission of the parasite within Hidalgo. While the number of seropositive cases had decreased over time, the transmission of the parasite appeared to be persisting within the state. The observed spatial pattern was inverse of the temporal pattern, with the geographic distribution of positive cases expanding over the years. Specifically, emerging new infections were noted shifting further south into regions like the municipalities within the Mezquital Valley area. Regarding the potential distribution models, quantitative assessment found their performance to be sound according to both statistical and experimental validation procedures. The latter activities successfully validated vectors' presence or absence at prospective locations. Concordance between model predictions and field data ranged from very high levels to weaker concordance, demonstrating the model verification process. The spatial pattern was inverse to the temporal one, as over the years the distribution of positive cases expanded. In addition, the expansion of new cases was observed towards the south of the state, mainly in municipalities of the Mezquital Valley. The potential distribution models had a good performance according to statistical and experimental validation, which successfully validated the presence and absence in potential sites. This was evaluated through the concordance between the model and field data, with very good to weak concordances. Housing conditions varied between sites, reflecting underlying cultural influences. The risk of vectorial transmission within the domestic setting was spatially stratified, highlighting at-risk locations near where vector species presence and establishment had been validated previously. These locales also tended to share particular sociodemographic profiles and risk factors capable of providing vector niches with favorable microhabitats. Additionally, through this analysis priority intervention zones were identified for enhanced surveillance of both vectors and seropositive cases across Hidalgo. Overall, the findings from this study offer updated insights into CD's epidemiological situation within the state. Our results have the potential to aid with the design of targeted control strategies aiming to curb localized transmission levels going forward. This project allowed us to articulate various aspects of the health field, including research and the health sector, through spatial analysis using Geographic Information Systems. This significantly contributed to the understanding of Chagas disease in Hidalgo, by identifying patterns in the distribution of the vector, the parasite, and vulnerable populations. Undoubtedly, the findings will lay the foundations for designing a successful control scheme for this disease in the population. Additionally, the results demonstrate the great potential of GIS for practical applications in the analysis and approach of vector-borne diseases and public health problems.

Introducción

Tripanosomiasis americana

La enfermedad de Chagas (ECh) es endémica de Latinoamérica, por lo que también es llamada tripanosomiasis americana. Es una enfermedad parasitaria sistémica causada por el protozoo flagelado *Trypanosoma cruzi*, el cual se transmite a los seres humanos y otros mamíferos principalmente por insectos vectores hemípteros de la subfamilia Triatominae (OPS, 2020). Actualmente, es reconocida como una enfermedad tropical desatendida, que se caracteriza por ser altamente incapacitante y mortal (WHO, 2020). La ECh tiene una fase aguda que se da entre los primeros 30 días después de la infección, pasando en la mayoría de los casos desapercibida ya que los síntomas son leves y no específicos como fiebre, dolor de cabeza, entre otros. En pocos casos se presentan los signos específicos de la vía de entrada del parásito como la hinchazón en la zona de la picadura del insecto vector (chagoma de inoculación) o la inflamación de la conjuntiva del ojo (signo de Romaña). Posteriormente se desarrolla la fase crónica (entre 10 a 30 años post infección),

en la cual únicamente alrededor del 30-40 % de los infectados, desarrollan la patología chagásica caracterizada por lesiones cardíacas y digestivas irreversibles (ISGlobal, 2023). Esta enfermedad constituye un grave problema de salud pública en Latinoamérica, debido a las complicaciones en la salud e incapacidad que causa en un alto porcentaje de personas infectadas, teniendo consecuencias sociales y laborales, así como un alto costo para los servicios de salud (Ministerio de Salud de Argentina, 2013). La ECh se encuentra asociada a múltiples factores sociales y ambientales carenciales que exponen a millones de personas a la infección. Entre los principales factores determinantes presentes en Latinoamérica, se destacan: las malas condiciones de vivienda principalmente en zonas rurales y suburbanas, carecer de recursos económicos, residir en áreas de pobreza con inestabilidad social y económica, y muchas veces con altas tasas de migración, así como pertenecer a grupos vinculados con el trabajo agrícola estacional (OPS, 2020). En este sentido, la importancia de los aspectos sociales y culturales vinculados a la problemática de la ECh ha sido ampliamente reconocida (CONICET, 2015). En mayo de 2019, en cumplimiento de la decisión de la 72ª Asamblea Mundial de la Salud, se estableció el Día Mundial de la Enfermedad de Chagas para su conmemoración el día 14 de abril (WHO, 2020).

Epidemiología

A más de 100 años de su descubrimiento y caracterización en América Latina (AL), la ECh alcanzó una distribución global debido a la migración de personas infectadas, por lo que hoy en día continúa siendo un tema de gran preocupación no solo en países endémicos sino también en países no endémicos. Se han propuesto porcentajes variables de infección en la población humana por *T. cruzi* en el mundo y se estima que hay entre 65 a 100 millones de personas que viven en áreas de exposición y corren el riesgo de infectarse (Lidani et al., 2019).

El área endémica de la ECh abarca desde el norte de México hasta la parte norte de Argentina y Chile, comprendiendo un total de 21 países (Argentina, Belice, Bolivia, Brasil, Chile, Colombia, Costa Rica, Ecuador, El Salvador, Guyana Francesa, Guatemala, Guyana, Honduras, México, Nicaragua, Panamá, Paraguay, Perú, Surinam, Uruguay y Venezuela) (Pérez - Molina y Molina, 2018) (Figura 1). Para el año 2010 se ha calculado que, de los países de la región Sur, Argentina es el país con mayor población infectada con 1,505,235 personas, seguido de Brasil con 1,156,821. En el caso de la región Andina, Colombia encabeza la lista de países con una estimación de 437,960 personas infectadas, seguido de Ecuador con 199,872 personas. Por su parte en la región de América Central, Guatemala y el Salvador, con 166,667 y 90,222 personas respectivamente encabezan la lista de países con el mayor número de infectados (Lidani et al., 2019). En México, en la parte norte de América, se ha estimado que existen aproximadamente 4.06 millones de casos de personas infectadas con *T. cruzi* (Arnal et al., 2019) posicionándose como el país endémico con mayor población humana infectada (Figura 1).

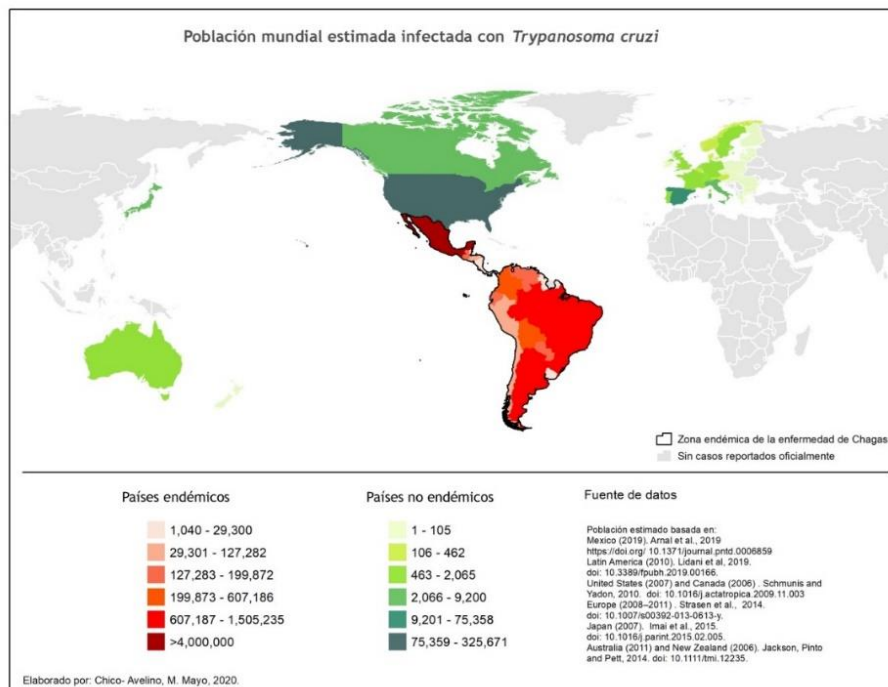


Figura 1. Distribución de la población estimada infectada en países endémicos y no endémicos de la enfermedad de Chagas en el mundo. México (Arnal et al., 2019). América Latina año 2010 (Lidani et al, 2019). Estados Unidos (2007) y Canadá (2006) (Schmunis and Yadon, 2010). Europa (2008–2011) (Strasen et al., 2013.) Japón (2007) (Imai et al., 2015). Australia (2011) y Nueva Zelanda (2006) (Jackson, Pinto and Pett, 2014). **Fuente:** Elaboración propia.

Como se mencionó anteriormente, a pesar de su endemidad la ECh ha ampliado sus límites a otros territorios (Figura 1), debido a los procesos de migración por parte de la población infectada, llegando a ser una epidemia mundial (Schmunis and Yadon, 2010). En este sentido en las últimas décadas se han incrementado los casos positivos en Estados Unidos de América, Canadá y países de Europa y del Pacífico Occidental. Esta situación ha incrementado el riesgo potencial de transmisión del parásito por vías no vectoriales en los países no endémicos, por lo que actualmente se considera a la ECh como un problema de salud global (WHO, 2020) (Figura 1). Algunas cifras sugieren que entre 80,000 y 120,000 inmigrantes infectados por *T. cruzi* viven en Europa y otros 300,000 en los Estados Unidos (Soriano-Arandes et al., 2016), dando una idea de la problemática epidemiológica. En otros trabajos publicados en 2009, se reportó que alrededor de 68,318 y 123,078 inmigrantes residentes en Europa están infectados por *T. cruzi*, la mayoría de ellos radicados en España (Basile et al., 2011), provenientes de Bolivia, Ecuador y Argentina (Basile et al., 2011a). Para el año 2006 en Australia, se encontró que un 3.8% de los 80,522 inmigrantes de Latinoamérica probablemente estaban infectados con *T. cruzi*. También, en Canadá se ha estimado que el 3.5% de los 156,960 inmigrantes latinoamericanos estaban infectados con el parásito. En el caso de Japón se calculó que, de los 80,912 inmigrantes de Brasil, 15,281 de Perú y 19,413 de otros países de América del Sur, podrían estar infectados con el parásito (Schmunis and Yadon, 2010). Finalmente, en Estados Unidos, en el 2007 se estimó que el número de inmigrantes infectados por *T. cruzi* era de 325,671 (Bern et al., 2009), siendo México, El Salvador y Guatemala los países de origen (Schmunis and Yadon, 2010) (Figura 1).

De manera particular en México la ECh es un problema de salud pública importante, ya que para el año 2013 la Secretaría de Salud había estimado 1.1 millones de personas infectadas (Secretaría de Salud, 2015). De acuerdo con el Programa Sectorial de Salud en México en el período de 2000-2012

se registraron 5,463 casos de enfermedad de Chagas de los cuales 247 fueron agudos, 171 crónicos con síntomas y la mayoría de ellos crónicos asintomáticos con 5,045 de casos. Además, entre el año 2000 y 2007, se observó una incidencia de 0.07 a 0.37 por cada 100 mil habitantes, aumentando en el año 2008, en este año se calculó un ascenso de 0.61 a 0.70 por cada 100 mil habitantes. En cuanto a defunciones por ECh en el periodo 2000-2012, se documentaron 371, registrándose el mayor número en Oaxaca con 161 casos (43.4%), seguido del estado de Guerrero con 53 (14.3%), Chiapas con 20 (5.4%), Distrito Federal con 16 (4.3%) y Veracruz con 12 (3.2%), y catorce estados más reportaron entre una y seis defunciones. Con estas cifras, la mortalidad, se ha mantenido estable con una tasa que va de 0.02 defunciones por cada 100 mil habitantes en el año 2000 a 0.03 defunciones por cada 100 mil habitantes en 2012 (Secretaría de Salud, 2015). Para 2017, las mayores tasas de incidencia a nivel estatal las presentaron Yucatán (4.0), Oaxaca (2.4) e Hidalgo (2.1). En el caso de la tasa de mortalidad para el 2016 fue de 0.02 para hombres y 0.01 para mujeres (Rojo - Medina et al., 2018). Sin embargo, como se mencionó anteriormente, se ha estimado en una revisión sistemática y análisis de metadatos, de diversos reportes entre el año 2006 y 2017 una seroprevalencia nacional a *T. cruzi* del 3.38% equivalente a 4.06 millones de casos en México. En este mismo estudio se encontró que las mujeres embarazadas infectadas con el parásito mostraron una seroprevalencia estimada de 2.21%, lo que sugiere que hay 50,675 alumbramientos de mujeres embarazadas infectadas con *T. cruzi* por año y 3,193 casos de recién nacidos con potencial infección. Por su parte en el caso de los niños menores de 18 años, sugiere una transmisión continua ya que la tasa de seropositividad estimada es de 1.51%. Mientras que para los casos de infección en donantes de sangre se ha documentado en la mayoría de los estados una seroprevalencia nacional estimada del 0.55%. (Arnal et al., 2019). Estas estimaciones, coloca a México como el país endémico con el mayor número de infectados dentro de la región de América Latina (Figura 1).

Mecanismos de transmisión

El principal medio de transmisión a humanos y otros mamíferos es por el contacto con heces contaminadas de insectos hematófagos de la Subfamilia Triatominae (Hemiptera: Reduviidae). Aunque con menor frecuencia, *T. cruzi* también puede transmitirse por vías no vectoriales, como transfusiones de sangre infectada, transmisión congénita, trasplante de órganos provenientes de una persona infectada, ingesta de alimentos y bebidas contaminadas con heces u orina de Triatominos o por accidentes de laboratorio (Coura, 2015; Zingales, 2018; WHO, 2020). Además, se ha demostrado la transmisión sexual de *T. cruzi* en modelos con ratones y se ha encontrado al parásito en muestras de semen de personas infectadas (Gomes et al., 2019).

Transmisión vectorial

La transmisión vectorial se da cuando los insectos vectores se alimentan, ya que durante la ingesta sanguínea los insectos suelen defecar eliminando en sus heces y orina a los parásitos, los cuales se pueden introducir por autoinoculación en piel erocionada o mucosas intactas (Toso, Vial y Galanti, 2011). El ciclo de transmisión vectorial se diferencia en dos tipos: el doméstico y el selvático (Ministerio de Salud de Argentina, 2013). Dentro del ciclo selvático *T. cruzi* circula entre hospederos silvestres y vectores que suelen desplazarse hacia las viviendas (intrusivos) (Dumonteil and Gourbiere, 2004). Estos desplazamientos pueden originarse por alteraciones en el ambiente derivados de cambios de uso de suelo o la deforestación, generando que los vectores se muevan y se instalen en las viviendas, las cuales les ofrecen numerosos refugios y les proporcionan fuentes de alimentación muy variadas y constantes (WHO, 2002; Herrera, 2010; CONICET, 2015; Ramsey et al., 2015; López-Cancino et al., 2015). En este ciclo doméstico el parásito infecta a vectores sinantrópicos, mamíferos domésticos y al humano. Dentro de este ciclo se diferencian dos entornos

que son el intra-domicilio (dentro de la vivienda) y el peri-domicilio (área de 100 m alrededor de la vivienda) (Zingales, 2018).

En el territorio mexicano, se han documentado 31 especies de vectores de *T. cruzi*, siendo el género más común *Triatoma* con 19 especies de amplia distribución (Salazar-Schettino et al., 2007). Este género es considerado un vector importante dentro del país, ya que se ha reportado en todos los estados de México (Cruz-Reyes y Pickering-López, 2006). De manera histórica en México se reportó la presencia de *Rhodnius prolixus* (Salazar - Schettino et al., 2010); sin embargo, entre 2008 y 2010, gracias a la Iniciativa Subregional de Prevención, Control y Atención de la Enfermedad de Chagas (IPCA), se eliminó este importante vector en el territorio mexicano (Melean-Díaz, De Benedictis-Serrano y Rios-González, 2018; OPS, 2020 a). El resto de las especies vectoras de *T. cruzi* se han recolectado en diversos paisajes antropogénicos a lo largo del año (Ramsey et al., 2012), reportándose que su alimentación y el contacto humano se producen tanto en hábitats domésticos como no domésticos (Ramsey et al., 2015).

Transmisión por transfusión sanguínea

Otra vía de infección es la transmisión transfusional, considerándose como la segunda vía de infección en países endémicos y principal en países no endémicos (Schmunis, 2007; Rassi, Rassi and Marin-Neto, 2010; Coura, 2015). Esta vía cada vez es menos frecuente en los países endémicos, debido a que se han tomado medidas para controlar la calidad de la sangre para transfusión de manera sistemática (Schmunis, 2007). En los últimos 20 años, la mayoría de los países de América Latina han implementado políticas que requieren pruebas de detección de la infección por *T. cruzi* obligatorias en bancos de sangre, realizando el tamizaje para prevenir la transmisión del parásito a través de productos sanguíneos infectados (Guhl, 2007; Guhl, 2009; Schmunis, 2007). Sin embargo, esta vía de transmisión sigue siendo importante y frecuente por la migración de la población rural de áreas endémicas hacia las grandes ciudades en zonas endémicas y no endémicas, modificando los patrones y las características epidemiológicas de la ECh (Guhl, 2009; Arnal et al., 2019; González - Guzmán et al., 2019).

La transfusión sanguínea se ha considerado también el segundo modo más importante de transmisión de la ECh en México (Hernández-Becerril et al., 2005). Para el año 1998, el análisis muestras de alrededor de 65,000 donadores de sangre de 18 centros de transfusión administrados por el gobierno mostró una prevalencia de anticuerpos anti-*T. cruzi* en donadores de sangre del 1.5%, siendo Hidalgo, Tlaxcala, Puebla, Chiapas y Yucatán las entidades con mayor prevalencia (Guzmán-Bracho et al., 1998). Durante el periodo 2006 a 2017, la prevalencia nacional estimada detectada en donantes de sangre fue menor con 0.55%. Esta disminución podría explicarse por la mayor fiabilidad de la detección serológica de los donantes de sangre, con la aprobación de la legislación que hace obligatoria las pruebas de tamizaje para *T. cruzi* en bancos de sangre en el año 2000. La prevalencia más alta la presenta el estado de Quintana Roo (1.99%), seguida por los estados de Tabasco (1.8%), Puebla (1.75%), Campeche (1.31%) y Nayarit (1.21%) (Arnal et al., 2019).

Transmisión congénita

La transmisión congénita de la ECh se considera cuando: 1) un neonato nace de una madre con serología positiva a *T. cruzi*, 2) cuando *T. cruzi* se identifica en el recién nacido, o 3) cuando se detecta el parásito o anticuerpos específicos contra éste, que no son de origen materno después del nacimiento y que se ha descartado la transmisión vectorial o por transfusión de sangre en el menor

(Carlier et al., 2011). El riesgo de transmisión congénita parece variar según diferentes factores epidemiológicos como la cepa *T. cruzi*, el nivel de parasitemia de la madre, la existencia de lesiones en la placenta y la región geográfica. A nivel poblacional la transmisión congénita depende directamente de la prevalencia de la infección en mujeres en edad fértil, que generalmente se infectan por transmisión vectorial. Por tanto, en las áreas endémicas sujetas a control de vectores se esperaría una disminución progresiva de la enfermedad congénita a mediano o largo plazo (WHO, 2002). La ECh congénita ha sido limitada a las zonas rurales; sin embargo, su notificación es cada vez más frecuente en ciudades donde no hay transmisión vectorial, debido a que numerosas mujeres del campo infectadas y en edad fértil han migrado del campo a ciudades tanto endémicas como no endémicas (WHO, 2007; Guhl, 2009).

La infección congénita con *T. cruzi* es un problema global que ocurre en promedio en el 5% de los niños nacidos de madres con infección crónica en áreas endémicas, con variaciones dependiendo de la región (Carlier et al., 2015). Se estima que al menos dos millones de mujeres en edad fértil están infectadas crónicamente con *T. cruzi* en América Latina, con una incidencia de infección congénita de al menos 15,000 casos / año (OMS-OPS, 2006). En los países endémicos se ha reportado una infección congénita variable, con índices de infección en infantes del 6% en Argentina, del 4.1% en Bolivia y 4.3% en Paraguay (Howard et al., 2014). La transmisión congénita también se ha registrado en países no endémicos como consecuencia de la migración de mujeres embarazadas infectadas desde América Latina (principalmente Bolivia) a los Estados Unidos de América, España, Suiza y Suecia (Carlier et al., 2015). Encontrándose en España una tasa de infección del 4.3% (Howard et al., 2014).

En México se realiza la vigilancia prenatal y el tamizaje de mujeres embarazadas en las localidades con casos seropositivos. La vigilancia epidemiológica ha mostrado un a seropositividad del 2% en el año 2017, observándose un incremento desde 2014 (Rojo - Medina et al., 2018). A pesar de la preocupación e importancia no hay mucha información a nivel nacional. De acuerdo con un estudio reciente en México, las mujeres embarazadas mostraron una seroprevalencia estimada de 2.21%, lo que sugiere que hay 50,675 nacimientos de mujeres embarazadas infectadas con *T. cruzi* por año y 3,193 casos de recién nacidos con infección congénita por año (Arnal et al, 2019).

Transmisión por trasplante

La transmisión por trasplante de órganos de donadores infectados se ha reportado sobre todo en casos de trasplante de riñón, aunque los trasplantes de corazón, médula ósea y páncreas de donantes son también posibles causas de transmisión de la ECh (WHO, 2002; Guhl, 2007; Guhl, 2009).

Transmisión oral

Desde hace una década un nuevo escenario epidemiológico de chagas se ha presentado en Brasil, Colombia, México y Venezuela, por la ingestión de alimentos contaminados con Triatomíneos infectados o con sus excretas (Guhl, 2009). Evidencias de los diversos modos de posible transmisión oral del parásito siguen aumentando en las áreas endémicas (Pereira et al., 2009; Toso, Vial y Galanti, 2011), reportándose por ejemplo la ingesta de Triatomíneos triturados, de frutas o partes aéreas de vegetales contaminadas con heces de Triatomíneos, de carne (cruda) o sangre de mamíferos infectados y de secreción anal u orina de marsupiales infectados. De igual forma asociado con la maternidad, se ha encontrado el parásito en leche humana de pacientes cursando la fase

aguda de la enfermedad de Chagas y hay casos descritos de infección de *T. cruzi* por vía oral a través de la leche, durante la lactancia materna (Ferreira et al., 2001).

Transmisión accidental

Se ha reportado la transmisión accidental de *T. cruzi* en varias situaciones, como en laboratorios y hospitales. Se han registrado más de 70 casos documentados en técnicos, médicos e investigadores, al manipular diferentes tipos de materiales contaminados, como excretas de Triatominos, cultivos de parásitos y sangre infectada de seres humanos y animales (Guhl, 2009).

Trypanosoma cruzi

Taxonomía y Morfología

T. cruzi es un protozooario parásito hemoflagelado de importancia médica. Es miembro de la familia Trypanosomatidae del orden Kinetoplastida, en donde además se agrupan otros parásitos patógenos de mamíferos como *Trypanosoma brucei* y *Leishmania* spp. (Lugo-Caballero et al., 2016). *T. cruzi* presenta distintas etapas de desarrollo durante su ciclo biológico denominadas: tripomastigote, amastigote y epimastigote (Figura 2). Estos diferentes estadios presentan características morfológicas distintas que permiten su identificación; como la presencia o ausencia de flagelo, la forma del cuerpo, el tamaño y forma del núcleo y cinetoplasto, así como la posición relativa del cinetoplasto con respecto al núcleo (De Souza, 2002).

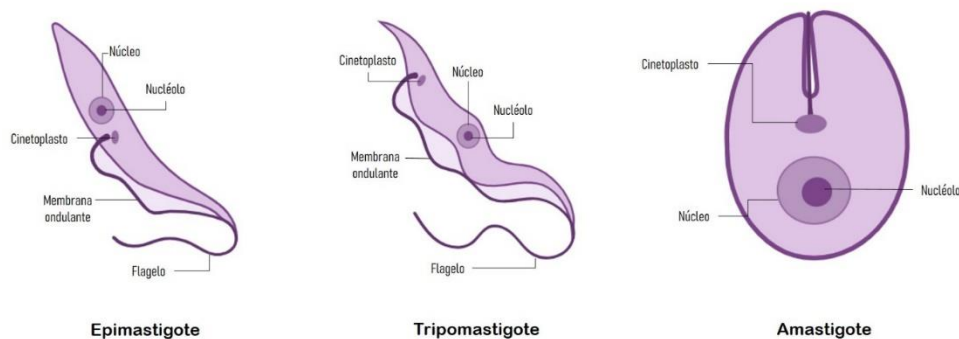


Figura 2. Fases del ciclo biológico de *T. cruzi*. Fuente: Elaboración propia.

A continuación, se hace una descripción general de algunas de estas características. En el caso del tripomastigote sanguíneo no es replicativo y se caracteriza por presentar un cuerpo alargado con una forma ligeramente curvada o en forma de "S" con un núcleo central y un cinetoplasto subterminal en el extremo posterior del parásito, de donde emerge un flagelo delgado que bordea el cuerpo del parásito y termina en forma libre en su extremo anterior. El tripomastigote metacíclico tiene una forma alargada y fusiforme (Navarro et al., 2003). Tienen un cinetoplasto localizado en la porción posterior al núcleo, dispuesto en el extremo posterior del parásito; así como, un núcleo grande y elongado en su parte central. A lo largo de su cuerpo se encuentra unido el flagelo, dando la impresión de tener una membrana ondulante que se inicia en el cinetoplasto y emerge en forma libre en su extremo anterior, lo que le confiere gran movilidad (Tyler and Engman, 2001). Por su parte el epimastigote es un estadio replicativo, se aloja en el intestino medio del insecto vector, presenta una forma alargada que mide alrededor 20-40 μm . Su cinetoplasto se localiza en la región anterior al núcleo hacia la parte media del parásito, de donde surge el flagelo que se encuentra

unido en la última porción del cuerpo del parásito emergiendo en forma libre en su extremo anterior lo que le proporciona una gran movilidad (Tyler and Engman, 2001). Además, utilizando parásitos fluorescentes, se ha mostrado que los epimastigote también son infectivos en células en cultivo (Florencio-Martínez et al., 2010). Finalmente, el amastigote es de forma esférica con un flagelo muy corto no visible ni libre, por lo que carece de movimiento. Esta fase es la forma replicativa intracelular, que forma nidos de amastigotes en las células infectadas. Posee un núcleo grande y esférico y un cinetoplasto en forma de bastón (Tyler y Engman, 2001).

Ciclo de vida

El ciclo de vida de *T. cruzi* es complejo y comprende dos hospederos y cuatro fases de vida. Uno de los hospederos es el insecto vector y el otro un mamífero como hospedero definitivo (Figura 3). En el vector se aloja el epimastigote y el tripomastigote metacíclico y en el mamífero el amastigote y el tripomastigote sanguíneo. El ciclo de vida puede iniciar cuando el insecto vector se alimenta de la sangre de un mamífero infectado con tripomastigotes sanguíneos (Palmezano et al., 2015) (Figura 3). Posteriormente estos tripomastigotes sanguíneos sufren una serie de diferenciaciones morfológicas mientras infectan el tubo digestivo del triatomino y ya en el intestino medio ocurre una diferenciación a epimastigote que se replica por medio de división binaria (Palmezano et al., 2015). Luego de 2 a 4 semanas, algunos de los parásitos migran al intestino posterior, donde se transforman en tripomastigotes metacíclicos (CFSPH, 2009). Esta forma infectiva para los vertebrados se excreta con las deyecciones del vector luego de una abundante ingestión de sangre, depositándose sobre la piel o mucosas oral, nasal o conjuntival (Figura 3). Esto causa una sensación de prurito, con lo cual se provoca el rascado permitiendo la entrada del parásito por autoinoculación, penetrando el parásito por erosiones de la piel o por mucosa (Carabin et al., 2011; Antonio et al., 2017). Esos tripomastigotes metacíclicos infectan varios tipos de células nucleadas a través de una vacuola parasitófora, de la cual salen para transformarse a amastigotes para replicarse en el citoplasma, formando nidos de mastigotes intracelulares. Posteriormente los parásitos se diferencian en tripomastigotes sanguíneos, los cuales son liberados cuando la célula se rompe dirigiéndose a la circulación sanguínea y linfática (Carabin et al., 2011, Nagajyothi et al., 2012). En este punto los tripomastigotes sanguíneos son capaces de invadir otras células del hospedero continuando la infección celular o pueden ser tomados del torrente sanguíneo por otro insecto vector, que posteriormente puede infectar a un nuevo hospedero, iniciando nuevamente el ciclo (Rassi, Rassi and Marin-Neto, 2010) (Figura 3).

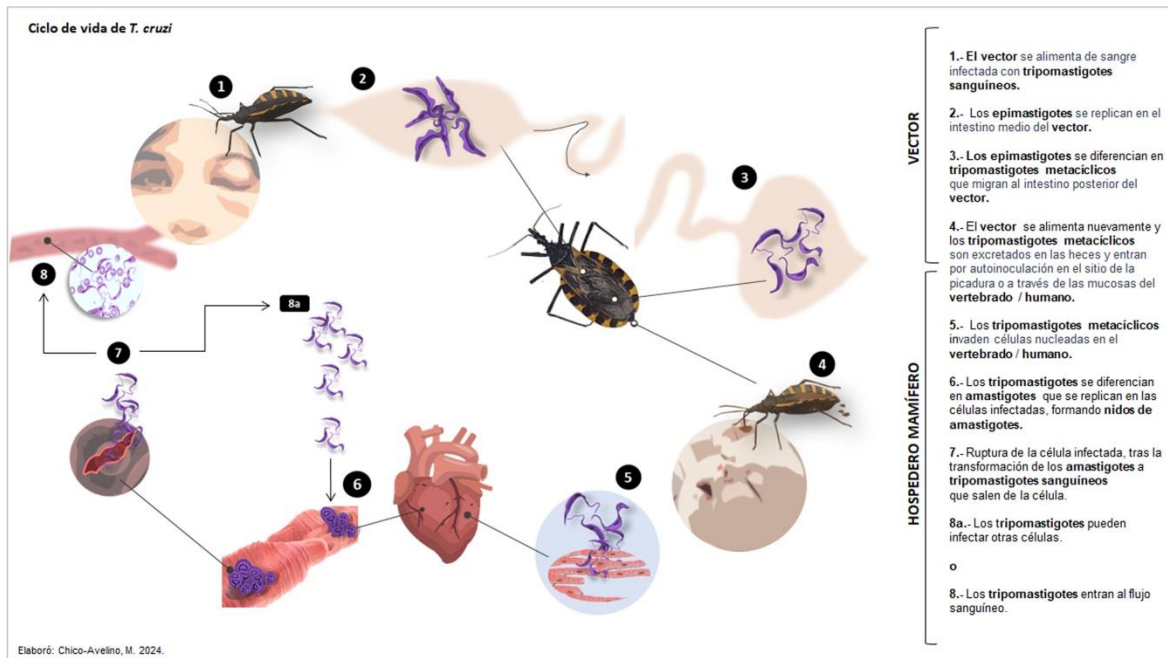


Figura 3. Ciclo de vida de *Trypanosoma cruzi*. Fuente: Elaboración propia.

Diversidad genética de *T. cruzi*

T. cruzi es a una especie heterogénea, que consiste en un conjunto de cepas que circulan entre vectores y hospederos mamíferos, incluyendo al humano (Rassi, Rassi and Marin-Neto, 2010). La heterogeneidad genética de este parásito ha sido ampliamente estudiada por métodos biológicos, bioquímicos y moleculares. Se ha propuesto que la diversidad de las cepas es un criterio para explicar las diversas manifestaciones clínicas de la enfermedad de Chagas y las diferencias geográficas en morbilidad y mortalidad (Manoel-Caetano and Silva, 2007; Zingales, 2018), mostrando su complejidad ecoepidemiológica que ha sido analizada ampliamente en diversos lugares. Una característica importante es la alta diversidad intraespecífica de las cepas del parásito tanto genética como fenotípica. Se ha demostrado que existe una diferencia de hasta del 40% en el contenido de DNA entre cepas, tanto en el núcleo como en el cinetoplasto, aunque en el núcleo es donde se ha visto la mayor contribución (Dvorak et al., 1982). Lo anterior ha sido confirmado con el análisis de una gran cantidad de clonas de aislados silvestres, corroborando que el tamaño del genoma puede variar hasta en un 48% entre las cepas (Lewis et al., 2009), lo que equivale hasta en 73 Mb, lo que es un hallazgo sorprendente para poblaciones de la misma especie (Zingales, 2018).

Estructura de la población de *T. cruzi*

La estructura de la población de *T. cruzi* se ha explorado en diferentes niveles y con las herramientas de investigación disponibles a lo largo del tiempo (Zingales, 2018). Por ello la clasificación de *T. cruzi* se ha ido modificando a través del tiempo, con base al aporte de nuevos estudios genéticos y al desarrollo de nuevos abordajes moleculares. La caracterización de la población de *T. cruzi*, ha contribuido en la definición de subgrupos que permiten comprender la complejidad de las poblaciones del parásito. Estos subgrupos han recibido diferentes denominaciones como: zimodemas, esquizodemas, biodemas, clonas, linajes, clados y más recientemente las Unidades Discretas de Tipificación (DTUs por sus siglas en inglés) y haplotipos (Zingales et al., 2009). A este

respecto, en el año 1999 se planteó por primera vez un consenso internacional sobre la nomenclatura de *T. cruzi* (Anonymous, 1999).

En sus inicios, la caracterización biológica y bioquímica, acompañada de técnicas moleculares como electroforesis de enzimas multi *loci*, amplificación aleatoria de DNA polimórfico, del mini-exón y secuencias de DNA ribosomal 24S, permitieron una clasificación en dos grupos principales denominados *T. cruzi* I (TcI) y *T. cruzi* II (TcII). Posterior a eso, después de un avance en el conocimiento de la diversidad de *T. cruzi*, las cepas del parásito se clasificaron en dos subgrupos denominados DTU I y DTU II (Zingales et al., 2009). Posteriormente en el año 2000, se propuso la división del linaje DTU II, en cinco grupos filogenéticos denominados IIa, IIb, IIc, IId, IIe, dando origen a una propuesta de seis linajes filogenéticos discretos mediante técnicas de electroforesis de enzimas multilocus (MLEE) y caracterización de DNA polimórfico amplificado al azar (RAPD) (Brisse, Barnabé and Tibayrenc, 2000; Brisse, Verhoef and Tibayrenc, 2001; Zingales et al., 2009; Zingales, 2018). En este sentido los DTUs se definen como cepas que están genéticamente más relacionadas que otras de su población y son identificables por marcadores genéticos, moleculares e inmunológicos (Tibayrenc, 1998). Con la continuidad en el estudio de la diversidad genética basándose en el análisis de microsatélites y DNA mitocondrial, se realizó la formulación de algunas hipótesis sobre hibridación de los grupos ancestrales. Inicialmente, se propusieron dos modelos para el origen de los DTU TcIII a TcVI: que es el modelo de dos hibridaciones (Westenberger et al., 2005) y el modelo de tres antepasados (de Freitas et al., 2006). El primero propone una hibridación antigua entre los linajes parentales TcI y TcII, que dio origen a los DTU TcIII y TcIV actuales, y un retrocruzamiento más reciente de TcIII con TcII parental, que produjo los DTU heterocigotos TcV y TcVI. Mientras que el modelo de tres antepasados se basa en tres genotipos ancestrales TcI, TcII y TcIII. Los DTU híbridos TcV y TcVI se originaron del intercambio genético entre TcII y TcIII. El origen de TcIV no se abordó en este modelo (Zingales et al., 2012; Zingales, 2018).

En ese momento, debido a diversas evidencias que mostraban diferencias importantes, se vislumbró la necesidad de revisar y replantear la nomenclatura de las cepas de *T. cruzi*, identificando la necesidad de una estandarización de la nomenclatura que pudiera facilitar la comunicación entre los investigadores y especialistas con el objetivo de conocer sus características eco-epidemiológicas, patogenicidad y aspectos básicos (Zingales et al., 2009). Por lo que, como se mencionó anteriormente en una segunda reunión en el año 2009 se propuso por un comité de expertos el consenso para la nomenclatura intraespecífica de *T. cruzi* en que se reconocieron seis DTU, denominadas TcI, TcII, TcIII, TcIV, TcV y TcVI (Zingales et al., 2009). Para esta recomendación, el comité consideró estudios previos que dividieron a *T. cruzi* en distintos grupos, según el patrón de marcadores genéticos, bioquímicos y / o biológicos. La diferencia conceptual entre esta propuesta y la propuesta en el año 2000 (Brisse, Barnabé and Tibayrenc, 2000) es que TcII ya no se divide en cinco subgrupos (IIa - IIe), constituyendo ahora DTUs independientes (TcII-VI) (Zingales, 2018). Actualmente, basándose en múltiples marcadores moleculares se identificó una séptima DTU encontrada inicialmente en murciélagos denominada Tcbat y posteriormente encontrada también en humanos (Marcili et al., 2009; Zingales et al., 2012; Lima et al., 2015). Por lo tanto, actualmente *T. cruzi* se divide en siete Unidades Discretas de Tipificación (DTU), TcI – TcVI y Tcbat (Zingales, 2018). Si bien esta clasificación actual es aceptada por la comunidad científica y ha permitido homogeneizar el estudio de la estructura de la población de *T. cruzi*, probablemente proporcione un reflejo aún limitado de la diversidad total de parásito, siendo posible que surgan nuevos linajes, conforme se vaya incrementando su estudio (Zingales, 2018).

Epidemiología geográfica de los DTU

El completo entendimiento de la epidemiología de la enfermedad de Chagas a través de su distribución geográfica es complejo y permanece bajo intensa investigación hasta la actualidad (Guhl, 2013). Con relación a esto se ha propuesto que la variabilidad genética de las cepas de *T. cruzi* se relaciona con el comportamiento molecular y biológico de cada DTU. Estos DTUs presentan diferencias en sus niveles de infectividad, manifestaciones clínicas, epidemiología y su distribución geográfica (Manning-Cela et al., 2019). Por lo que cada vez es más necesario incluir las características geográficas y biológicas de *T. cruzi* para comprender la eco-epidemiología de la ECh (Zingales et al., 2018). En este sentido se ha observado una distribución geográfica muy particular de los DTUs, identificando patrones de distribución diferenciales entre ellos (Zingales, 2018). Por ejemplo, TcI tiene una distribución muy amplia a lo largo y ancho del continente americano, siendo el DTU con la mayor distribución y encontrado de manera frecuente en el ciclo selvático, donde mamíferos y triatominos tienen infección natural. La infección humana con TcI es común en el norte de América del Sur, América Central y México (Zingales, 2018), y se han reportado triatominos en Texas (Curtis – Robles et al., 2018). TcII es tan antiguo como TcI, pero tiene una distribución geográfica más limitada. Predomina en las regiones del sur y centro de América del Sur y los informes en América del Norte son extremadamente raros. TcII ha sido aislado principalmente de los ciclos de transmisión domésticos. En humanos es muy abundante en pacientes del centro y este de Brasil (Carranza et al., 2009; Zingales et al., 1998) y es raro en la mayoría de los otros países de América del Sur (Zingales, 2018). TcIII se asocia principalmente con el ciclo selvático, desde el noreste de Venezuela hasta Argentina. Se han reportado pocas infecciones en humanos en Colombia (Hernández et al., 2016) y casos agudos en el Brasil amazónico (Monteiro et al., 2010). En el caso de TcIV también se asocia predominantemente con el ciclo selvático, que se encuentra en América del Norte y del Sur (Zingales, 2018). Los estudios con varios marcadores genéticos indican que las cepas de TcIV de América del Norte y del Sur son genéticamente distintas y se agrupan por separado en análisis filogenéticos (Marcili et al., 2009; Lewis et al., 2011; Tomasini and Diosque, 2015). Así mismo se ha reportado infección de triatominos con TcIV en el estado de Texas (Curtis – Robles et al., 2018). Por su parte TcV y TcVI están claramente asociados con la ECh en los países del sur de América del Sur, considerándose restringidos a los países del sur como Chile y Argentina (Zingales et al., 2012). Sin embargo, algunos casos de infección humana con TcV y / o TcVI se han notificado más al norte, en Ecuador (Garzón et al., 2002) y Colombia (Guhl and Ramírez, 2013; Messenger et al., 2016). De igual manera se han observado diferencias en la distribución de los genotipos de *T. cruzi* en los reservorios domésticos; por ejemplo, los perros en la región norte de América se han encontrado infectados predominantemente con TcI y en el sur del continente, con TcIV, TcV y TcVI (Monje-Rumi et al., 2015).

En este sentido de manera histórica y conforme se han ido ampliando los estudios sobre las diferentes cepas de *T. cruzi* se han realizado diversas aproximaciones sobre la distribución de los DTUs de este parásito. Zingales et al (2012), efectuaron un mapa sobre la distribución aproximada de las seis DTUs propuestas en la clasificación actual, en el cual se representa la distribución espacial de los genotipos y su ámbito doméstico y domiciliario (Figura 4). En esta cartografía se muestran las áreas de distribución de los DTUs evidenciando una distribución claramente diferenciada para cada uno de los genotipos.

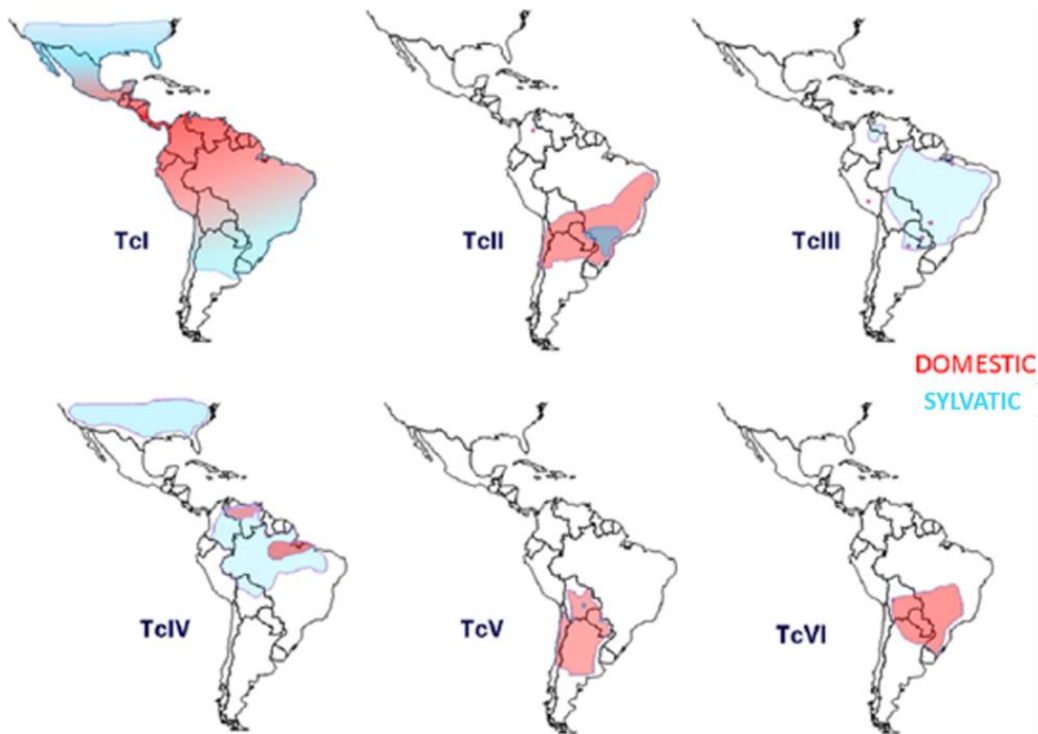


Figura 4. Distribución geográfica aproximada de las DTU de *T. cruzi* en ciclos de transmisión domésticos y selváticos. Fuente: Tomado de Zingales et al., 2012.

También, Patterson y Guhl (2010) publicaron la distribución de los seis DTU considerando la clasificación actual (TcI – TcVI) de Zingales et al (2009), así como los subgrupos dentro de TcI que se han identificado (Herrera et al., 2007; Herrera et al., 2009). Así mismo propusieron una regionalización del área endémica en dos grandes regiones. Esta propuesta se basa en la predominancia de TcI en humanos al norte del Amazonas y TcII y TcVI en la región del Cono Sur (Patterson and Guhl, 2010). Sin embargo, otros trabajos más recientes como el de Padilla et al (2017) reporta nuevos registros de otros DTUs para Perú como son TcII, TcIII y TcIV o algunos otros desarrollados en E.U.A. como el de Curtis-Robles et al., 2018 que reportan la presencia de TcI, TcIV en Texas y algunos casos de infecciones mixtas con TcI y TcIV en triatomíneos. Esto muestra que el estudio de la distribución de los genotipos sigue en aumento, debido a su importancia en el entendimiento de los ciclos de transmisión y la eco-epidemiología de esta importante enfermedad desatendida (Figura 5). En este sentido, el conocimiento de la prevalencia y distribución de *T. cruzi* en el mundo y de manera particular en los países endémicos de la ECh, en entornos domiciliarios y peridomiciliarios, permitirá una mayor comprensión del riesgo de la enfermedad y sus posibles consecuencias (Curtis – Robles et al., 2018).

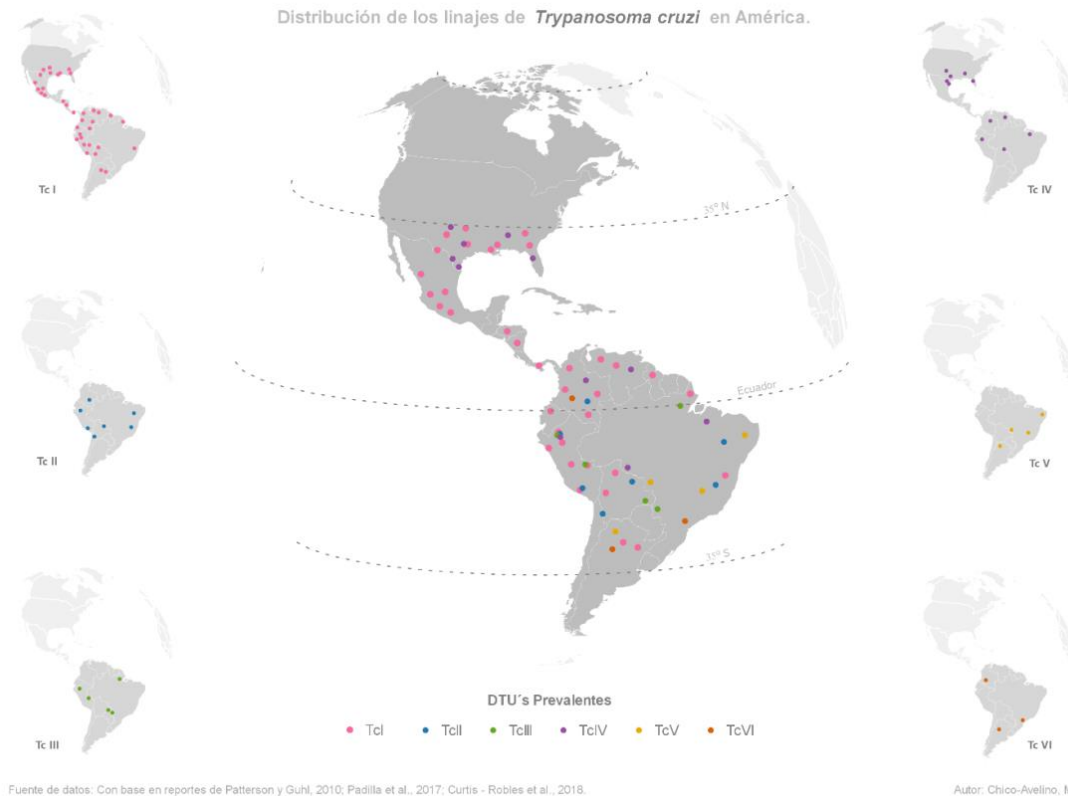


Figura 5. Distribución de los DTUs de *T. cruzi* documentadas por Patterson and Guhl, 2010, Padilla et al., 2017 y Curtis-Robles et al., 2018. **Fuente:** Elaboración propia.

Distribución geográfica de los DTUs y patología de la ECh

Recientemente Zingales (2018) realizó un mapeo derivado de la investigación de Brenière, Waleckx y Barnabé (2016), en donde se recopilaron datos de 137 artículos publicados hasta abril de 2016, en los que alrededor de 6,400 DTUs se clasificaron según su origen geográfico y sus hospederos. Este inventario ofreció una visión más completa de la distribución de las DTU en humanos, vectores y mamíferos reservorios de áreas endémicas de la ECh. Esto, tomando en cuenta dos consideraciones importantes como: los diferentes métodos utilizados para la caracterización de los DTUs que podrían sesgar la genotipificación y arrojar datos equívocos, y que varios artículos son de los mismos autores y sitios, por lo que la prevalencia de ciertas DTUs podría estar sobreestimada en el análisis (Zingales, 2018). En este trabajo se extrajo el número total de genotipos de *T. cruzi* de aislados humanos por país de América del Norte, Central y del Sur y se organizó de acuerdo con su distribución geográfica desde el sur de Estados Unidos hasta Argentina (Figura 6).

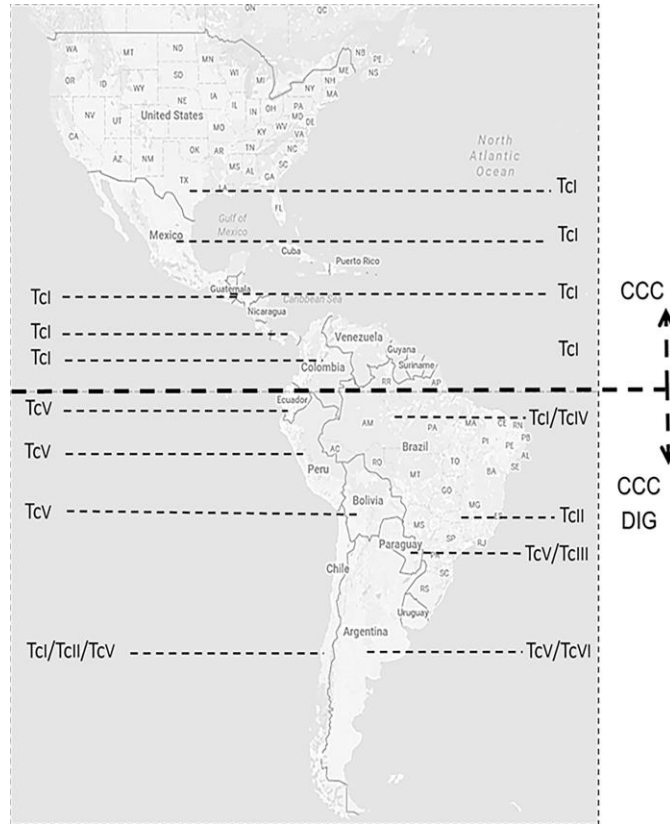


Figura 6. Prevalencia de los DTUs de *T. cruzi* en humanos y las manifestaciones de la enfermedad de Chagas en países de América del Norte, Central y del Sur. La línea discontinua separa las regiones geográficas de acuerdo con la patología prevalente de la enfermedad de Chagas: la miocardiopatía crónica Chagas (CCC) y la forma digestiva (DIG) (Zingales, 2018). **Fuente:** Tomado de Zingales, 2018.

En este mapa la distribución de los DTUs se relacionó con las manifestaciones clínicas de la ECh, mostrando que TcI se encuentra presente a lo largo de América Latina, pero presentando un patrón de prevalencia mayor hacia América del Norte. En contraste en la región sur se observó una mayor diversidad de DTUs (TcI a TcVI) y la presencia de infecciones mixtas (más de un DTU en un mismo vector o reservorio). Proponiéndose por tanto una regionalización de acuerdo con la patología prevalente reportada y estableciendo que hacía el norte de la amazonia se encuentran mayoritariamente casos de miocardiopatía chagásica crónica y hacía el sur además de esta misma patología, también se observan casos de la forma digestiva de la enfermedad (Zingales, 2018) (Figura 6), sugiriendo además que a mayor diversidad de *T. cruzi*, se tiene una mayor diversidad de patologías.

También se ha reportado que la distribución diferencial de las cepas de *T. cruzi*, impacta en la eficiencia del diagnóstico serológico. Cuando se evaluaron sueros de mujeres infectadas con *T. cruzi* identificados por PCR provenientes de tres países endémicos (Argentina, Honduras y México), se encontró una reactividad mayor en las muestras de Argentina, seguido de las de Honduras, y una notoria disminución en la reactividad de las muestras provenientes de México. Sugiriendo que las diferencias geográficas en las cepas del parásito y las diferencias genéticas entre las poblaciones humanas pueden contribuir en las discrepancias en las pruebas diagnósticas (Truyens et al., 2021).

A pesar de la importancia del componente geográfico, la distribución hasta ahora conocida aún tiene muchos vacíos y probablemente refleje sólo una parte de la diversidad de los DTUs circulantes entre

vectores y reservorios. Por lo tanto, aún son necesarios trabajos a escalas locales para ampliar el conocimiento sobre los genotipos del parásito en los ciclos de transmisión, que es una pieza fundamental en el estudio del riesgo de la transmisión de la ECh.

Ecoepidemiología de los DTU - Ciclos de transmisión de la ECh

T. cruzi circula de forma natural en diferentes ambientes y generalmente se distinguen dos ciclos: 1) Ciclo selvático, donde *T. cruzi* evoluciona entre mamíferos silvestres y vectores que viven fuera de las áreas domésticas (Brenière, Waleckx y Barnabé, 2016; Zingales, 2018), y 2) Ciclo doméstico, donde *T. cruzi* evoluciona con vectores adaptados al domicilio, mamíferos domésticos y sinantrópicos y el humano, ya sea en el ámbito intradoméstico o peridoméstico (Oliveira -Lima et al., 2000).

Se ha reportado que los aislados de *T. cruzi* obtenidos de reservorios mamíferos, humanos y triatomíneos de varias regiones de Bolivia, Brasil y Colombia, muestran una fuerte asociación de cepas TcII con el ciclo doméstico, mientras que las cepas TcI se asocian más con el ciclo selvático. También, se ha reportado una relación de los diferentes DTUs con los niveles de parasitemia en sangre, reportándose niveles mayores en infecciones con cepas TcII en comparación con las cepas TcI circulantes en los países endémicos desde las amazonas hacia el norte (Fernandes et al, 1998), lo que sugiere que las variaciones en DTUs determinan el nivel de infectividad y por lo tanto el riesgo de infección en la población humana. Por otro lado, recopilaciones recientes han reportado que todos los DTUs, incluyendo TcBat, participan en ambos ciclos (domésticos y selváticos), aunque TcI se encuentra en ambos ciclos, mientras que TcII, TcV y TcVI está más asociado al ciclo doméstico, y TcIII y TcIV al ciclo selvático (Brenière, Waleckx y Barnabé, 2016).

Ecoepidemiología de los DTU

Como ya se ha mencionado la infección por *T. cruzi* es una zoonosis compleja, transmitida por más de 100 especies de insectos triatomíneos (Hemiptera: Reduviidae: Triatominae) y sostenida por más de 70 géneros de hospederos mamíferos (Zingales, 2018). Tales reservorios juegan un papel importante en el mantenimiento y la interacción entre los ciclos domésticos y silvestres de la enfermedad de Chagas (WHO, 2002). La proporción de reservorios infectados con *T. cruzi* varía con la situación epidemiológica local y depende de la densidad de vectores, así como de la proporción de infección con el parásito. La circulación del parásito en el ciclo doméstico es dinámica, y los reservorios se infectan por el contacto con vectores infectados (WHO, 2002). Los humanos son el reservorio más importante de *T. cruzi* en el ciclo doméstico. Se ha reportado que entre un 50% al 91% de la ingesta sanguínea del insecto está dada con sangre humana, seguida de la de perros desde un 5% hasta el 80.8%, y en menor proporción de gatos (0.1% - 8.8%), aves (5.9% – 15.2%) y pequeños roedores (1.51%) (WHO, 2002; Brenière, Waleckx y Barnabé, 2016).

El número de taxones que son reservorios del parásito es variable y se conoce que al menos más de 70 especies o subespecies de organismos como pequeños mamíferos silvestres, mamíferos terrestres o mamíferos arbóreos pertenecientes a siete órdenes y 25 familias, están infectados naturalmente con *T. cruzi*, en la mayor parte del continente americano. Algunas de estas especies son de mayor importancia, ya sea por su amplia distribución o por sus tasas de infección, como: Marsupialia (*Didelphis* spp.), Edentata (*Dasybus novencinctus*), Chiroptera (*Carollia perspicilata*, *Desmodus rotundus*, *Glossophaga soricina*, *Phyllostomus hastatus*), Carnivora (*Dusicyon griseus*, *Eira barbara*, *Nasua* spp.), Rodentia (*Akodon* spp., *Coendu* spp., *Dasyprocta* spp., *Sciurus* spp.), y

Primates (*Alouatta* spp., *Ateles* spp., *Cebus* spp., *Saimiri* spp.) (WHO, 2002). En México, con base en la revisión de Velasco-Castejón y Rivas-Sánchez del 2008, se tienen reportes de infección con *T. cruzi* en mamíferos como *Dasyopus novemcintus* (Nuevo León), *Ratus norvegicus* (CDMX), *Canis familiaris* (Zacatecas y Oaxaca), *Sciurus vulgaris* (Jalisco), *Mus musculus* (Jalisco), *Bos Taurus* (Morelos), *Didelphis marsupialis* (Nuevo León y Michoacán). Además, recientemente en el estado de Nuevo León se han reportado la infección de mamíferos pequeños con *T. cruzi*, encontrando a *Mephitis mephitis*, *Canis familiaris*, *Didelphis marsupialis* y *Neotoma micropus* como reservorios de este parásito (Galaviz-Silva et al., 2017).

En cuanto a la asociación de los vectores y los genotipos del parásito, se ha observado que TcI es el DTU mayormente identificado en vectores infectados (78.1%), asociándose predominantemente con el género *Triatoma*, *Panstrongylus*, *Rhodnius* y *Meccus*. Sin embargo, estos géneros también se han encontrado infectados con los otros DTUs, como en el caso de *Panstrongylus* con TcII, TcIII y TcIV, el género *Rhodnius* con TcII, TcIV y TcVI y *Meccus* con TcII, TcIII y TcIV (Brenière, Waleckx y Barnabé, 2016). En el caso particular del género *Triatoma*, es el vector con mayor tasa de infección que se ha reportado y que se encuentra asociado con los seis DTUs y con Tcbat. A su vez dentro de este género, *T. infestans* y *T. dimidiata* guardan una relación con todos los 6 DTUs, mientras que *T. barberi*, *T. maculata*, *T. gerstaeckeri* y *T. nitida* han mostrado una asociación únicamente con TcI. Un caso muy particular de este grupo es *T. sordida* que ha sido reportada infectada con TcI, TcII, TcV, TcVI y es la única especie con una asociación también con Tcbat (Brenière, Waleckx y Barnabé, 2016). Recientemente en un estudio en Texas, se tipificaron 777 muestras de seis especies de triatomíneos por medio de qPCR. Los DTUs que se lograron identificar fueron TcI y TcIV y algunas muestras resultaron con infecciones mixtas de TcI y TcIV. Encontrando que *T. gerstaeckeri* presentó una infección mayor con TcI con el 65.5% de las muestras, mientras que *T. sanguisuga* mostró mayor infección con TcIV con un 46.3% de las muestras. Y las infecciones mixtas con TcI y TcIV se dieron en mayor proporción en *T. lecticularia* (Curtis-Robles et al., 2018).

Vector

Taxonomía y distribución

Los triatomíneos pertenecen al orden Hemiptera, el cual se caracteriza por poseer aparato bucal tipo succionador (picador-chupador). La mayoría son organismos que se alimentan de plantas (fitófagos), algunos otros de insectos (depredadores) y unos pocos de sangre de vertebrados (hematófagos). Dentro de este orden se agrupa el suborden Heteroptera, que incluye a la familia Reduviidae y la subfamilia Triatominae, que es la única hematófaga dentro de este grupo (Castillo y Wolff, 2000). En los diferentes países endémicos los triatomíneos tienen nombres comunes como: chinche besucona o chinche picuda (México), vinchuca (desde Ecuador hasta la Patagonia), chipo (Venezuela), pito (Colombia) y barbeiro (Brasil) (Antonio et al., 2017). La mayoría de las especies se encuentran entre los paralelos 45 S y 40 N, en un gradiente altitudinal desde el nivel del mar hasta los 1,500 metros sobre el nivel del mar (m.s.n.m.). Son prevalentes en zonas situadas entre los trópicos (WHO, 2002). Se conocen más de 130 especies de vectores potenciales de la ECH, pertenecientes a cinco tribus y 16 géneros; sin embargo, sólo algunas especies de tres géneros (*Triatoma*, *Rhodnius* y *Panstrongylus*) son considerados vectores importantes de *T. cruzi*. Estos tres géneros están ampliamente distribuidos en las Américas, desde México hasta Argentina y Chile. Las especies silvestres de la subfamilia Triatominae, tienen una distribución aún más amplia, desde el sur de los E.U.A hasta la Patagonia (Carcavallo et al., 1999; Curtis-Robles et al., 2018). En México se han reportado 31 especies de triatomíneos distribuidos en todo el país. Entre 19 y 21 de las 31

especies de triatominos mexicanos han invadido sistemáticamente casas humanas y presentan infección natural con *T. cruzi*, por lo que se consideran transmisores potenciales de la infección (Ramsey et al., 2015; Antonio et al., 2017).

Morfología externa

Los triatominos presentan 3 tagmas que son la cabeza, el tórax y abdomen (Figura 7). En el tórax se localizan los 3 pares de apéndices raptoriales. La cabeza es alargada y posee un aparato bucal picador-chupador que se caracteriza por poseer una especie de pico recto tan largo como la cabeza (Crocco, Catalá y Martínez, 2002). Dentro de la Clase Insecta, los triatominos pertenecen al Orden Hemiptera (Hemi= mitad; pteron= ala). Presentan dos pares de alas desarrolladas. Las alas anteriores denominadas hemiélitros tienen una porción esclerotizada (endurecida) llamada corium (en la parte basal del ala) y una porción membranosa (en la parte distal del ala). El segundo par de alas son completamente membranosas posicionadas por debajo de las anteriores. En reposo ambos pares de alas se superponen horizontalmente sobre el abdomen (Triplehorn y Johnson, 2005). El tamaño y coloración varía entre especies y estadios. En los bordes externos del abdomen se observa una expansión llamada conexivo que puede presentar coloraciones diversas y es carácter con valor taxonómico para la identificación de las especies. Además, el conexivo es una característica diacrítica de este grupo, que le permite llenarse de sangre, aumentando su volumen varias veces, en relación con su tamaño (Ministerio de Salud de Argentina, 2013). Es decir, puede ampliar el espacio abdominal para almacenar mucha sangre y soportar la falta de alimento durante periodos prolongados. En cuanto a la forma del cuerpo, los triatominos son insectos aplanados dorsoventralmente, lo cual les permite refugiarse en lugares estrechos como grietas, cortezas, debajo de piedras, etc. (CONICET, 2015) (Figura 7).

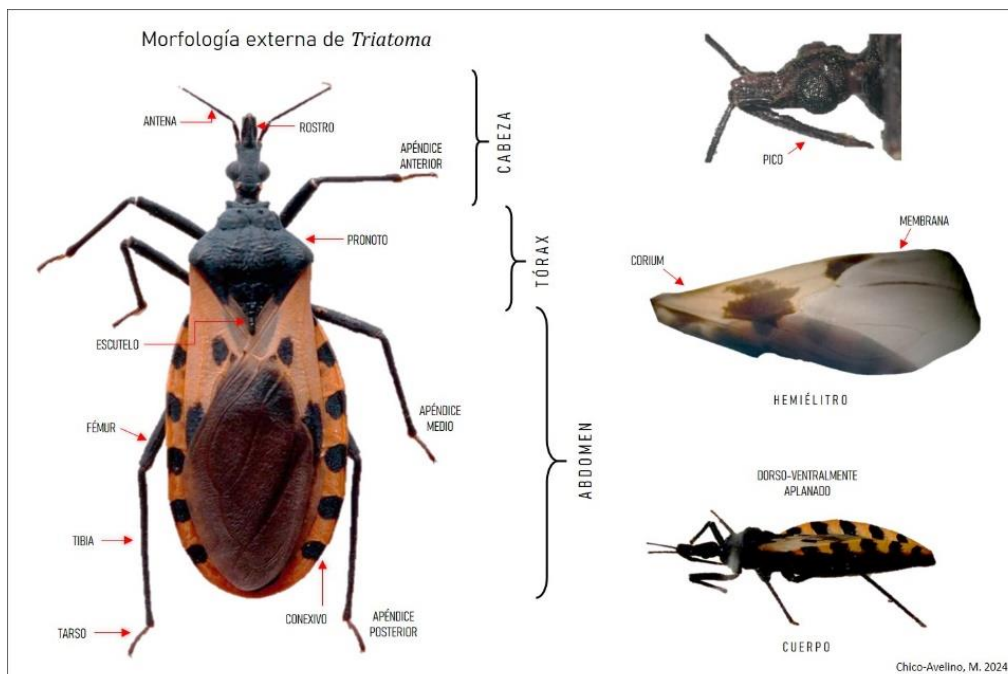


Figura 7. Morfología externa del género *Triatoma* (Hemiptera: Reduviidae). Se señalan con flechas rojas, las principales características de valor taxonómico. Fuente: Elaboración propia.

Ciclo de vida

Los triatominos son insectos paurometábolos, que tienen como característica una metamorfosis incompleta en donde no hay la presencia de un estadio de larva ni de pupa. Desde la eclosión hasta la forma adulta, los triatominos pasan por cinco estadios inmaduros denominados ninfas, todos ellos hematófagos estrictos al igual que los adultos (Castillo y Wolff, 2000; Crocco, Catalá y Martínez, 2002; CONICET, 2015). Los triatominos son ovíparos y se ha documentado que las hembras ponen entre 100 y 600 huevos (Castillo y Wolff, 2000). La postura de huevos comienza con los primeros calores del ciclo anual y se prolonga durante todo el verano y parte del otoño, esto es variable según la región. Los huevos son ovalados y su color cambia del blanquecino al amarillo o rosado, a medida que el embrión se va desarrollando. Los huevos son depositados en la tierra, entre las grietas de las paredes o en otros lugares más o menos ocultos. El periodo de incubación depende de la temperatura ambiente, pero las ninfas pueden eclosionar entre los diez y cincuenta días (Crocco, Catalá y Martínez, 2002; CONICET, 2015). Al ir pasando de estadio en estadio, las ninfas deben desprenderse del exoesqueleto o exuvia mediante un proceso denominado muda, incrementando así su tamaño. En la última muda (después del quinto estadio) aparecen las alas, el insecto adopta el aspecto definitivo y adquiere la madurez sexual, dando origen al organismo adulto. Este proceso dura alrededor de ocho meses (Figura 8). Por lo que Triatomo, desde que nace hasta que muere, puede llegar a alcanzar alrededor de quince meses de vida, un tiempo que puede variar en cada especie y que además depende de las condiciones ambientales, incluyendo la fuente de alimentación (CONICET, 2015).



Figura 8. Ciclo de vida de *Triatoma*. Fuente: Elaboración propia.

Hábitat

La mayoría de las especies de triatominos tienen hábitats exclusivamente silvestres, en donde se pueden encontrar bajo la corteza de árboles muertos, en huecos de árboles, asociados a nidos de zarigüeyas, murciélagos, roedores, montones de piedras, hojas de diversas plantas como palmeras y bromeliáceas, nidos de aves y madrigueras de animales como los armadillos. Sin embargo, los cambios medioambientales desfavorables llevan a los triatominos a desplazarse a hábitats antrópicos, que al ser muy estables les ofrecen una gran variedad de escondites y abundante alimento durante todo el año. Gracias a esa estabilidad microambiental, las poblaciones domiciliarias de triatominos pueden alcanzar densidades mucho mayores que las observadas en los hábitats silvestres (WHO, 2002). Cuando la estructura y composición de los hábitats naturales se ven alterados, las fuentes de alimentación disminuyen trayendo consigo el desplazamiento de los

vectores. Este desplazamiento da origen a la colonización de espacios peridomiciliares de las viviendas, los cuales no sólo ofrecen numerosos refugios para su resguardo, sino que también les proporcionan fuentes de alimentación muy variada proveniente de animales domésticos (perros, gatos, etc) y de corral (gallinas, otras aves, borregos, entre otros). Por ejemplo, los lugares en donde se acumulan objetos poco removidos o de almacenamiento, como sitios en donde se guardan herramientas, cajas, baúles, cajones, pilas de ladrillos, leña almacenada, almacenamiento de granos u hornos de barro, que se encuentran cercanos a los lugares en donde duermen animales (cercos de corrales, gallineros, perreras / kennels, roedores entre otros.), suelen ser de su preferencia (Crocco, Catalá y Martínez, 2002; CONICET, 2015; Curtis-Robles et al., 2018). Cuando los triatominos colonizan las viviendas se les concede una importancia epidemiológica primordial. En el intradomicilio, los insectos suelen esconderse en grietas y bajo el revestimiento suelto de las paredes, en cajas, detrás de cuadros, adornos de pared, colchones, entre otros. (WHO, 2002). Por ello, se ha propuesto que los triatominos tienen preferencia por viviendas de construcción precaria, donde pueden alcanzar grandes densidades, aunque es posible que también se encuentra en viviendas de buena calidad, sin que en ella existen malas condiciones de higiene. Esto último se debe a algunos materiales de construcción en zonas residencial, en donde se utiliza la palma para la construcción de palapas. También, sin observar su presencia, las personas pueden trasladar huevos e insectos en ropa, materiales de construcción, herramientas, etc., o durante las mudanzas, favoreciendo la dispersión de estos vectores (CONICET, 2015).

Comportamiento alimenticio

Durante su vida, tanto las ninfas como los adultos se alimentan selectivamente de sangre de mamíferos, incluyendo al hombre. A pesar de ello, no todos los triatominos son portadores de *T. cruzi*, ya que no siempre se alimentaron de la sangre de mamíferos infectados. En el caso de las aves no se ha observado el desarrollo del parásito ni de la enfermedad, siendo éstas refractarias a la infección (Crocco, Catalá y Martínez, 2002). Durante su alimentación, los triatominos tienen algunos comportamientos particulares, debido a que su actividad es controlada por los fotoperiodos y la temperatura, además que su comportamiento es diferente en cada especie. Algunas especies, durante el día permanecen inmóviles en sus escondites y se activan durante la noche para alimentarse, siendo atraídas por la liberación de dióxido de carbono, el calor o los olores emanados por el cuerpo de los hospederos, aunque en condiciones de hambre también pueden alimentarse durante el día (CONICET, 2015). Cuando se alimenta, el insecto llega a su hospedero que generalmente está inmóvil por el sueño, desplegando su aparato bucal e introduciéndolo en la piel del hospedero y ya que la picadura es generalmente indolora, el insecto dispone de tiempo suficiente para alimentarse (Crocco, Catalá y Martínez, 2002; CONICET, 2015). De manera típica, los triatominos tardan entre 10 y 20 minutos en alimentarse totalmente, ingiriendo un volumen variable dependiendo de su estadio, que en el caso de las ninfas puede ser de 8 a 9 veces su peso corporal y en los adultos de 2 a 4 veces (Schofield, 1994). El hecho de que los triatominos sean hematófagos obligados demuestra una estricta relación entre estos insectos y sus fuentes de alimento, que se sabe determina su biología y comportamiento (WHO, 2002). Por ejemplo, la regulación natural del tamaño de su población depende de la densidad de sus hospederos vertebrados disponibles para alimentarse. A medida que aumenta el tamaño de la población y que una mayor cantidad de insectos trata de alimentarse de un número fijo de hospederos, éstos se irritan cada vez más y hay mayor probabilidad de que los vectores interrumpan su alimentación antes de llenarse completamente, lo que puede comprometer a la población (Schofield, 1994; WHO, 2002). Una alimentación limitada, reduce la velocidad del desarrollo de la ninfa a los estadios sucesivos, disminuye los huevos depositados por las hembras y aumenta el número de insectos

adultos que inician un vuelo dispersivo en busca de alimento, lo cual permite la invasión de sitios alternativos, como las viviendas humanas (Castillo y Wolff, 2000). También, la oportuna disponibilidad de sangre repercute en que la deyección sea durante o posterior a la alimentación, lo que tienen un impacto en la dinámica de transmisión de *T. cruzi*. Los vectores más eficaces son los que defecan mientras están aún en contacto con el hospedero (Antonio et al., 2017) y se ha reportado que el momento de la deyección depende tanto de la especie como de la densidad de insectos y de la cantidad de sangre ingerida (Castillo y Wolff, 2000).

Microbioma de triatominos, fuentes de alimentación y sus asociaciones con T. cruzi

El estudio del microbioma intestinal de triatominos ha ganado relevancia en los últimos años y se ha abordado desde diferentes enfoques que incluyen aspectos fisiológicos, moleculares y geográficos; sin embargo, son pocos los trabajos que incluyen este componente en el estudio de la ECh. Con relación a esto se ha visto que las fuentes de alimentación tienen un impacto en la composición del microbioma intestinal de los vectores y que este microbioma a su vez está relacionado con la infectividad de *T. cruzi*. Por ello su estudio ha ganado relevancia, debido a su posible papel en la competencia del vector en la trasmisión del parásito y su uso prospectivo en estrategias de control (Díaz et al., 2016; Dumonteil et al., 2018; Polonio et al., 2021). Sobre este tema existen diferentes abordajes moleculares que demuestran el papel del microbioma intestinal de los vectores en la eficiencia de la transmisión de la ECh. Dentro de los aspectos de ciencia básica se ha evaluado el papel del microbioma intestinal de los vectores en la supervivencia y el desarrollo de *T. cruzi*. Se ha reportado que la microbiota en el intestino medio de los insectos vectores podría tener funciones importantes como determinantes de la supervivencia y el desarrollo de los parásitos en los insectos vectores y hospederos, contribuyendo a la modulación de la competencia del vector (Azambuja, García y Ratcliffe, 2005). Por ejemplo, la infección por *T. cruzi* aumenta la expresión de TiAP (Proteína Antimicrobiana de *Triatoma infestans*) modulando la microbiota intestinal del vector. Además, se ha observado que la inhibición del crecimiento de la microbiota por TiAP es importante para el establecimiento del parásito en el intestino medio anterior de *T. infestans* (Buarque et al., 2016). También, se ha evaluado el papel de *T. cruzi* en la diversidad y composición del microbioma de triatominos (*Panstrongylus megistus*, *Rhodnius prolixus*, *Triatoma brasiliensis*, *T. infestans*, *T. juazeirensis* y *T. sherlocki*) infectados en laboratorio con cepas provenientes de *T. brasiliensis*. Por medio de secuenciación de alto rendimiento, se encontró que la infección con *T. cruzi* afecta significativamente la composición del microbioma, encontrando que los vectores infectados albergan una comunidad bacteriana significativamente más diversa. En cuanto a la relación con las especies vectores se reporta que la composición de la comunidad bacteriana en el intestino es dependiente de la especie de vector, en *R. prolixus* es dominante *Pectobacterium*, mientras que para *T. brasiliensis*, *T. juazeirensis* y *T. sherlocki*, *Arsenophonus* es dominante. Así mismo la fase del parásito se encuentra involucrada en la composición de la microbioma, ya que se observó que la alimentación con epimastigotes de *T. cruzi* afecta fuertemente la composición de manera especie específica (Díaz et al., 2016). Por otro lado, también se ha comparado el microbioma intestinal de *Triatoma gerstaeckeri* y *Triatoma sanguisuga* positivos y negativos a *T. cruzi* recolectados en Texas, encontrando que la comunidad de la microbioma intestinal de triatominos individuales se caracterizó por una baja diversidad taxonómica intraindividual y una alta variación interindividual entre especies. En este estudio se encontró un enriquecimiento de algunos grupos bacterianos en especímenes positivos para *T. cruzi*, principalmente Enterobacterales y *Petrimonas*. Además, se reporta a *Salmonella enterica diarizonae* en tres especímenes triatominos, una especie que se asocia comúnmente con reptiles y animales domesticados, y que además es un patógeno para humanos. Estos datos sugieren que *Triatoma* en Texas tienen patrones variables de bacterias colonizadas y

transitorias, y que pueden ayudar en el desarrollo de nuevos medios para interferir con la transmisión del parásito de la enfermedad de Chagas (Mann et al., 2020).

En los últimos años se ha evaluado mediante técnicas de Secuenciación de Siguiete Generación (*Next Generation Sequencing*), la relación vector- fuentes de alimentación – microbioma – parásito, con enfoques de metagenómica por la técnica de metabarcoding, que permite identificar diferentes grupos taxonómicos mediante marcadores moleculares conservados a partir de una sola muestra. El proceso incluye tres etapas generales, la recolecta y la manipulación de las muestras garantizando la conservación del DNA; el procesamiento en el laboratorio que incluye la extracción de DNA, amplificación por PCR, la secuenciación y el análisis bioinformático para la identificación taxonómica de los grupos de interés (Liu et al., 2020). La implementación de este sistema ha permitido identificar redes de transmisión vectorial integrada por una amplia conectividad entre reservorios silvestres y domésticos, que incluye al humano como una de las principales fuentes de alimentación. A su vez esta dinámica alimenticia tiene un efecto en la composición del microbioma intestinal de los triatomos, observando que este microbioma cambia en función de la fuente sanguínea dominante, la especie de vector y la infección por *T. cruzi* (Dumonteil et al., 2018; Polonio et al., 2021). Con este enfoque, se propone que la dinámica alimenticia de los vectores podría considerarse como un indicador del nivel de exposición a la infección en la población por el contacto que implica entre los insectos vectores y el humano. Asimismo, podría considerarse como evidencia de la domiciliación de los vectores o el comportamiento intrusivo (especies visitantes), convirtiéndose en una pieza clave en el análisis del riesgo de transmisión de la ECh. No obstante, la comprensión del microbioma intestinal de los triatomos es aún demasiado limitada para evaluar su papel en la capacidad vectorial y la transmisión de *T. cruzi*. Sin embargo, cada vez más se posiciona como una pieza fundamental para la comprensión y el abordaje del estudio del ciclo de transmisión vectorial de la ECh (Dumonteil et al., 2018). Por lo que avanzar en la investigación del microbioma de triatomos es necesario para obtener una mejor comprensión de la infección por *T. cruzi*, la capacidad del vector y la biología del desarrollo. Además, de que evaluar el efecto de la heterogeneidad geográfica del microbioma asociados a vectores en particular, puede resultar en un elemento importante para el desarrollo de estrategias que aprovechen la composición del microbioma asociado a vectores para el control de la ECh, como se ha documentado en otras enfermedades de transmisión vectorial (Kieran et al., 2019).

Los Sistemas de Información Geográfica en el estudio de la enfermedad de Chagas.

Sistemas de Información Geográfica y análisis espacial

Para analizar los fenómenos que involucran a una población, es necesario contar con información diversa, integrada y actual, que nos permita dar respuesta a las prioridades en salud, educación, infraestructura y bienestar social (Gutiérrez, 2009). Esta situación ha dado origen al desarrollo de diferentes áreas del conocimiento, para el análisis de información valiosa en la toma de decisiones. Asimismo, esta necesidad ha promovido el desarrollo de diferentes tecnologías y metodologías, que permiten analizar y visualizar los fenómenos con mayor detalle, dentro de éstas podemos mencionar a los Sistemas de Información Geográfica (SIG). Los SIG, tienen un objetivo fundamental en cualquiera de sus áreas de aplicación, que es la solución de problemas espaciales complejos. En este tenor, los SIG han tenido una marcada evolución desde el punto de vista teórico, aplicativo y tecnológico. Actualmente, los SIG pueden ser considerados como un sistema empleado para describir y categorizar la Tierra y otras geografías, con el objetivo de mostrar y analizar la información a la que se hace referencia espacialmente, con la intención de crear, compartir y aplicar

productos de información útiles basada en mapas que respaldan el trabajo de las organizaciones, así como crear y administrar la información geográfica pertinente (ESRI, 2019). Es importante enfatizar que los SIG no incluyen únicamente elementos técnicos, si no que dependen del bagaje teórico del área de aplicación, por lo que se puede decir que los SIG son un área del conocimiento que contribuye en la toma de decisiones espaciales basándose en datos georreferenciados que son analizados, almacenados y editados en un sistema informático. Los datos geográficos contenidos en un SIG pueden considerarse como un conjunto de bases de datos georreferenciadas de un territorio, las cuales simbolizan cada una, una característica particular que puede ser de naturaleza cuantitativa o cualitativa, que representan una variable temática. Una forma de entender el análisis espacial es como el conjunto de operaciones que desarrollamos con base a los datos espaciales para resolver preguntas (Olaya, 2014). En otras palabras, el análisis espacial es el proceso de modelar los componentes del espacio geográfico, para responder diferentes preguntas, mediante el geoprocesamiento análogo o digital de datos de diferente índole, con la finalidad de analizar las variables de fenómenos complejos de una manera integral dentro en un territorio. En este sentido los SIG, a lo largo de su crecimiento como un área de conocimiento de la geografía, han permitido la formulación de nuevos planteamientos teóricos y metodológicos en las ciencias tanto exactas como sociales, incluso en la gestión política, comercial y de salud, lo que ha llevado a la formulación y respuesta de preguntas espaciales, aplicada en temas muy diversos.

Los SIG en la salud pública

En el ámbito de la salud pública, los SIG históricamente han sido utilizados para identificar los patrones de distribución de diferentes padecimientos y enfermedades, mediante la aplicación de teorías y procedimientos del análisis espacial como pueden ser el álgebra de mapas, modelos multicriterio, estadística espacial, entre otros. Una de las aplicaciones en el campo de la salud, es permitir el monitoreo de la situación de salud en un área geográfica en particular, con el objetivo de generar y analizar hipótesis de investigación, identificar grupos de alto riesgo, planear y programar actividades de monitoreo, evaluar el éxito de intervenciones y realizar estudios epidemiológicos ambientales (Lodoño et al., 2007). El uso de los SIG en epidemiología incluye técnicas de análisis espacial (análisis de superficies, análisis de distancias y de proximidad, reclasificación de mapas y geoestadística), por medio de los cuales es posible estudiar patrones de propagación de epidemias y determinar factores críticos de propagación, combinando a las geociencias, las ciencias ambientales y la epidemiología (Lodoño et al., 2007). Así mismo, una de las ventajas del desarrollo e integración de los SIG en el ámbito de salud pública, es que permite la articulación entre las instituciones del sector público y privado, para llevar a cabo una gestión adecuada de los recursos de infraestructura hospitalaria y de servicios y atención disponible, en donde es de vital importancia fortalecer los mecanismos de comunicación e intercambio de información, que permitan generar y vincular las diferentes bases de datos para homogenizarlas (Gutiérrez, 2009). Esta articulación de los distintos sectores dentro del campo de la salud puede contribuir a identificar los patrones de distribución de las enfermedades y formular esquemas de control en la población vulnerable. Sin embargo, las aplicaciones y las potencialidades tan amplias y diversas de los SIG, hasta el momento siguen siendo subutilizadas en el área de la salud (Lodoño, Restrepo y Marulanda, 2014).

Los SIG en las enfermedades de transmisión vectorial

En el tema de salud es tarea importante dentro del estudio de las enfermedades transmitidas por vectores, abordar la problemática desde una perspectiva ecológica. Para el estudio de sistemas

ecológicos y de vectores de enfermedades, así como para estudios epidemiológicos entre muchos otros, las necesidades científicas particulares pueden ser direccionadas por las capacidades de la tecnología de los SIG. Estos sistemas permiten entonces analizar interrogantes de naturaleza espacial, en los cuales la localización de una entidad biológica es una función de su relación frente a otros organismos o de influencias ambientales. Es decir, los SIGs aportan en la eficacia de estrategias comunitarias, en tanto que permiten representaciones gráficas de los datos, que son indispensables para el monitoreo y ubicación espacial de estos eventos y de gran ayuda en la toma de decisiones. Además, de poder estudiar las distribuciones espaciales, los SIG también permiten delimitar áreas de riesgo y posible presencia de los vectores que propagan la enfermedad, mediante la construcción y prueba de modelos predictivos basados en la inferencia estadística para identificar los patrones de distribución de los vectores analizados (Parra-Henao, 2010).

Modelos de Distribución de Especies

Estos patrones de distribución se encuentran asociados a los procesos biogeográficos, que son aquellos fenómenos que moldean la distribución geográfica de los taxones (Morrone, 2009). Por lo tanto, es necesario el abordaje del estudio biogeográfico para comprender el arreglo y la dinámica de estos patrones de distribución en el espacio y en el tiempo. Los patrones biogeográficos, son considerados como los arreglos repetitivos no azarosos de los taxones, que permiten entender la distribución de organismos, linajes y clados en un espacio geográfico (Morrone, 2009), estas conformaciones espaciales pueden expresar las adaptaciones y relaciones de los taxones en sitios muy específicos de los territorios. En este sentido, las principales explicaciones que se han propuesto para el análisis de los patrones biogeográficos desde el punto de vista ecológico tienen que ver con las interacciones bióticas, la influencia de las variables ambientales y las modificaciones antropogénicas (Morrone y Escalante, 2016). Parte de estas explicaciones están apoyadas por el concepto de nicho ecológico, que permite formular hipótesis de cómo el entorno puede ser importante en limitar o favorecer la distribución geográfica de las especies. Hutchinson (1957) postuló que el nicho ecológico es la suma de todos los factores que actúan sobre un organismo, un hipervolumen de n-dimensiones donde se encuentran las condiciones ambientales en las cuales la especie puede sobrevivir, es decir, el nicho ecológico es un espacio con un amplio abanico de condiciones que contribuyen a que una especie se distribuya y mantenga estable su población. Asociado a este enfoque, se encuentran los Modelos de Distribución de Especies (MDE), los cuales se basan en diversos algoritmos para obtener escenarios de distribución potencial de los taxones, a partir de datos de distribución conocida (ocurrencias / presencias / observaciones) y variables ambientales. Siendo potenciales herramientas para el análisis de los patrones espaciales de presencia y ausencia de especies (Guisan y Zimmermann, 2000). Por lo tanto, los MDE son representaciones cartográficas de la idoneidad de un espacio para la presencia de una especie (Mateo, Felicísimo y Muñoz, 2011). Los sitios de idoneidad expresan la relación estadística entre la distribución conocida y una serie de variables que constituyen las referencias del hábitat. Estos espacios de idoneidad son las áreas en donde potencialmente el taxón podría distribuirse, ya que son semejantes en condiciones a los sitios de presencia, esta distribución se conoce como distribución potencial. En cuanto las variables empleadas usualmente son geológicas, topográficas y / o climáticas suponiendo que ellas, ya sea en conjunto o de manera individual, constituyen los factores ambientales que determinan las condiciones favorables para la presencia de la especie (Guisan & Zimmermann 2000). También se han incluido variables sociodemográficas (Delmelle et al., 2016; Chico-Avelino, 2019). Además, los MDE se basan en métodos estadísticos, que funcionan como clasificadores. Mateo Felicísimo y Muñoz en el 2011, abordan un sistema de clasificación de estas técnicas que está dado en tres grupos: 1) las técnicas descriptivas que se valen únicamente de

datos de presencia. 2) las técnicas discriminantes que requieren tanto de datos de presencia y ausencia para construir la predicción y 3) las técnicas mixtas, las cuales integran reglas tanto descriptivas como discriminantes, y que generan sus propias pseudoausencias. Dentro de los modelos discriminantes se encuentra el de máxima entropía, siendo MaxEnt uno de los más destacados (Phillips et al., 2006). En el caso de MaxEnt, genera dentro de la predicción el *background*, que representa las “ausencias” generadas por el propio algoritmo. Una de las principales aplicaciones de los MDE es la biogeografía de la conservación, donde se busca conocer los sitios idóneos para las especies que pueden ser prioritarias para esta área como endémicas, amenazadas, invasoras, etc. (Peterson, 2003; Naoki et al., 2006; Palma - Ordaz y Delgadillo-Rodríguez, 2014). Otra de las grandes aplicaciones ha sido estimar áreas con un elevado riesgo por sitios de idoneidad de hábitat para vectores (Narouei-Khandan et al, 2016; Delmelle et al., 2016; Cabezas et al., 2017; Alaniz, Bacigalupo y Cattán, 2017).

Dentro de los estudios de vectores se han analizado de manera particular los sitios de riesgo potencial para especies del género *Triatoma*. Estos SIG analizan patrones geográficos y sus correlaciones ambientales, siendo estos análisis cruciales, como se dijo anteriormente, para la toma de medidas proactivas en el control y seguimiento de la enfermedad de Chagas. En estas investigaciones se han centrado en la identificación de la relación entre la distribución de la especie *Triatoma dimidiata* y factores bioclimáticos, para el desarrollo de un modelo predictivo de la abundancia domiciliar por esta especie y las tasas de infección por *T. cruzi*. Estos escenarios se usaron para construir el primer mapa de riesgo de transmisión en la península de Yucatán, encontrándose que la abundancia de *T. dimidiata* se asocia de forma positiva (por análisis de regresión de Poisson) con los cultivos, pastos, precipitación, humedad relativa y la temperatura máxima (Dumonteil y Gourbiere, 2004). Por otra parte, para el estado de Guanajuato se evaluaron modelos de nicho ecológico para obtener predicciones de la distribución de cinco especies vectores de *T. cruzi*, resultando en un mapeo de nichos obtenidos con GARP. Dentro de las especies de vectores analizadas, *T. barberi* representa el mayor riesgo de transmisión de la enfermedad en la entidad (López-Cárdenas et al., 2005). En cuanto a la relación de las variables climáticas y la distribución, se han analizado los rangos geográficos y patrones de riqueza para 115 especies de triatomíneos en los Neotrópicos, modelados en función de 12 variables ambientales, identificando un papel importante de la temperatura y la estacionalidad de la temperatura que explica tanto la riqueza como la distribución de las especies (Diniz-Filho et al., 2013). Más recientemente integrando diferentes técnicas en el modelaje de nicho, para la especie *T. dimidiata* estudiado en Ecuador, se reportó que las superficies de idoneidad están dentro de la región amazónica (Yañez-Cajo et al., 2016). Recientemente por medio de modelos de máxima entropía (MaxEnt) y el método de estadística espacial conocido como Regresión Geográficamente Ponderada (GWR) se evaluó el efecto y la contribución de variables sociales y ambientales en el patrón de distribución del género *Triatoma* en el estado de Guanajuato, México. Las variables que se evaluaron fueron el índice de desarrollo humano, índice de rezago social, población con una carencia social, uso de suelo y vegetación, elevación, pendiente, evaporación media anual y temperatura media anual. Se observó que mediante los dos métodos el conjunto de variables socioeconómicas explica en más del 50 % la predicción de la distribución de *Triatoma*, en el estado. Del mismo modo, también se mostró que el índice de rezago social es la variable que más contribuye a la explicación del patrón de distribución, con un porcentaje de estimación de 34.3% y 39.08% para MaxEnt y GWR, respectivamente. En contraste las variables ambientales solo contribuyeron en un 30% en el modelo. Concluyendo que las variables sociales tienen un fuerte poder explicativo en la predicción de la distribución y riesgo potencial de *Triatoma* (Chico-Avelino, 2019). Estos ejercicios en donde se aplican los MDE, muestran que tienen un importante aporte en la formulación de mapas de riesgo

por especies vectores de la enfermedad de Chagas. También para el estado de Nuevo León, se modelaron los sitios con probabilidad de presencia de *T. recurva* con un enfoque de máxima entropía. Los sitios con idoneidad para la presencia de la especie se encuentran en los municipios del norte y noreste del estado. Las variables asociadas a precipitación, temperatura y altitud determinaron en mayor porcentaje el área de distribución potencial (Torres et al., 2020). Recientemente en otro estudio modelaron los nichos ecológicos de *Dipetalogaster máxima* y *T. cruzi*. Con el análisis de emplazamiento de la probabilidad de presencia de las dos especies (vector y parásito) se propone el nivel de exposición de la picadura. El mayor riesgo por superposición espacial se encontró en las regiones costeras occidental y sur de la Península de Baja California. Además, se identificó un sitio altamente turístico como una zona de alto riesgo (Flores - López et al., 2022)

Antecedentes directos

Hidalgo es uno de los principales estados endémicos de la ECh en México. En la encuesta nacional que reportó una seroprevalencia promedio de 1.6 % de casos seropositivos a *T. cruzi* en todo el país, la región sureste presentó los índices más altos de prevalencia. Esta región incluía la zona central de la Huasteca, que es una zona tropical que incluye parte de los estados de Hidalgo, San Luis Potosí, Veracruz y Tamaulipas. Hidalgo, además mostró otro foco importante de seroprevalencia positiva al parásito, ubicado en la parte árida del sur del estado (Velasco-Castrejón et al., 1992). En cuanto a las especies de vectores y su infección natural con *T. cruzi* asociadas a la vivienda humana en México, en un análisis de especímenes provenientes de 14 estados recolectados de enero de 1993 a diciembre de 1999 depositados en el departamento de Entomología del Instituto de Diagnóstico y Referencia Epidemiológicos (INDRE), Hidalgo presentó 221 triatomíneos, representando el cuarto lugar en número de ejemplares, sólo después de Veracruz, Guanajuato y Oaxaca. Las especies de vectores que se reportan para Hidalgo son *Triatoma dimidiata*, *T. mexicana* y *T. gerstaeckeri*, con 189, 27 y 5 ejemplares respectivamente. De estas especies *T. dimidiata* mostró el mayor porcentaje de infección natural (9.52%), seguido de *T. mexicana* (3.70%) y en el caso de *T. gerstaeckeri* no encontró infección con el parásito. Asimismo, se reportaron nuevos casos de infección natural con *T. cruzi* para Hidalgo en el caso de *T. dimidiata* y *T. mexicana*. De igual manera se reportaron nuevos registros en localidades como Huautla y Tzocohuijapa para *T. dimidiata*. Para *T. gerstaeckeri* en Tepehuacán de Guerrero, Ixtlapalaco, Calnali, Santa Lucía y Papatlatla, registrados entre los años 1996 y 1998 (Vidal-Acosta, 2000).

En un estudio realizado en bancos de sangre de 18 estados de México, de manera global se encontró una seroprevalencia promedio de 1.5%. De estos estados, Hidalgo fue uno con los mayores niveles. Algo relevante de este trabajo es que reportan, con base en el nivel económico de cada estado, que los estados de Hidalgo, Oaxaca y Chiapas considerados como los más pobres, mostraron tres veces más riesgo de transmisión de *T. cruzi* que el resto de los estados estudiados (Guzmán-Bracho, 2001). Así mismo en una revisión de los trabajos reportados de la ECh en México de 1928 al 2004, se encontró una prevalencia de 6.18% (222 de 3,591 individuos) de casos de ECh para el estado de Hidalgo, evaluados por estudios serológicos, manifestaciones clínicas y reportes en bancos de sangre. Además, se reportó que entre los años 1978 al 2004, un total de 45 unidades de sangre de 1,388 (3.24%) para donación, fueron positivas al parásito. En otro trabajo, se reportó la presencia de cuatro especies de vectores que fueron: *T. barberi*, *T. dimidiata*, *T. mexicana* infectados con el parásito y *T. gerstaeckeri* sin infectar (Cruz-Reyes y Pickering-López, 2006). A una escala estatal en un trabajo realizado en los 84 municipios de Hidalgo en el año 2000, en que se aplicó una encuesta a 1,607 participantes para obtener datos sociodemográficos, características de la vivienda y

detección de anticuerpos anti-*T. cruzi* por el método de ELISA, se determinó una sero-prevalencia promedio de 8.21% y la asociación de los casos positivos de la enfermedad a condiciones desfavorables de las viviendas (materiales de construcción y presencia de fisuras) y presencia de animales domésticos (principalmente gatos) dentro de las casas (Gómez, Muñoz y Ortiz, 2006). En un estudio llevado a cabo en tres zonas del suroeste de Hidalgo llamadas el Ahorcado (municipio de Tecozautla), San Antonio Tezoquipan (municipio de Alfajayucan) y Caltimacán (municipio de Tasquillo), se encontró una sero-prevalencia entre 3.25% al 5.13%, donde 6 de 8 personas seropositivas tuvieron alteraciones cardíacas. En este mismo trabajo, se encontraron tres especies de vectores en el ciclo doméstico (*T. barberi*, *T. mexicana* y *T. dimidiata*) con índices de infestación desde 10.25% hasta 30%, y donde todas las especies tuvieron ejemplares infectados con *T. cruzi* en un rango del 6% al 10.3%. De igual manera, los aislados de *T. cruzi* (de vectores) fueron infectivos en un modelo de ratón. A partir de los resultados obtenidos se concluyó que el Ahorcado fue la localidad con el mayor riesgo de infección (Becerril-Flores et al., 2007). A escala local, se estudiaron 699 viviendas de 10 localidades del municipio de Metztlán, Hidalgo. Se reportó la presencia de las especies *T. barberi* y *T. mexicana* con un índice de infección de 7.7% a 50%, un índice de colonización hasta de un 80%, un índice de infestación de 7.7% a 25% y un índice de dispersión del 70%. La mayor infestación se observó en casas construidas con piedra. Finalmente, los autores consideran a este municipio como uno de los lugares con alto riesgo de transmisión del parásito en el estado (Becerril et al., 2010). Recientemente, se evaluó la seroprevalencia y distribución geográfica de donadores de sangre seropositivos a *T. cruzi* en el banco de sangre del Centro Médico Nacional “La Raza” en la Ciudad de México, en 510,047 muestras de sangre tomadas entre julio de 2008 a diciembre de 2015 de donadores de diferente procedencia en mayores de 18 años. Se obtuvo un total de 595 muestras positivas a *T. cruzi*, calculándose una seroprevalencia promedio de 0.12%, siendo mayor en el género masculino y en donde en ambos sexos la mayor cantidad de donantes seropositivos se concentró en los rangos de edad entre los 51 a 65 años. Dentro de las entidades con más donantes positivos al parásito se localizaron localidades de la zona sur del estado de Hidalgo con una tasa de infección de 5.9% (González-Guzmán, 2019). Para el año 2019, se reportó la distribución de 570 triatominos del área doméstica del estado de Hidalgo colectados por el sector salud del estado de los años 2015 y 2016. Se reportaron 4 especies de vectores que fueron *T. dimidiata* (391), *T. mexicana* (159), *T. gerstaeckeri* (17) y *T. barberi* (3), con un promedio de infección natural con el parásito de 9.8% (Antonio-Campos et al., 2019). Finalmente, se determinó la presencia de *T. cruzi* y su genotipo en heces y tejido digestivo de 170 triatominos colectados en 14 municipios del estado de Hidalgo. Se encontraron tres especies de triatominos, con mayor presencia de *T. dimidiata* (51.17%), seguido de *T. mexicana* (8.2%) y *T. gerstaeckeri* (0.41 %) que se encontraron en menor proporción, así como ninfas (36.47%) cuya especie no fue posible determinar. Se encontró un total de 12.93% de triatominos positivos a *T. cruzi*, correspondientes en todos los casos a TcI, concluyendo que éste es el DTU que circula de forma activa en peridomicilio, representando un riesgo potencial de infección para los habitantes de estas zonas (Pérez et al., 2019). Recientemente se reportó como primera vez para el estado la presencia de la especie *T. protracta woodi*. De acuerdo con este reporte se realizó la captura por parte del personal de control de vectores del estado, de tres especímenes para los años 2016, 2020 y 2021, uno para cada año. Los registros se reportaron en el peridomicilio de dos localidades (Buen Vista y Barrio Coatlán) del municipio de Metztlán (Rivas et al., 2022). En uno de los últimos trabajos encontrados sobre vectores de la ECh para el estado de Hidalgo, se describió la morfología, el proceso de colonización y el comportamiento reproductivo de la especie *T. pallidipennis* en la localidad de Guadalupe (Tecozautla) a dos años del primer registro de esta especie para el estado. Se reportó una tasa de infección de 17.8% (de 28 especímenes). En condiciones de laboratorio una hembra colectada, tuvo una tasa de eclosión del 95%, concluyendo que *T. pallidipennis* tiene la capacidad de infestar áreas cuando se establece, implicando un riesgo

para la población de la localidad (Alejandre – Aguilar et al., 2023). Finalmente, en un artículo se reportaron los primeros registros de *Triatoma longipennis* (Usinger, 1939) en las localidades de Guadalupe y San Miguel Caltepanitla en el municipio de Tecozautla (Rivas et al., 2023) y de esta misma especie se tiene un nuevo reporte para la localidad de El Pirú del municipio de Metztlán (Becerril et al., 2024).

Justificación

La enfermedad de Chagas continúa siendo un importante problema de salud pública en México y otros países de Latinoamérica, debido a que es altamente incapacitante y potencialmente mortal. La ausencia de una vacuna efectiva y las limitaciones en algunas etapas del tratamiento farmacológico, dificultan el control y manejo óptimo de esta patología. Ante esta situación, el control de la transmisión vectorial es actualmente la principal medida de prevención aplicada. Sin embargo, la complejidad del ciclo de transmisión vectorial de *T. cruzi* sigue representando un desafío. Los Sistemas de Información Geográfica (SIG) y el modelado de distribución potencial, tiene una relevancia cada vez mayor para comprender la ecoepidemiología de las enfermedades transmitidas por vectores, debido a su potencial para dilucidar las relaciones del vector, parásito y humano; así como, los factores sociodemográficos subyacentes. En este trabajo, analizamos de manera integral los componentes que participan en el ciclo de transmisión vectorial del ciclo doméstico de la ECh en Hidalgo, un estado endémico de la enfermedad en México y cuya ecoepidemiología no ha sido estudiada previamente utilizando SIG y modelado espacial, para la identificación de correlaciones espacio-temporales.

Generaremos bases de datos georreferenciadas de triatominos presentes en el estado. Esto permitirá obtener mapas de probabilidad de presencia-ausencia (máxima entropía) de cada especie mediante modelos de máxima entropía (probabilidad de presencia). Validaremos estadística y experimentalmente dichos modelos, lo que además nos posibilitará la colecta de especímenes. Asimismo, caracterizaremos factores de riesgo en humanos. Finalmente, analizaremos los datos desde una perspectiva integral parasitológica, entomológica, epidemiológica, geográfica, ambiental y social, apoyados en estadística espacial, álgebra de mapas y análisis multicriterio, para identificar zonas de riesgo de transmisión vectorial de *T. cruzi* a la población humana. Esto contribuirá no solo en el entendimiento de la ecoepidemiología del ciclo de transmisión vectorial de la enfermedad de Chagas en Hidalgo, sino también en la propuesta de áreas prioritarias para el diseño racional de estrategias de control.

Hipótesis

Los mayores niveles de abundancia y diversidad de triatominos infectados con *T. cruzi*, así como las características sociodemográficas, se asocian con la seroprevalencia en la población humana y representan distintos niveles de riesgo de transmisión vectorial de la ECh en el ciclo doméstico del estado de Hidalgo, México.

Objetivo general

Zonificar los sitios de riesgo epidemiológico del ciclo de transmisión vectorial doméstico de la ECh en el estado de Hidalgo, integrando modelos espaciales con parámetros entomológicos, parasitológicos y epidemiológicos, así como parámetros sociodemográficos y los factores de riesgo.

Objetivos particulares

1.- Realizar el análisis retrospectivo de la distribución histórica de las especies de triatominos presentes en el ciclo doméstico (domiciliario – peridomiciliario) y de casos de seropositivos en bancos de sangre reportados en el estado de Hidalgo, en colaboración con la Coordinación Estatal de Vectores y del Laboratorio Estatal de Salud de Hidalgo.

2.- Modelar la distribución potencial de las especies de triatominos del ciclo doméstico en el estado de Hidalgo para mapear las zonas potenciales de presencia y ausencia.

2.1 Seleccionar las variables geo-climáticas asociadas a la presencia de las especies de triatominos, para el diseño de los modelos de distribución potencial.

2.2 Evaluar el efecto de las variables geo-climáticas en el patrón de probabilidad de presencia de las especies de triatominos.

2.3 Validar estadísticamente los modelos de distribución potencial de las especies de triatominos en el estado de Hidalgo.

3.- Validar experimentalmente los modelos de distribución potencial (presencia – ausencia) de las especies de triatominos en el ciclo doméstico.

3.1 Seleccionar sitios potenciales de presencia y ausencia de las especies de vectores con base en los modelos de distribución potencial.

3.2 Recolectar especímenes de las especies de triatominos en los sitios potenciales de presencia.

3.3 Evaluar la concordancia entre la clasificación de los modelos de distribución potencial y la validación experimental.

3.4 Realizar búsqueda de especímenes de las especies con nuevos registros para el estado de Hidalgo.

3.5 Caracterizar las condiciones sociodemográficas y los factores de riesgo de la población en los sitios potenciales de presencia – ausencia.

4.- Obtener el mapeo de riesgo de transmisión vectorial de *T. cruzi* en el ciclo doméstico, que expresa la integración de los datos de los diferentes componentes que incluyen el parásito (tasas de infección en vectores), el vector (especies, distribución, ausencia y presencia), y la población humana (seroprevalencia en bancos de sangre, características sociodemográficas y factores de riesgo) a través de un modelo de estadística espacial, para la propuesta de áreas prioritarias que contribuyan en el diseño racional de las estrategias de control de la transmisión de la ECh en el estado de Hidalgo.

Área de estudio

El estado de Hidalgo se localiza en la parte central y oriental de México (Figura 9 A), está comprendido por 84 municipios que limitan con los estados de San Luis Potosí (norte), Veracruz (noreste), Puebla (este), Tlaxcala (sur), Estado de México (suroeste) y Querétaro (oeste) (Figura 9 B). Sus coordenadas extremas UTM (WGS84 14N) son 408308 m E, 2365550 m N y 609615 m E, 2167128 m N y su gradiente de altitud va de 100 a 3,374 m.s.n.m (Figura 9 C). Hidalgo se encuentra dentro de las provincias fisiográficas de la Llanura Costera del Golfo Norte, la Sierra Madre Oriental y el Eje Volcánico Transversal (INEGI, 2001). Los climas del estado son del tipo cálido y semicálido al este, seco en la parte central y frío y semifrío al sur; los climas templado y semiseco son los de mayor distribución en el estado (INEGI, 2008). La temperatura media anual es de 16 °C, siendo enero el mes más frío y abril y mayo los meses más cálidos del año. La temporada de lluvias es en verano (junio a septiembre) con una precipitación promedio de 800 mm anuales (SMN, 2010). Para el estado se ha propuesto una regionalización, que divide a la entidad en diez regiones geoculturales que integran atributos geofísicos, sociales y culturales (Pichardo – Zaragoza et al., 2008) (Figura 9 B).

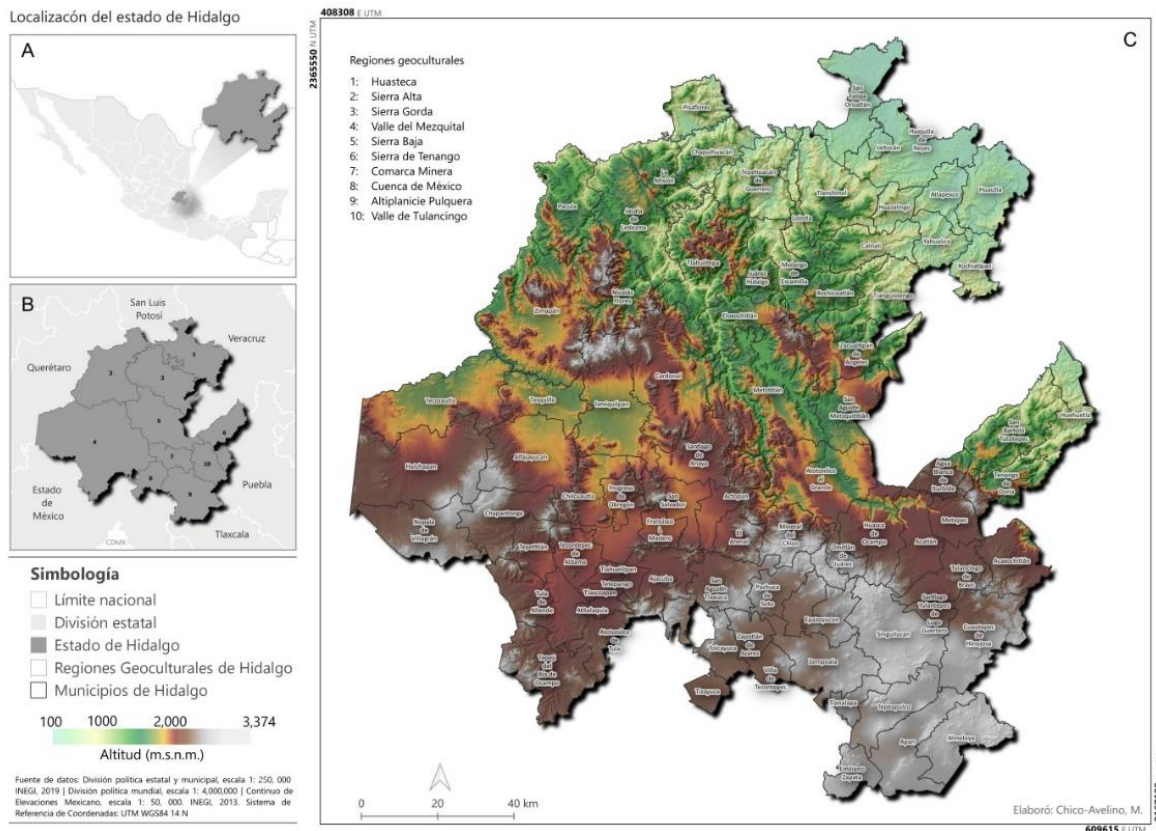


Figura 9. Mapa de localización del estado de Hidalgo. Fuente: Elaboración propia.

Estrategia experimental

En la Figura 10, se muestra el esquema general de los procesos que se llevaron a cabo para cumplir con los objetivos planteados. La estrategia experimental se dividió en cuatro etapas. La primera que

fue el Análisis espacial (A), incluyó la georreferenciación, la depuración, la validación y la validación de las bases de datos de vectores y de los casos de seropositivos en banco de sangre (Etapa 1 y 2). Posteriormente se realizó el modelamiento de la distribución potencial (Etapa 3), que consistió en la selección de las variables geo-climáticas con mayor poder explicativo para los modelos de distribución potencial de las especies, seguido de la evaluación del efecto de las variables geo-climáticas en el patrón de distribución potencial de las especies de vectores y la validación estadística del modelo de la distribución potencial de las especies. Una vez validados estadísticamente los modelos, se seleccionaron sitios potenciales de presencia y ausencia de las especies de vectores con base en los valores de probabilidad de presencia y de los registros históricos de presencia de las especies de vectores (Etapa 4). La fase de trabajo de campo (B), incluyó la validación experimental del modelo de distribución potencial. Durante esta fase, en los sitios seleccionados se realizó la recolecta de especímenes y la toma de datos sobre las características sociodemográficas de la población (Etapa 5). A continuación, la fase de trabajo de laboratorio (C), consistió en la identificación taxonómica de los especímenes recolectados en campo (Etapa 6). Con la información obtenida en las etapas anteriores durante la fase de integración (D), los componentes del ciclo de transmisión vectorial que incluyen la distribución del vector, sus tasas de infección con *T. cruzi*, los casos de seropositivos en banco de sangre y las características de la población humana, los cuales se integraron mediante análisis multicriterio y se identificaron las zonas con riesgo de transmisión vectorial de *T. cruzi* en el ciclo doméstico en el estado de Hidalgo (Etapa 7).

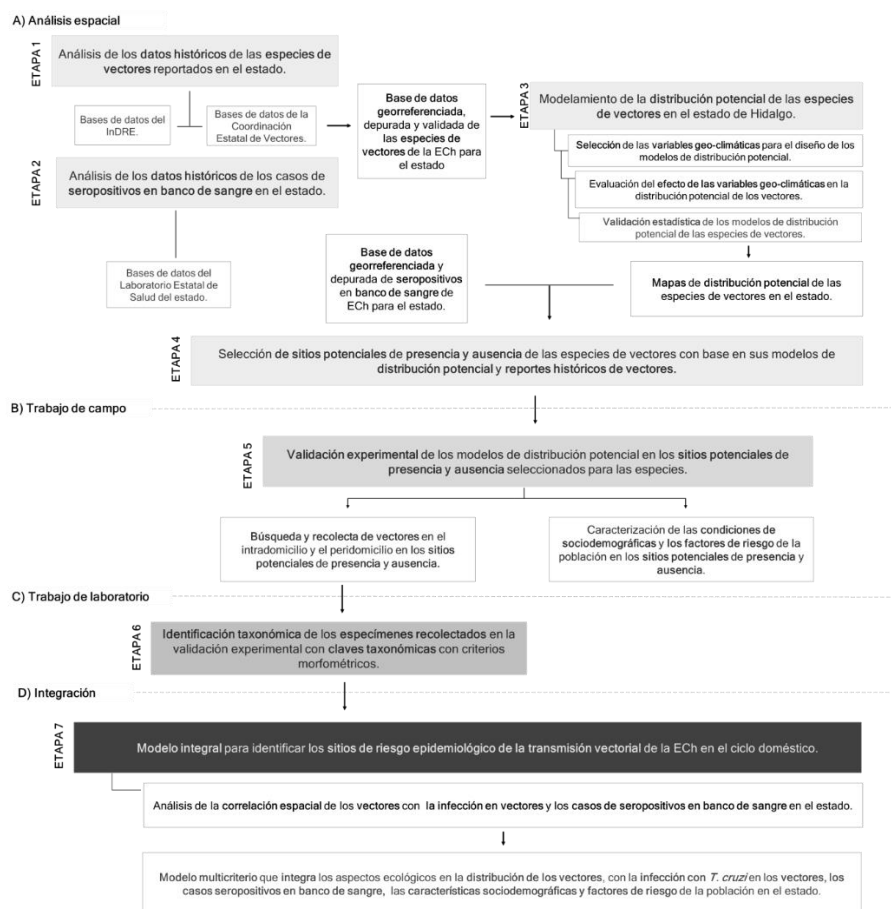


Figura 10. Esquema de la estrategia experimental propuesta para el modelo espacial de riesgo ecoepidemiológico de la transmisión vectorial de la ECh de aspectos ecológicos, moleculares y sociodemográficos en el estado de Hidalgo.

A) Análisis espacial

Etapas 1 y 2

Análisis de los datos históricos de las especies de vectores y de los casos de seropositivos en banco de sangre en el estado.

De manera inicial se realizó el pre-procesamiento de las bases de datos de la distribución de las especies de vectores y de los casos seropositivos en banco de sangre, con la finalidad de conocer las tendencias espacio-temporales de estos elementos del ciclo de transmisión vectorial. Además, que esta información fué la base para las fases del trabajo de campo, de laboratorio y de integración.

Bases de datos

Para el análisis se realizó el preprocesamiento de tres bases de datos que contienen información histórica de la distribución de triatominos y de los casos de seropositivos en bancos de sangre para el estado de Hidalgo. Una de estas bases de triatominos consiste en la publicada por el Instituto de Diagnóstico y Referencia Epidemiológicos (InDRE) en el Servicio de Información de Diversidad Biológica Mundial (GBIF), que contiene datos del periodo 1997 al 2012. Otra base de datos de triatominos corresponde a la que fue otorgada por parte de la Coordinación Estatal de Vectores del Sector Salud del Estado de Hidalgo la cual contiene datos del año 2010 al 2019. Por último, los datos sobre seropositivos en bancos de sangre fueron otorgados por el Laboratorio Estatal de Salud de la entidad, esta base de datos tiene datos del periodo 2009 al 2019. Esta base contiene información de muestras provenientes de las 17 jurisdicciones sanitarias del estado, del Centro Estatal de Transfusión Sanguínea (CETS), de centros de salud, clínicas (IMSS, ISSSTE y DIF), hospitales estatales y Laboratorio Estatal de Salud Pública de Hidalgo (LESPH).

Georreferenciación de las bases de datos

Debido a los objetivos del presente proyecto, es necesario que las bases de datos tengan coordenadas (georreferenciadas). En este caso la base de datos del InDRE contaba con georreferenciación. Sin embargo, la base de datos de la Coordinación Estatal de Vectores no tenía esta característica, por lo que se realizó la asignación de las coordenadas para cada uno de los registros. Para esto se rastreó el origen y la fuente de la georreferenciación de la DB del InDRE y debido a que la encargada de recopilar la información sobre biodiversidad en México es la Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad (CONABIO) a través del Sistema Nacional de Información sobre Biodiversidad (SNIB), por lo que se efectuó la búsqueda en dicho acervo. Para corroborar que esa información correspondiente a la base de datos del InDRE, se cotejaron también las coordenadas, usando la información de localidades del año 2010 publicadas por INEGI (INEGI, 2010) y la plataforma de Google Earth. Con estas fuentes de información geográfica se asignaron las coordenadas a los registros de la base de datos de la Coordinación Estatal de Vectores. En el caso de la base de datos de seropositivos en banco de sangre se asignaron las coordenadas de los municipios con la información de INEGI (INEGI, 2018).

Depuración de las bases de datos

Se depuraron las bases de datos, con la finalidad de identificar errores como localidades inexistentes, nombres de localidades equivocados, asignación de localidades a municipios erróneos, entre otros, los cuales se corrigieron en la base de datos final. Para esto se utilizó como referencia la información del SNIB, INEGI y Google Earth. De igual manera en el caso de los registros sin fecha, se eliminaron de la base de datos final, debido a que la escala temporal importante en este estudio. Por otro lado, como existe un traslape entre los años 2010 -2012 en las bases de datos del InDRE y de la Coordinación Estatal de Vectores, se realizó el análisis de la calidad de la información de estos dos acervos y se conservaron los más completos para estos años.

Validación espacial de la base de datos de vectores

Con la finalidad de verificar que el proceso de georreferenciación fue adecuado, se realizó la validación de las coordenadas de los registros de vectores, para esto se seleccionó de forma aleatoria el 10% de la base de datos total, debido a que es la proporción mínima considerada para una validación aceptable, para cada uno de los registros se verificó que las coordenadas de la BD correspondieran a las correctas de acuerdo con la información de las localidades de INEGI (INEGI, 2010) y Google Earth.

Etapas 3

Modelamiento de la distribución potencial de vectores en el estado de Hidalgo

Con la base de datos de los registros de vectores georreferenciada, depurada y validada, se diseñaron modelos de distribución potencial para las especies de triatomíneos del estado de Hidalgo. Con estos modelos se obtuvieron los mapas de distribución potencial, que nos mostraron las zonas con probabilidad de presencia y ausencia de las especies de vectores. Debido a que para los modelos de distribución de especies se requieren de al menos 20 datos de presencia. Se realizó el modelamiento únicamente para las especies que cumplieron con esta condición.

Variables explicativas

Con base en la literatura revisada de manera inicial se recopiló la cartografía de 23 variables geoclimáticas que se han utilizado en el diseño de modelos de distribución de especies de vectores de la ECh (Carahna et al., 2011; Gurgel-Gonçalves et al., 2011; Parra-Henao et al., 2016; Yañez-Cajo et al., 2016; Chico-Avelino, 2019; Bender et al., 2020; Eberhard et al., 2020; Torres et al., 2020). De éstas, 19 corresponden a variables climáticas que son las propuestas por WorldClim (<https://www.worldclim.org/>), sin embargo, como en este caso se trabajó a una escala estatal, se crearon las capas raster utilizando como base la cartografía publicada por Cuervo-Robayo et al., 2020. Estos datos corresponden a las superficies climáticas en alta resolución de la precipitación, temperatura máxima y temperatura mínima mensuales, para el periodo de 1980-2009 para México, con una resolución espacial de 1 km. Con la finalidad de aumentar la resolución espacial, se extrajeron los valores de las variables en una capa de puntos distribuidos de forma regular en el estado de Hidalgo. Posteriormente con estos valores se generaron las capas raster con una resolución espacial de 60 m. Para esto se utilizó el método de interpolación IDW. Este método pondera los valores de los puntos de muestra (conocidos), de tal modo que la influencia entre dos puntos de muestra disminuye con la distancia que estos tienen con un punto desconocido (de donde no se tiene información) del cual se quiere calcular un valor (QGIS, 2023). Es decir, los valores asignados a los puntos desconocidos se calculan con un promedio ponderado de los valores disponibles en los puntos conocidos con base en su distancia, obteniendo una capa temática de información continua en donde cada píxel tiene un valor de acuerdo con la variable interpolada.

Dentro de las variables explicativas asociadas al clima también se incluyó la cartografía de tipos de climas de la República Mexicana modificada por García, escala 1: 1,000,000 de la Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad (CONABIO). Como variables geofísicas se utilizó la información de la altitud del territorio mexicano, escala 1: 50,000 del Continuo de Elevaciones Mexicano (CEM) del Instituto Nacional de Estadística y Geografía (INEGI). En el caso de la vegetación y usos de suelo se utilizó la cartografía escala 1:250, 000 de INEGI y también se incluyó la calidad de la vegetación mediante el Índice de Vegetación de Diferencia Normalizada (NDVI). Para esto se procesó una imagen satelital multispectral del satélite Landsat 8 OLI del año 2020, escala 1: 100,000. El NDVI se basa en la relación entre la cantidad de luz reflejada (reflectancia) por la superficie terrestre en dos regiones del espectro electromagnético, luz roja e infrarroja (infrarrojo cercano). Los niveles bajos de luz reflejada en el color rojo, combinados con alta reflexión en el infrarrojo, indican una mayor actividad fotosintética o cantidad y densidad de plantas verdes, dando un valor cercano a 1 (INEGI, 2023). Esta cartografía se geoprocesó para extraer los datos para el estado de Hidalgo. Todas las capas de información se trabajaron en un Sistema de Referencia de Coordenadas UTM WGS84 14 N, a una resolución espacial de 60 metros. El procesamiento de la cartografía se llevó a cabo en el software QGIS 3.28.

Selección de las variables geo-climáticas para el diseño de los modelos de distribución potencial

Con la finalidad de obtener modelos lo más explicativos posibles, se seleccionaron las variables con el mayor poder explicativo. En este sentido para la selección de las variables es importante considerar factores que incidan en la ecología de las especies, con el fin de contar con la mayoría de las características del entorno que las especies requieren para su distribución. Por lo tanto, de las 23 variables se seleccionaron aquellas que mostraron tener mayor aporte y contribución en el modelamiento de la distribución potencial (Bender et al., 2020; Caranha et al., 2011; Chico-Avelino, 2019; Eberhard et al., 2020; Gurgel-Gonçalves et al., 2011; Parra-Henao et al., 2016; Torres et al., 2020). En primer lugar, se corrieron en MaxEnt dos submodelos para cada una de las especies, uno climático (con las 19 variables climáticas de WorldClim para México) y otro geofísico (con altitud, vegetación y usos de suelo, tipos de climas y la calidad de la vegetación - NDVI). Posteriormente, con los resultados de estas corridas se seleccionaron las variables de cada submodelo con base en 3 criterios que fueron: valores altos de porcentaje de contribución y de importancia y la prueba de jackknife. Esta última nos da información de la ganancia del modelo bajo tres hipótesis que son: con todas las variables, solo con una variable y sin una variable. Las dos últimas nos indican el poder explicativo de cada variable, ya que en el supuesto de que la ganancia del modelo con una sola variable sea alta, indicaría que esa variable por sí sola explica en gran medida la variación espacial de la distribución. En contraste, si al eliminarla, la ganancia del modelo disminuye, indicaría que esa variable es fundamental en el modelo. Finalmente, las variables seleccionadas se evaluaron con el coeficiente de correlación de Pearson, conservando únicamente aquellas que no estuvieron correlacionadas entre sí, esto para evitar modelos redundantes y poco explicativos. La prueba de Pearson o coeficiente de correlación es un índice con valores entre -1 y 1, en donde si el valor es mayor a cero, la correlación es positiva y las variables se relacionan directamente. Si es menor que cero, la correlación es negativa y las variables se relacionan inversamente. Mientras que cuando se obtiene un valor igual a cero, no existe relación lineal entre las variables (Hernández et al., 2018). Por lo que se corroboró que las variables incluidas en los modelos finales no tuvieran un valor mayor a 0.5. Este valor se estableció ya que de acuerdo con una propuesta por Cohen un valor de Pearson superior a 0.5, indica una correlación fuerte (Hernández et al., 2018).

Evaluación del efecto de las variables geo-climáticas en la distribución potencial de los vectores

Una vez seleccionadas las variables geo-climáticas se evaluó el efecto de estas en el patrón de probabilidad distribución de los vectores. Para modelar la distribución potencial se utilizó el algoritmo MaxEnt (Phillips et al., 2006), que es un algoritmo de modelado de distribución de especies para datos solo de presencia y de variables explicativas, basado en el principio de máxima entropía. Una de sus particularidades de MaxEnt, es que arroja resultados aún con datos incompletos, ya que solo requiere de datos de presencia (ocurrencias) de las especies. Para contrarrestar, esta falta de datos de ausencia MaxEnt, produce dentro de la predicción un conjunto de datos denominado "background", que representa las ausencias generadas por el propio algoritmo (Soberón y Peterson, 2005; Phillips et al., 2006).

La Máxima Entropía está relacionada con las restricciones, que se expresan en términos de funciones simples de las variables ambientales. Específicamente, se requiere que la media de cada variable sea cercana al promedio observado en los sitios de presencia. Por ejemplo, para la "precipitación anual", la restricción correspondiente dice que la precipitación anual media calculada por el modelo debe estar cerca de la precipitación media observada en los sitios de presencia. De este modo se construye un conjunto de restricciones, por lo tanto, en el modelo entre todas las probabilidades de distribución que satisfacen estas restricciones, se eligió la de máxima entropía, es decir, la más libre de restricciones (Phillips y Dudík, 2008). De esta forma se logra asignar a cada unidad espacial (píxel) un valor de entropía.

A partir de los datos, MaxEnt calcula la probabilidad de distribución para cada píxel, dando como resultado el mapeo de los sitios de idoneidad (distribución potencial) que expresan la relación estadística entre la distribución conocida y las variables que constituyen las características del hábitat (Guisan & Zimmermann, 2000). Los valores del mapa de distribución potencial van de 0 a 1. Los valores de 0 indican sitios con nula entropía (nula probabilidad de presencia) y los valores de 1 indican que son sitios con máxima entropía (alta probabilidad de presencia). Los modelos finales se corrieron con las variables seleccionadas para cada especie. Cada uno se corrió con 50 réplicas con un método de tipo Bootstrap. Los datos se particionaron para entreamiento del modelo se estableció el 85% y para la validación del modelo se definió un porcentaje del 25%. Estos criterios se definieron al obtener los mejores rendimientos en los modelos después de evaluarlos con diferentes parámetros.

También, se obtuvieron para cada uno de los modelos las curvas de respuesta, que expresan el comportamiento de la probabilidad de distribución de las especies frente a cada una de las variables incluidas en el análisis. Otro resultado que se obtuvo fue la prueba de Jackknife, que brinda información sobre el poder explicativo de cada una de las variables en la distribución potencial, determinando la contribución relativa de cada de ellas los modelos generados, es decir el impacto de cada variable en el modelo. Los resultados fueron expresados con una medida llamada "ganancia", que permite identificar los requerimientos ecológicos de las especies (Palma - Ordaz y Delgadillo-Rodríguez, 2014).

Validación estadística de los modelos de distribución potencial de las especies de vectores

Una vez obtenidos los modelos de distribución potencial de las especies de vectores se validaron estadísticamente, esto se evaluó con la prueba de la Curva Operada por el Receptor (ROC) que nos permite obtener la métrica estadística del área bajo la curva (AUC). Esta métrica se utilizó debido a que es una de las pruebas que se utiliza frecuentemente en la literatura para el análisis estadístico en modelos de distribución de especies (Palma - Ordaz y Delgadillo-Rodríguez, 2014; Yañez-Cajo et al., 2016; Chico -Avelino, 2019) y por otro lado porque no contamos con datos de ausencias. En este

caso el valor de AUC se calculó con el algoritmo de MaxEnt (Phillips et al., 2006) y para corroborar el valor de AUC se utilizó el algoritmo de NicheToolBox (Osorio – Olvera et al., 2020).

Este método evalúa el rendimiento del modelo en todos los umbrales de clasificación, a partir de dos parámetros uno es la proporción de verdaderos positivos, que corresponden a las presencias que el modelo predice como sitios de presencia, a lo que la prueba denomina como “sensibilidad”, que indica la tasa de identificación correcta de presencias y otro es la proporción de falsos positivos que corresponden a las ausencias que el modelo predice como sitios de presencia, a los que la prueba denomina como “especificidad” (Peterson et al., 2008). Sin embargo, debido a que contamos solamente con datos de presencia y no con datos de ausencia, la “especificidad” corresponde a la fracción del área de estudio con presencia estimada, la cual es denominada en la prueba con MaxEnt como “fractional predicted area” / “el área fraccionada predicha” (Phillips et al., 2006). Por lo tanto, en MaxEnt, el valor de AUC se obtiene a partir de la tasa de verdaderos positivos en el área predicha por el modelo. Los valores de AUC oscilan entre 0 a 1. Entonces, un modelo con 0% de verdaderos positivos tendría un valor de AUC= 0.0; otro con 100% de verdaderos positivos tendría un valor AUC =1.0. Mientras que un modelo con un valor de AUC cercano a 0.5 indica que el modelo no es mejor que el azar. Una propuesta de clasificación de la precisión del modelo tomando en cuenta el AUC es: 0.50-0.60 = insuficiente; 0.60-0.70 = pobre; 0.70-0.80 = promedio; 0.80-0.90 = bueno; 0.90-1 = excelente (Araújo y Guisan, 2006). En este caso se definieron valores mínimos de AUC de 0.8 para considerar los modelos estadísticamente aceptables y con buen rendimiento. Con los modelos validados estadísticamente se elaboraron los mapas de distribución potencial con el software QGIS 3.28.

Etapa 4

Selección de sitios potenciales de presencia y ausencia de las especies de vectores con base en sus modelos de distribución potencial

Después de validar estadísticamente el modelo de distribución potencial, se seleccionaron los sitios potenciales de presencia y ausencia. Estos sitios se definieron con base en dos criterios: el número de especímenes de los municipios obtenidos en las bases de datos históricas (Etapa 1), y el valor de probabilidad de ausencia o presencia obtenido en los mapas de distribución potencial obtenidos con MaxEnt. En el caso del número de ejemplares, los sitios potenciales de ausencia fueron aquellos sin reportes para la especie, mientras que los sitios potenciales de presencia fueron aquellos en donde el municipio en el que se localizan tuvo un alto número de reportes de la especie. En cuanto a la probabilidad de presencia, los sitios potenciales de ausencia fueron aquellos con valores ≤ 0.75 y los sitios potenciales de presencia fueron aquellos con valores > 0.75 . Estos valores se establecieron con la finalidad de delimitar los sitios con mayor probabilidad de presencia, ya que este trabajo de campo también tenía la finalidad de colecta de vectores. Es importante mencionar que los sitios de presencia seleccionados no habían sido muestreados previamente.

B) Trabajo de campo

Etapa 5

Validación experimental de la presencia/ausencia de vectores y caracterización de las condiciones sociodemográficas y los factores de riesgo de la población

Como se mencionó, parte del objetivo de este proyecto fue la validación no sólo estadística de los modelos de distribución potencial de las especies de vectores de la ECh si no también la validación experimental (*in situ*). Que hasta donde sabemos no se ha aplicado este enfoque en estudios de distribución de vectores triatomíneos. Esto se propone con la finalidad de evaluar qué tan certeras fueron las clasificaciones de presencia y ausencia obtenidas en los modelos y con base en los resultados obtenidos de esta validación demostrar su capacidad y aplicación en el diseño de búsqueda y recolecta de las especies de vectores que podría ser útil en otras áreas endémicas de la ECh.

Búsqueda y colecta de vectores en el intradomicilio y el peridomicilio en los sitios potenciales de presencia / ausencia

En los sitios seleccionados tanto de presencia como de ausencia se llevó a cabo la búsqueda de los vectores en las viviendas. En el área del peridomicilio, que incluye las zonas alrededor de la casa (100 metros), se enfocó la búsqueda en los sitios que de acuerdo con la literatura sobre factores de riesgo sirven como refugio como son gallineros, corrales, perreras, gateras, zonas de almacenamiento de material de construcción, cacharros, leña, tabiques o piedras, así como autos o muebles en desuso, entre otros. Mientras que en el intradomicilio se propuso emplear el método estandarizado de hora-hombre por vivienda con base en los lineamientos de la Norma Oficial Mexicana NOM-032-SSA2-2014, para la vigilancia epidemiológica, promoción, prevención y control de enfermedades transmitidas por vectores (SEGOB, 2015). En este caso la búsqueda se dirigió a lugares como la cama, debajo del colchón, cabecera, paredes, grietas, detrás de cuadros y muebles, roperos / closets, entre otros. Por su parte para las especies visitantes (intrusivas) que tienen comportamientos estacionales incrementando su presencia en la vivienda solo en una época del año. En ese caso se recurrió al uso de trampas con cebo de ratón vivo las cuales se instalaron por la noche en sitios estratégicos del peridomicilio como son paredes con una fuente de luz cercana (foco), ventanas, bardas de piedra, cercanos a perreras, corrales y gallineros.

Los especímenes se recolectaron sin importar el estadio (adultos o ninfas) o si estaban vivos o muertos. Los especímenes se depositaron en tubos para centrífuga estériles de 50 ml Corning™ Falcon™ con etanol estéril al 70 %. Para evitar la contaminación con DNA entre las muestras en cada tubo se almacenó únicamente un espécimen etiquetandolos con los siguientes datos: nombre del jefe de familia, número de la casa, localidad, municipio, fecha (dd/ mm/ aa), ámbito (peridomicilio o intradomicilio), lugar de recolecta (cama, mueble, baño, ropero, perrera, u otros.), hora, número de ejemplares, estadio (adulto o ninfa) y la técnica empleada en la recolecta (método hora- hombre, manual, trampa o colecta comunitaria).

Las fechas de muestreo se definieron de acuerdo con la dinámica temporal que se observó en el análisis de los datos históricos de registro de los vectores para el estado (Etapa 1). En el caso de las especies que están presentes todo el año, sugerente de su domiciliación se realizaron los muestreos en un mes de la época seca que fue el mes de abril y en un mes de la temporada lluviosa que fue el mes de agosto. Por el contrario, para las especies con comportamientos estacionales (intrusivas) los muestreos se realizaron en las fechas (meses) con el mayor número registros en las bases de datos históricas.

Definición del tamaño de la muestra de los especímenes a recolectar

Se determinó un tamaño de muestra representativo para la colecta en la validación experimental. Esto se realizó considerando el número anual de cada especie de vector, obtenida en los registros

históricos para el estado (Etapa 1). Este cálculo se realizó utilizando una fórmula para poblaciones finitas. La fórmula se muestra a continuación:

$$n = \frac{N \cdot Z^2 \cdot p \cdot q}{d^2 \cdot (N - 1) + Z^2 \cdot p \cdot q}$$

Donde:

n= Tamaño de la muestra.

N= Universo de la población.

Z= Nivel de confianza (1.96 con un nivel de confianza del 95%).

d= Nivel de precisión.

p= Porcentaje de la población que presenta el atributo deseado.

q= Porcentaje de la población que no tiene el atributo deseado.

Evaluación de la concordancia de la clasificación de los modelos de distribución potencial y la validación experimental

La precisión de los modelos obtenidos con MaxEnt respecto a su capacidad de clasificación de sitios potenciales de presencia / ausencia se evaluó mediante una validación cruzada con los datos de la colecta en los muestreos. La evaluación del modelo de clasificación mide la concordancia entre las clasificaciones identificadas (por el modelo) y observadas (colectas). Obteniendo de esta forma cuatro parámetros que son: los verdaderos positivos, falsos positivos, falsos negativos y verdaderos negativos, que se calcularon comparando las clasificaciones del modelo con las observaciones de la validación (Tabla 1). Para evaluar la concordancia se extrajeron los valores entropía de cada especie de los modelos obtenidos con MaxEnt y se clasificaron los sitios potenciales de presencia como aquellas áreas con valores > 0.75 y como sitios potenciales de ausencia las áreas con valores < 0.75, obteniendo de esta forma un mapa binario de presencia y ausencia. A su vez para cada sitio muestrado en la validación experimental se registró la presencia (en donde se colectó la especie) y la no presencia (en donde no se colectó la especie). Con el cruce de esta información se calcularon los parámetros de concordancia y discrepancia explicados en la Tabla 1.

Tabla 1. Tabla de frecuencia, que muestra los parámetros de concordancia y discrepancia utilizados para las métricas para la evaluación del modelo de clasificación.

		Validación experimental		Totales modelo
		Presencia	No presencia	
Mapa binario Presencia/ausencia (MaxEnt)	Presencia	a	b	pm = a + b
	Ausencia	c	d	am = c + d
Totales validación		pv= a + c	npv= b + d	N = a + b + c + d

a= verdaderos positivos; b= falsos positivos; c= falsos negativos; d= verdaderos negativos; pm= sitios clasificados como presencia en el modelo; am= sitios clasificados como ausencia en el modelo; pv= sitios con presencia en la validación; npv= sitios de no presencia en la validación; N=total

Para esto se utilizó el índice Kappa, que permitió evaluar la concordancia entre los resultados del modelo MaxEnt y los datos de presencia/ausencia derivados del trabajo de campo para cada especie. El índice kappa (K) se usa para evaluar la concordancia o reproducibilidad de instrumentos de medida cuyo resultado es categórico (2 o más categorías). El índice kappa representa la proporción de acuerdos observados más allá del azar respecto del máximo acuerdo posible más allá del azar (Abraira, 2000), es decir evalúa la concordancia global explicada por más allá del azar. Se define de la siguiente manera:

$$k = \frac{P_o - P_e}{1 - P_e}$$

Donde P_o es la relación de concordancia observada $(a + d) / N$ y P_e es la concordancia esperada por casualidad, calculada como $P_e = (p_m * p_v + a_m * a_v) / N^2$.

Por lo tanto, un Kappa de 1 indica una concordancia perfecta en los sitios clasificados como ausencia/presencia en el modelo y las observaciones (validación de presencia / ausencia). Por el contrario, un Kappa de 0 sugiere que el acuerdo observado coincide con el acuerdo aleatorio esperado. La métrica Kappa nos permitió obtener medidas cuantitativas de qué tan bien los modelos de distribución con MaxEnt clasificaron los sitios potenciales de presencia / ausencia en comparación con los registros de campo reales de observación de las especies de vectores.

Caracterización de las condiciones sociodemográficas y los factores de riesgo de la población en los sitios potenciales de presencia / ausencia

De igual forma en estos sitios se realizó el levantamiento de información de los aspectos sociodemográficos. Para esto se diseñó un formulario el cual se propuso con base en lo reportado en la literatura sobre factores de riesgo de la población. El formato propuesto incluye información sobre hacinamiento, materiales de la construcción de la vivienda, presencia de animales de compañía y corral, estructura y limpieza de la vivienda (Figura 11).

Hacinamiento

Número de personas que habitan la vivienda

Número de piezas de la vivienda

No. Casa Padre de familia

Materiales de construcción de la vivienda

	Piso						Pared								Techo															
	Concreto	Tierra	Madera	Concreto	Ladrillo	Otro	Concreto	Aplanchado	Tabique o ladrillo	Piedra	Adobe o barro	Palma o Bambú	Madera	Cartón	Metal	Asbesto	Lámina	Otro	Concreto	Tabique o ladrillo	Piedra	Concreto	Adobe o barro	Palma o Bambú	Madera	Cartón	Metal	Asbesto	Lámina	Otro

Sitios

Sitios	Piso						Pared								Techo														
Casa habitación																													
Patio / peridomicilio																													
Anexo (bodega, galera, cobacha)																													

Puertas Si No No. De piezas

Ventanas Si No No. De piezas

Mosquiteros Si No No. De piezas

Estilo de la vivienda

Rústico	Moderno	Mixto	Otro	# de plantas

Presencia de animales

Sitios	Animales y sus espacios							
	Perros	Gatos	Aves	Ganado	Fauna silvestre	Corrales	Madrigueras	Otro
Casa habitación								
Patio / peridomicilio								
Anexo (bodega, galera, cobacha)								

¿Los animales de corral están en encierros?

¿Los animales de compañía están libres?

¿Los perros salen de la casa?

Estructura y limpieza de la vivienda

Estructura y limpieza de la casa habitación

Estructura y limpieza del peridomicilio / anexo

Existen límites entre el intradomicilio y el peridomicilio

Figura 11. Formulario diseñado para el levantamiento de información sobre las características de la vivienda y factores de riesgo de la población en los sitios de validación de presencia y ausencia de vectores.

C) Trabajo de laboratorio

Los especímenes recolectados se trasladaron al laboratorio para determinar la taxonomía a nivel de especie con criterios morfológicos. Posteriormente todos los especímenes se conservaron en refrigeración a 4°C para preservarlos para futuros análisis moleculares.

Identificación taxonómica de las especies de vectores recolectados en la validación experimental

La identificación taxonómica de los especímenes recolectados en la validación experimental se realizó utilizando las claves dicotómicas de Lent y Wygodzinsky, 1979.

D) Integración

Etapas 7

Modelo integral para identificar los sitios de riesgo epidemiológico de la transmisión vectorial de la Enfermedad de Chagas en el ciclo doméstico

Finalmente se realizó la integración de la información obtenida en las fases anteriores que incluye a los vectores, al parásito y a la población humana. Las variables incluidas en el modelo fueron la seroprevalencia en banco de sangre, la diversidad de especies de *Triatoma*, la abundancia de vectores, el porcentaje de vectores intradomiciliados, el porcentaje de vectores infectados con *T. cruzi* y el porcentaje de la población en pobreza extrema. La escala de este análisis espacial fue a nivel municipal.

Se emplearon tres enfoques de integración de variables. El primero fue un abordaje de estadística espacial en el cual se aplicó una Regresión Geográficamente Ponderada (GWR por sus siglas en inglés), que es una forma local de regresión lineal que se utiliza para modelar las relaciones entre variables explicativas y una variable dependiente que varían espacialmente. Como variable dependiente se definió a la seroprevalencia en banco de sangre, ya que es un indicador de la eficiencia de la transmisión de ECh en el estado y como variables explicativas la diversidad de especies de *Triatoma*, la abundancia de vectores, el porcentaje de vectores intradomiciliados, el porcentaje de vectores infectados con *T. cruzi* y el porcentaje de la población en pobreza extrema, realizando este análisis con el software GWR4 4.09. El segundo enfoque fue un modelo de álgebra de mapas que consiste en un conjunto de técnicas y procedimientos que operando sobre una o varias bases de datos (variables) en formato ráster (que usa píxeles como unidad geográfica), permite obtener información derivada en forma de nuevas bases de datos para responder a preguntas concretas de fenómenos multivariados (Olaya, 2014). Para este modelo se asignaron clases de riesgo de transmisión (Tabla 2) a cada una de las variables que se fueron sumando por pares para obtener el mapa final de riesgo, obteniendo estas operaciones con la calculadora ráster del software QGIS 3.34. Y un tercero que fue un modelo ponderado en donde a las variables categorizadas en clases de riesgo (Tabla 2), se les asignaron pesos de importancia: 1) para seroprevalencia en banco de sangre (41% de importancia), 2) para porcentaje de vectores infectados (28%), 3) para porcentaje de población en pobreza extrema (16%), 4) para porcentaje de vectores intradomiciliados (8%), 5) para abundancia de vectores (4%) y 6) para riqueza de especies (3%). Estos pesos se calcularon con el método de comparación por pares de Saaty (Nantes, 2019; Santana y Aguilar, 2020), que utiliza el módulo Weight del software IDRISI Selva 17.0, que se basa en las comparaciones por pares en donde se define el nivel de importancia de un conjunto de variables para una evaluación multicriterio (Eastman, 2012). Una vez ponderadas las variables, éstas se integraron con un enfoque de combinación lineal ponderada, en la cual se realizó la suma de los factores multiplicados por su peso respectivo, realizado con el módulo Weighted overlay de ArcMap™ 10.6. Una vez obtenidos y analizados los modelos de riesgo finales utilizando estos tres abordajes, se decidió reportar solamente el modelo de la GWR. Esto debido a que con este abordaje se obtuvo el resultado más parsimonioso en donde además de determinar las zonas de riesgo también se representan tanto los sitios con vacíos de datos de seroprevalencia en el norte y los

vacíos de presencia de vectores en el sur del estado. Estos resultados reflejaron que el modelo GWR es el más explicativo y robusto de acuerdo con la naturaleza de los datos utilizados para su generación. Por el contrario, con los otros dos enfoques los modelos obtenidos fueron menos discriminatorios para determinar los sitios con vacíos de datos de seroprevalencia y de la presencia del vector.

En la Tabla 2, se explica cada una de las variables incluidas en el modelo y se muestran las categorías de riesgo asignadas para los enfoques de álgebra de mapas y ponderado. De igual manera se exponen los criterios de la categorización, que se propone con base en el conocimiento adquirido en campo y lo revisado en la literatura de los diferentes aspectos considerados en este trabajo como detonadores del riesgo epidemiológico de la transmisión vectorial de la Enfermedad de Chagas en el ciclo doméstico.

Tabla 2. Se muestran las variables incluidas en el modelo y los criterios de categorización de riesgo epidemiológico de transmisión vectorial de la Enfermedad de Chagas.

Riesgo por vectores			
Criterio de categorización del riesgo epidemiológico	Valores de la variable	Categoría de riesgo	Valor
A1: Riqueza de especies de vectores			
El que haya más de una especie de vector en un área, incrementa el riesgo epidemiológico, ya que el nivel de exposición a una picadura es mayor. Por lo tanto, a mayor número de especies que haya en un sitio mayor será el riesgo de transmisión de la Enfermedad de Chagas.	Sin especies de vectores	Sin riesgo	0
	1	Bajo	1
	2	Moderado	2
	3 – 4	Alto	3
	5 o más	Muy alto	4
A2: Abundancia de vectores			
Que exista una población mayor de vectores en un sitio incrementa el riesgo epidemiológico, ya que aumenta el contacto del hombre con los vectores y por lo tanto el riesgo de transmisión de la Enfermedad de Chagas. Por lo que a mayor número de especímenes en un sitio mayor será el riesgo.	Sin especímenes (vectores)	Sin riesgo	0
	1 – 50	Bajo	1
	51 – 100	Moderado	2
	101 – 1000	Alto	3
	1001 o más	Muy alto	4
A3: Porcentaje de vectores intradomiciliados			
Los vectores intradomiciliados (dentro de la vivienda) representan una amenaza mayor para la población ya que se encuentran en contacto directo con el hombre. Esto se debe a que generalmente se refugian en sitios como la cama, la ropa, las paredes de las habitaciones, en baños, concinas, entre otros. Por lo que, en las áreas en donde haya más insectos vectores domiciliados implicará un mayor nivel de riesgo de transmisión.	Sin vectores intradomiciliados	Sin riesgo	0
	1 - 10%	Bajo	1
	11 – 40%	Moderado	2
	41 – 75%	Alto	3
	76% o más	Muy alto	4
Riesgo por tasas de infección con <i>T. cruzi</i> en vectores (PARÁSITO).			
B: Porcentaje de vectores infectados con <i>T. cruzi</i>			
Una de las piezas fundamentales de la triada de la ECh (vector – parásito – humano) es el parásito, ya que es el agente causal de la enfermedad. Por lo que las poblaciones de vectores infectados son las que pueden brindarnos más información sobre el nivel de riesgo ya que éstas son las que transmitirán al parásito durante su alimentación. Por lo tanto, se considera que al incrementar las tasas de infección (porcentaje de insectos infectados) en las poblaciones de vectores el nivel de riesgo será mayor. No obstante, en el caso de las zonas en donde haya vectores no infectados se consideran con valor bajo, ya que	Sin vectores	Sin riesgo	0
	Vectores sin infección	Bajo	1
	0.1– 10% de infección en vectores	Moderado	2

también representan un riesgo. Esto principalmente porque si la detección del parásito no se hace con técnicas moleculares puede haber un gran porcentaje de falsos negativos, como se ha reportado en la literatura.	10 – 30% de infección en vectores	Alto	3
	30% o más de infección en vectores	Muy alto	4
Riesgo por perfil sociodemográfico			
C: Porcentaje de Población en pobreza extrema			
De acuerdo con la literatura sobre factores de riesgo de la ECh, se ha visto que las condiciones sociodemográficas adversas están estrechamente relacionadas con esta enfermedad. Con base en esto uno de índices que reflejan estas condiciones en la población son los índices de pobreza. La población en pobreza extrema es aquella que tiene tres o más carencias sociales, de seis posibles, dentro del Índice de Privación Social y un ingreso menor a la línea de bienestar mínimo. Indicadores del bienestar económico: 1) línea de bienestar, definida como el valor monetario de una canasta de alimentos, bienes y servicios básicos y 2) línea de bienestar mínimo, que representa el valor monetario de la canasta alimentaria. Los Indicadores de carencia social: 1) rezago educativo; 2) acceso a los servicios de salud; 3) acceso a la seguridad social; 4) calidad y espacios de la vivienda 5) acceso a los servicios básicos de la vivienda, y 6) acceso a la alimentación. Por lo tanto, a partir de esto se establecieron niveles de riesgo, en donde los municipios con menor porcentaje de población en pobreza extrema tienen menor riesgo epidemiológico y conforme incrementa también incrementa el riesgo, ya que se consideran con mayor vulnerabilidad.	Sin población	Sin riesgo	0
	0.1 – 20% de población en pobreza extrema	Bajo	1
	20 – 35% de población en pobreza extrema	Moderado	2
	35 – 50% de población en pobreza extrema	Alto	3
	50% o más de infección en vectores	Muy alto	4
Riesgo por la población humana infectada.			
D: Casos seropositivos en banco de sangre.			
La población humana infectada es un indicador de la transmisión activa de la enfermedad. Además, si esta población está en lugares con poblaciones de vectores se incrementa el riesgo de transmisión por la vía vectorial. Por lo que se considera que al incrementar las tasas de la población humana infectada en algún sitio el riesgo en la transmisión será mayor. En este caso también se incluye a la población humana no infectada, debido a la problemática que existe en el diagnóstico de la Enfermedad de Chagas con las pruebas serológicas, derivado de la heterogeneidad genética del parásito, que puede traer consigo un porcentaje importante de falsos negativos.	Sin población	Sin riesgo	0
	Población humana sin infección	Bajo	1
	1 – 30% de infección en población humana	Moderado	2
	31 – 50% de infección en población humana	Alto	3
	51% o más de infección en población humana	Muy alto	4

Regresión Geográficamente Ponderada para la obtención del modelo de riesgo epidemiológico de la transmisión vectorial de la enfermedad de Chagas

La GWR es una forma local de regresión lineal que se utiliza para modelar las relaciones que varían a través del espacio; considerando variables dependientes (Y) y explicativas (X), que permite modelar la variación espacial de las variables explicativas, bajo el siguiente modelo: $Y = \beta_0 + \beta_1X_1 + \beta_2X_2 + \dots + \beta_nX_n + \epsilon$. Donde: β : coeficientes que expresan cuanto aporta cada variable explicativa (X); ϵ : error residual (Fotheringham et al., 2002). La GWR se corrió utilizando un método gaussiano que aplica cuando la variable dependiente puede tomar un amplio rango de valores continuos. Este modelo, además, permite evaluar si los coeficientes de regresión varían espacialmente, es decir,

que tomando como base la localización de los valores de las variables, su impacto puede ser diferente sobre la variable dependiente. El ancho de banda se calculó con el método de kernel adaptativo, en el que se ajusta el ancho de banda dependiendo de la cantidad de localizaciones en el área de interés. Finalmente, el modelo que se eligió fue el que tuvo el valor criterio de información de Akaike (AICc) más bajo que fue de 973.69 con una R2 ajustada de 0.64. Este modelo fue un modelo GWR local con cinco variables explicativas asociadas al vector, al parásito y la población humana, y como variable dependiente los casos seropositivos (Figura 10). Finalmente, este mapa a nivel municipal se incluyó en el mapa final del riesgo de transmisión vectorial doméstico de la enfermedad de Chagas para el estado de Hidalgo. En el cual se adicionó la información obtenida a nivel local durante el trabajo de campo, como fueron los registros de campo de las especies de vectores y las condiciones de viviendas, resaltando los principales factores de riesgo que se documentaron a nivel local durante el trabajo de campo en la fase de la validación experimental (Figura 12 y Tabla 3).

Tabla 3. Tabla 3. Se muestran los factores de riesgo documentados en la validación experimental, incluidos en el mapa de riesgo.

Factores de riesgo identificados a nivel local	
Tipo de piso	Esta clasificación se propone con base en los datos de la literatura y la experiencia adquirida en campo, en donde se ha visto que hay una mayor presencia de vectores en viviendas con piso de tierra y en menor proporción en casas con pisos de concreto.
Tipo de paredes	Al igual que la variable anterior se propone con base en los datos de la literatura y la experiencia adquirida en campo, en donde se ha visto que hay una mayor presencia de vectores en viviendas con paredes que presentan grietas o que no están repelladas, así como casas hechas de adobe / barro, y / o bambú. En contraste se han encontrado a los vectores en menor proporción en las casas que tiene paredes repelladas o de concreto.
Tipo de techo	De acuerdo con la literatura y la experiencia adquirida en campo, se ha observado que hay una mayor presencia de vectores en viviendas con techos que presentan grietas, o con materiales como lámina, cartón, tabique o ladrillos (no repellados), de barro, palma o bambú. En contraste se han encontrado a los vectores en menor proporción en las casas que tiene techos de concreto.
Presencia de mosquiteros	De manera particular la presencia de mosquiteros es un elemento de alta eficiencia en el ingreso de los vectores a la vivienda. Se ha demostrado experimentalmente que la instalación de los mosquiteros disminuye las tasas de infestación de vectores. Por lo que se considera que al no existir estas barreras el riesgo es mayor para la población, y que disminuye al aumentar el número de piezas que tengan estas protecciones.
Presencia de ventanas	Las ventanas son otro tipo de barrera física que impide o dificulta el ingreso de los vectores a las viviendas. Por lo que se considera que al no existir ventanas el riesgo es mayor para la población, y que disminuye al aumentar el número de piezas que tengan estas protecciones.
Presencia de animales domésticos	En el caso de los animales domésticos (mascotas y de corral), se ha observado que estos reservorios pueden ser una barrera biológica para la transmisión del parásito al humano, debido a que los insectos vectores obtienen el alimento que necesitan en ellos, sin necesidad de desplazarse hasta la vivienda humana, ya que además estos animales suelen estar en encierros lo que los limitan a moverse para evitar la picadura por parte de los vectores, en este sentido, en este caso se considera que mientras más animales haya en un sitio el riesgo de transmisión será menor.

Regresión Geográficamente Ponderada (GWR)

$$\text{Casos seropositivos} = \beta_0 + \beta A1 + \beta A2 + \beta A3 + \beta B + \beta C + \epsilon.$$

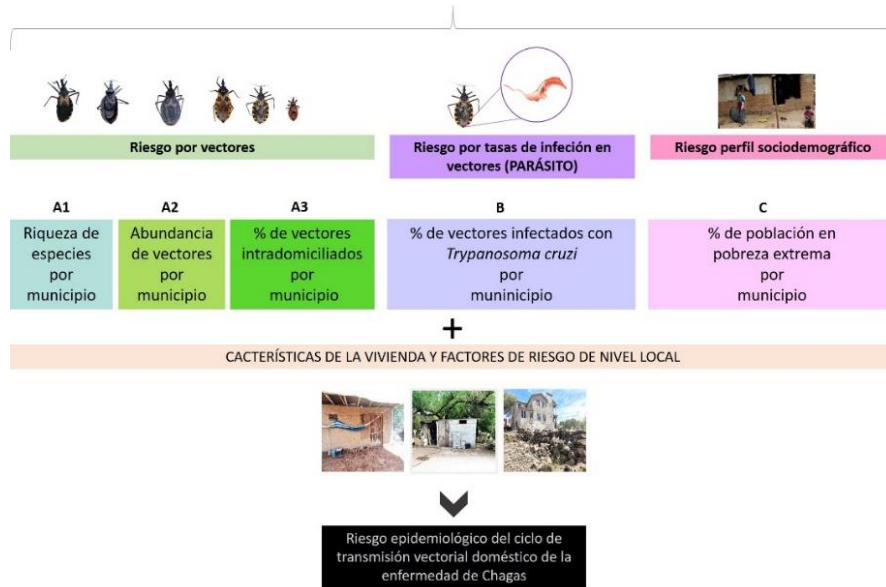


Figura 12. Esquema de la integración del modelo espacial de riesgo ecoepidemiológico de la transmisión vectorial de la Enfermedad de Chagas.

Resultados

El análisis retrospectivo de la distribución histórica de las especies de triatominos presentes en el ciclo doméstico en el estado de Hidalgo arrojó un total de 22 años de registros, con reportes de marzo de 1997 a diciembre de 2019. De manera inicial en las bases de datos se obtuvo un total de 4,747 registros de triatominos. Sin embargo, después de realizar la curación de estos registros únicamente 3,945 registros cumplieron con la información establecida en materiales y métodos. A su vez estos registros corresponden a un total de 4,739 especímenes reportados en estas bases de datos. De este total de especímenes el 73.65% corresponden a adultos (1,359 machos y 1,147 hembras) y únicamente el 26.35% (1,284) corresponden a especímenes de algún estadio ninfal (de estos 1,249 fueron clasificados como *Triatoma* sp, ya que no se pudieron determinar hasta nivel de especie). Los especímenes pertenecen a siete especies de vectores de la ECh. Cuatro de estas especies han sido reportadas previamente en el estado y son las más abundantes y frecuentes, siendo *T. dimidiata* la más predominante con 1,975 especímenes (41.68%), seguida de *T. mexicana* con 1106 (23.34%), *T. gerstaeckeri* con 344 (7.26%) y la menos frecuente *T. barberi* con 62 especímenes (1.31%). Además de los registros de estas especies se reportamos por primera vez la presencia de tres especies de triatominos en el estado, que son *T. nitida* (Usinger, 1939), *T. pallidipennis* (Stål, 1872) y *T. phyllosoma* (Burmeister, 1835), con un solo espécimen cada una.

La distribución de los triatominos a lo largo de los 22 años documentados en las bases de datos fue amplia. Se reportó la presencia de los vectores en el 47% de los municipios del estado de Hidalgo (40 de 84). Esta presencia se observó mayoritariamente en la zona norte del estado, en donde se

tiene implementado el programa de vectores de Chagas en el estado. En este sentido algo que es muy notorio es que el sur del estado tiene muy pocos registros de triatominos, por lo que se requieren búsquedas más homogéneas y sistematizadas en el estado, para saber si la distribución encontrada en este análisis refleja la presencia real de estas especies de vectores. Algo que se observó entre las especies predominantes (*T. dimidiata*, *T. mexicana*, *T. gerstaeckeri* y *T. barberi*) fue que cada una de ellas mostraron un patrón de distribución espacial específico y diferencial entre ellas (Figura 13 A - D).

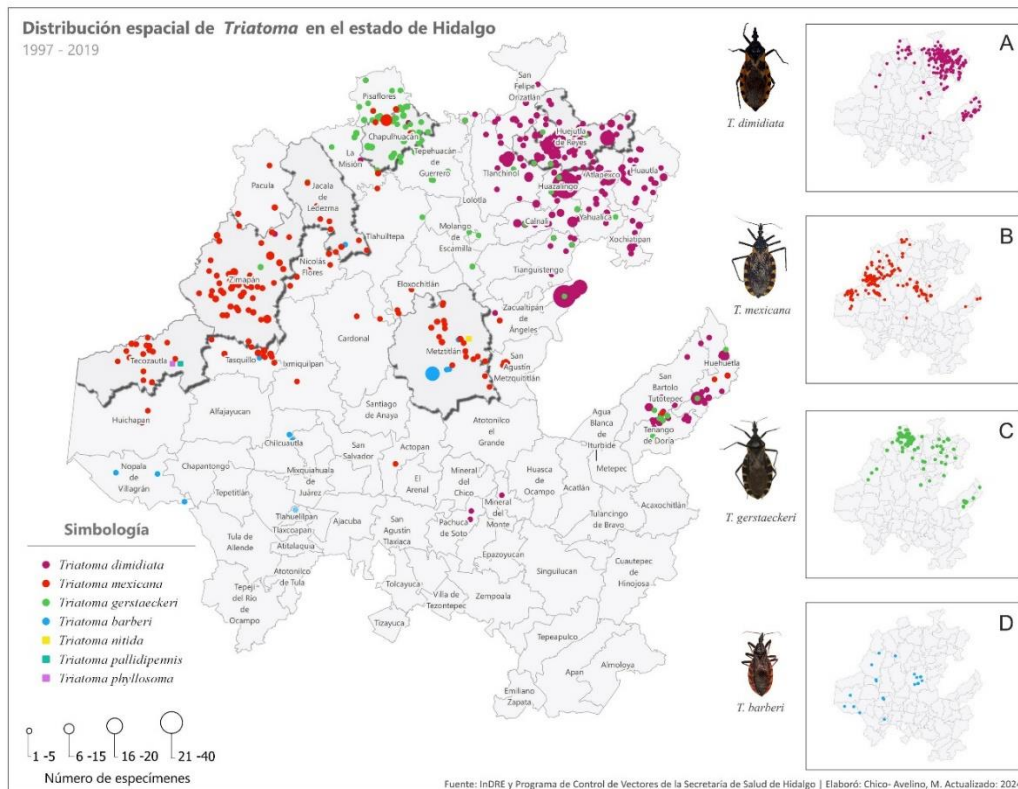


Figura 13. Mapa de la distribución de triatomos en el estado de Hidalgo. La presencia de las especies se representa para *T. dimidiata* (fiusha), *T. mexicana* (naranja), *T. gerstaeckeri* (verde), *T. barberi* (azul), *T. nitida* (amarillo), *T. pallidipennis* (turquesa) y *T. phyllosoma* (lila). La distribución para cada una de las especies más predominantes se muestra para *T. dimidiata* (A), *T. mexicana* (B), *T. gerstaeckeri* (C) y *T. barberi* (D). El tamaño de los símbolos representa el número de ejemplares por localidad. Los municipios en relieve son los que mostraron mayor riqueza de especies y en donde se reportan las especies nuevas para el estado.

De manera particular *T. dimidiata* y *T. gerstaeckeri* mostraron una distribución concentrada en la zona norte y noreste del estado (Figura 13 A y C). Por su parte, *T. mexicana* tiene una presencia más marcada en la zona central, norte y noroeste del estado (Figura 13 B). En el caso de *T. barberi* tuvo una distribución mayormente en la zona centro y algunos registros de presencia en el oeste y en el sur del estado (Figura 13 D). Las nuevas especies reportadas para el estado se localizaron en el municipio de Meztitlán (*T. nitida*) y Tecozautla (*T. phyllosoma* y *T. pallidipennis*) (Figura 13). En el caso de estas especies, debido a que tuvieron solo un registro, llama la atención, por lo que se considera que será necesario realizar trabajos de campo más específicos para determinar si su presencia fue dada por transporte pasivo o si están bien establecidas en estos sitios. Los municipios que tuvieron el mayor número de especímenes reportados fueron para *T. dimidiata* con 904

registros el municipio de Huejutla de Reyes, Zimapán para *T. mexicana* con 649 registros, en el caso de *T. gerstaeckeri* fue el municipio de Chapulhuacán el que tuvo el mayor número de registros con 154 especímenes y para *T. barberi* el municipio de Metztlán fue el de mayor número de especímenes registrados con un total de 44 especímenes (Figura 13). Otro aspecto que se identificó fue que algunos municipios tuvieron una alta diversidad de especies. Como se puede ver en el mapa de la distribución de *Triatoma*, el municipio de Metztlán tuvo el mayor número de especies reportadas (5 de 7) estando presente *T. dimidiata*, *T. mexicana*, *T. gerstaeckeri*, *T. barberi* y *T. nitida*. Otros municipios importantes a este respecto fueron Jacala de Ledezma y Zimapán, en donde se reportaron cuatro (de las 7) especies, que fueron *T. dimidiata*, *T. mexicana*, *T. gerstaeckeri* y *T. barberi* (Figura 13).

Esta amplia distribución de las especies de vectores de la ECh en el estado de Hidalgo a lo largo de 22 años nos sugiere que las condiciones ambientales son favorables para la presencia y la supervivencia de las poblaciones de estos vectores en el estado. Es decir, como para la mayoría de las especies, se espera que la distribución de los triatomos este definida por gradientes ambientales derivados de las condiciones geofísicas en las zonas endémicas. Por lo que se analizó la distribución y la densidad de las especies a partir de regiones geoculturales. Estas regiones están delimitadas por sus similitudes y diferencias en características geofísicas como son el relieve, la altitud, el clima predominante y por condiciones socioculturales. En este análisis se encontró que las cuatro especies predominantes tienen patrones de distribución diferentes entre ellas (Figura 14).

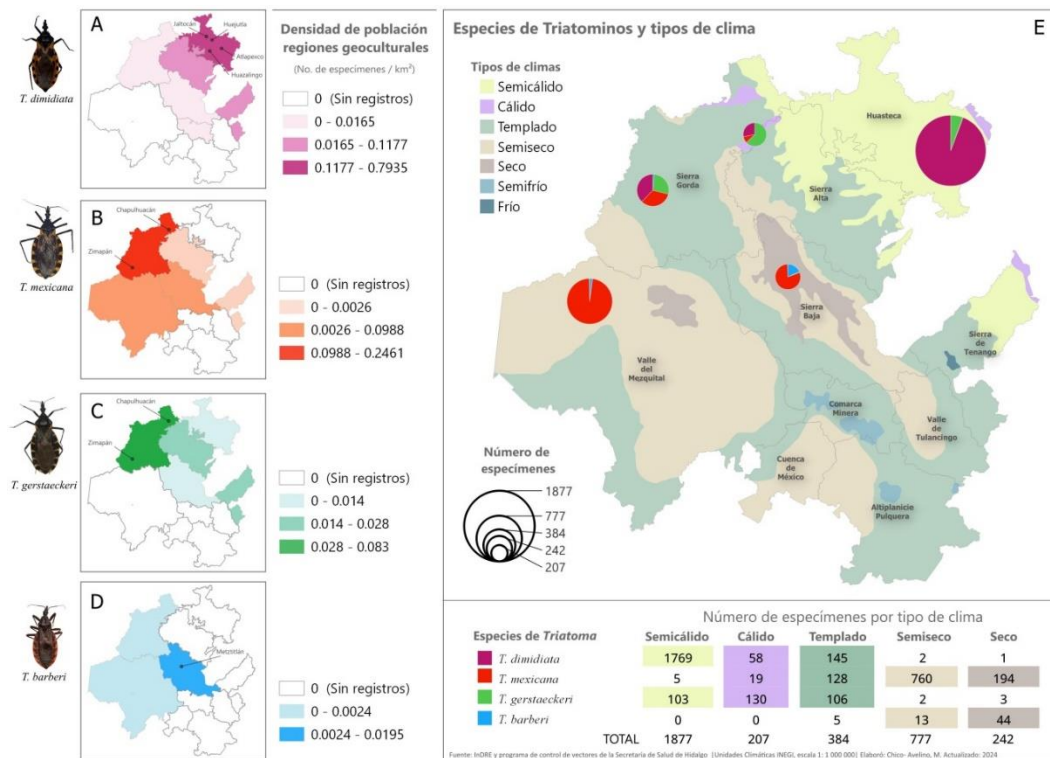


Figura 14. Densidad de triatomos por regiones geoculturales y especímenes por tipo de clima en el estado de Hidalgo. Densidad poblacional de *T. dimidiata* (A), *T. mexicana* (B), *T. gerstaeckeri* (C) y *T. barberi* (D). Las intensidades de color representan las diferentes densidades, expresadas en número de especímenes/km². (E) Climas: semicálido (amarillo), cálido (lila), templado (verde grisáceo), semiseco (arena), seco (café claro), semifrío (azul grisáceo) y frío (azul). El tamaño de los círculos representa el número total de

especímenes por cada tipo de clima. Los gráficos representan la proporción de presencia de las especies en cada clima, *T. dimidiata* (rosa), *T. mexicana* (naranja), *T. gerstaeckeri* (verde) y *T. barberi* (azul).

En el caso de *T. dimidiata* se distribuye en seis (de 10) regiones geoculturales, sin embargo, como se ve el mapa de la Figura 14, su presencia incrementa en la zona norte y noreste del estado, principalmente en la región de la Huasteca (Figura 14 A) y en el clima semicálido (Figura 14 E). En esta región se encuentran los municipios de Jaltocán, Huejutla, Atlapexco y Hualizingo en donde esta especie está ampliamente distribuida (Figuras 13 y 14 A). Por su parte *T. mexicana* y *T. gerstaeckeri* se distribuyen en 5 regiones geoculturales, aumentando su presencia en la región de la Sierra Gorda (Figura 14 B y C). En donde se encuentran los municipios de Chapulhuacán y Zimapán en donde estas especies tuvieron una importante distribución (Figuras 13 y 14 B y C). En cuanto al clima en el que se observó que incrementa la presencia de estas especies, de manera general incrementa su presencia en climas similares como son el clima templado y cálido (Figura 14 E), sin embargo, también se observaron algunas diferencias. En el caso de *T. mexicana* es la especie que estuvo más homogéneamente presente en una mayor variedad de climas (semihúmedo, árido, templado y cálido), sugiriendo que tiene plasticidad en su adaptación climática. Esta especie está presente en el Valle del Mezquital y en la Sierra Gorda, y se encontró ausente en la región de la Huasteca (Figura 14 B y E). Por otro lado, *T. gerstaeckeri* tuvo una mayor presencia en el clima cálido presente en la Sierra Gorda, en la Sierra Alta y en la Sierra de Tenango que tienen condiciones climáticas similares a las de la Huasteca (donde también está presente), y a diferencia de *T. mexicana*, *T. gerstaeckeri* no tuvo registros en el Valle del Mezquital (Figura 14 C y E). En el caso particular de *T. barberi* se concentra en las zonas central y oeste del estado, estando presente en tres regiones geoculturales. La densidad de esta especie se incrementó en la región de la Sierra Baja, principalmente en el municipio de Metztlán (Figura 14 D), que fue un municipio que mostró la mayor presencia de esta especie (Figura 14 D). Tal como se puede ver en el mapa de la Figura 14 E, *T. barberi* mostró una mayor presencia en los climas seco y semiseco. Algo relevante de esta especie es que mostró una distribución más restringida en comparación con el resto de las especies predominantes, además que es la especie que tuvo la distribución más sureña en el estado de Hidalgo.

Para analizar si la presencia de las especies de vectores en los diferentes tipos de climas corresponde a una correlación espacial, se corrió un índice de Morán local bivariado, evaluando la distribución espacial (mediante el número de especímenes) con los tipos de clima, la temperatura y la precipitación. Se encontró que existe una correlación espacial estadísticamente significativa entre la distribución de las especies y los climas, la temperatura y la precipitación. Para *T. dimidiata* se observó una asociación positiva con los tipos de clima (IM: 0.18; valor $p \leq 0.05$), la temperatura media anual (MI: 0.29; valor $p \leq 0.05$) y precipitación anual (IM: 0.30; valor $p \leq 0.05$) (Figura 15 A-C). De igual manera, *T. mexicana* tuvo una correlación espacial significativa con los tipos de clima (IM: 0.21; valor $p \leq 0.05$), la temperatura media anual (IM: 0.27; valor $p \leq 0.05$) y la precipitación anual (IM: 0.17; valor $p \leq 0.05$) (Figura 15 D - F). *T. gerstaeckeri* también mostró una asociación espacial directa con los tipos de clima (MI: 0.19; valor $p \leq 0.05$), la temperatura media anual (MI: 0.16; valor $p \leq 0.05$) y la precipitación anual (MI: 0.13; valor $p \leq 0.05$) (Figura 15 G - I). En el caso de *T. barberi*, si bien los valores de asociación fueron bajos (posiblemente debido al bajo número de

especímenes) fueron significativos con los tipos de clima (MI: 0.10; valor $p \leq 0.05$), temperatura media anual (MI: 0.08; valor $p \leq 0.05$) y precipitación anual (MI: 0.065; valor de $p \leq 0.05$) (Figura 15 J - L). Por lo tanto, estos resultados mostraron que el clima, la temperatura y la precipitación son algunos de los componentes del medio físico que moldean el patrón de distribución de las especies de triatomos en el estado de Hidalgo.

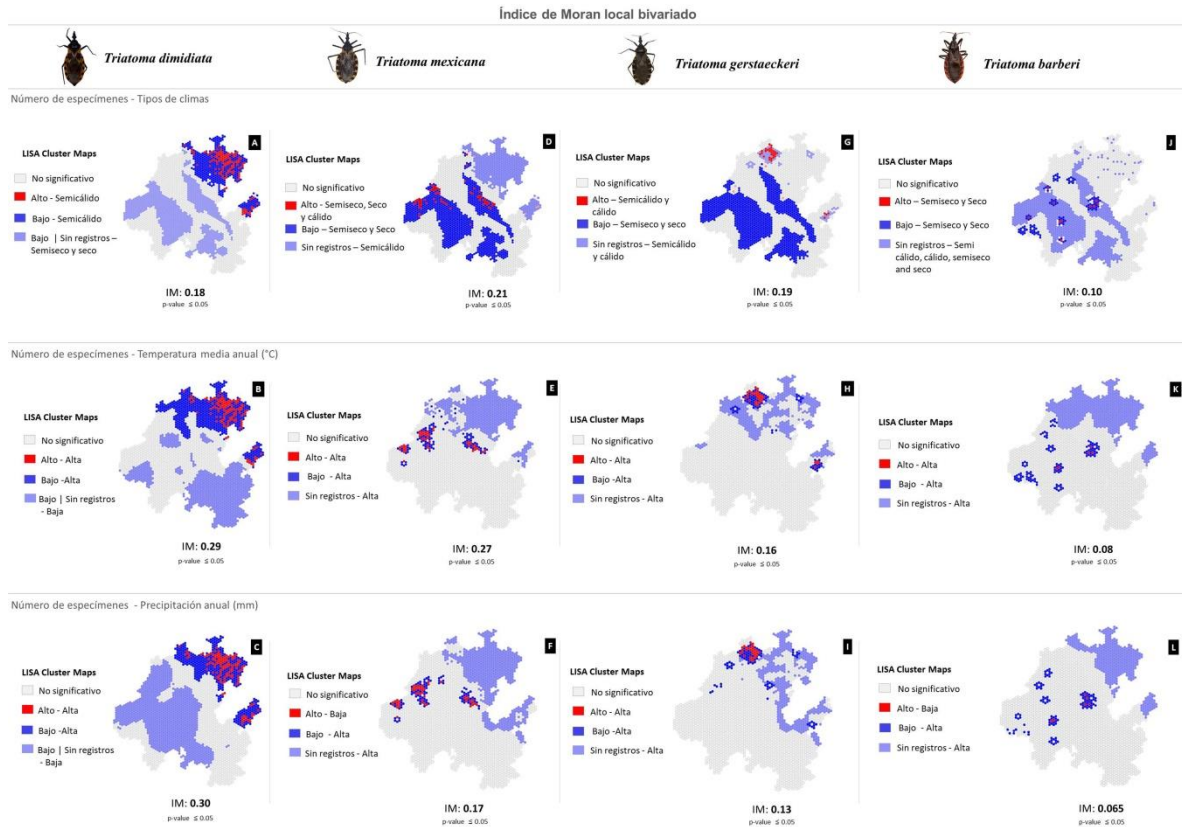


Figura 15. Mapas del Índice de Moran local bivariado entre: *T. dimidiata* y: A) Tipos de clima, B) Temperatura media anual, C) Precipitación anual. Entre *T. mexicana* y: D) Tipos de clima, E) Temperatura media anual, F) Precipitación anual. Entre *T. gerstaeckeri* y: G) Tipos de clima, H) Temperatura media anual, I) Precipitación anual. Entre *T. barberi* y: J) Tipos de clima, K) temperatura media anual, L) Precipitación anual.

De manera específica se observó que la relación positiva (mayor número de especímenes) entre *T. dimidiata* y los climas, la temperatura y la precipitación, se localiza en la zona este y noreste (correspondiente a los límites de la Huasteca y la Sierra de Tenango). Esta asociación se dio con el clima semicálido (Figura 15 A), con temperatura alta (Figura 15 B) y con precipitación alta (Figura 15 C). En contraste *T. mexicana* muestra una relación positiva con los climas semiseco, seco y cálido, concentrándose en la zona centro (Sierra Baja) y oeste (norte del Valle del Mezquital y sur de la Sierra Gorda) (Figura 15 D). También *T. mexicana* se encontró asociada con temperaturas altas (Figura 15 E), sin embargo, el número de especímenes disminuye al incrementar la precipitación (Figura 15 F). Estas mismas asociaciones con los climas semiseco y seco, temperaturas altas y precipitaciones bajas se observaron para *T. barberi* (Figura 15 J, K y L) localizadas en áreas restringidas en las zonas centro (Sierra Baja) y oeste (Valle del Mezquital). Por su parte *T. gerstaeckeri* mostró una asociación con los climas semicálido y cálido (Figura 15 G), y con

temperaturas y precipitaciones altas (Figura 15 H e I), que de manera particular se localizan en las zonas más al norte (norte de la Sierra Gorda) y en zonas muy pequeñas al este (Sierra de Tenango). Por lo que, de manera general, estos resultados sugieren que la presencia de *T. dimidiata* incrementa en zonas con alta humedad, que es característica de territorios con altas temperaturas y precipitaciones, como es el clima semicálido. *T. mexicana* y *T. barberi* guardan una asociación espacial con las zonas áridas con altas temperaturas y pocas lluvias (climas semiseco y seco) y *T. gerstaeckeri*, tiene una asociación con áreas de humedad alta, pero en climas cálido y semicálido, sugiriendo que su presencia se encuentra asociada en zonas de transición climática.

Variaciones temporales de los triatomínos reportados en las bases de datos históricas en el estado de Hidalgo

Además de tener una amplia distribución en el estado, de acuerdo con las bases de datos los vectores de la ECh están presentes a lo largo del año, sin embargo, se observaron fluctuaciones en los diferentes meses. De manera general se identificaron dos picos de poblaciones en los últimos meses de la época seca e inicio de la época lluviosa y otro hacía el final de la época lluviosa (septiembre). La mayoría de los especímenes fueron reportados durante los meses de abril (623), mayo (951) y junio (604). En contraste el mes de diciembre muestra la cantidad más baja con 127 especímenes reportados (Figura 16). Es importante mencionar que esta tendencia se observa a pesar de que de acuerdo con el Programa de Control de Vectores del estado de Hidalgo se emplea el mismo esfuerzo de colecta durante todo el año. Como se puede ver en la Figura 16, estas variaciones temporales de los vectores se asemejan a la dinámica temporal de la temperatura media, la precipitación y la evaporación en el estado. En el caso de los meses de abril, mayo y junio tienen las mayores temperaturas (18.05 °C, 18.96 °C y 18.7 °C, respectivamente). Sin embargo, para los meses de abril y mayo (época seca), la precipitación es menor (44.67 y 66.03 mm/ anuales, respectivamente) con respecto al mes de junio (137.81 mm/anuales) que marca el inicio de la época lluviosa. Además, que se observa que la dinámica de la evaporación se invierte siendo mayor en los meses de abril y mayo (155.68 y 159.16 mm/anuales, respectivamente) en comparación con el mes de junio (136.69 mm/ anuales) (Figura 16), lo que indica que en el mes de junio hay un mayor equilibrio entre la temperatura y la precipitación y por lo tanto habrá más humedad en el ambiente. Por otro lado, durante los otros meses de la época lluviosa (julio a octubre) se observan dinámicas entre los elementos de clima muy homogéneas, a excepción del mes de septiembre que muestra la mayor precipitación (187.24 mm/ anuales) en el año y por lo tanto una mayor humedad, coincidiendo esto con un ligero aumento en el número de especímenes reportado en ese mes (Figura 16). Por el contrario, durante los meses de enero y diciembre que tuvieron las temperaturas más bajas (12.92°C y 13.41 °C, respectivamente) y precipitaciones bajas (27.95 y 25.22 mm / anuales, respectivamente), tuvieron las poblaciones más bajas de vectores (Figura 16). Con estos datos se podría decir de manera general que la presencia de los vectores incrementa justo antes del cambio de la época seca a la época lluviosa (abril y mayo) y que sus poblaciones disminuyen en los meses secos y fríos (enero y diciembre).

Dinámica de los elementos del clima y de vectores a lo largo del año en el estado de Hidalgo

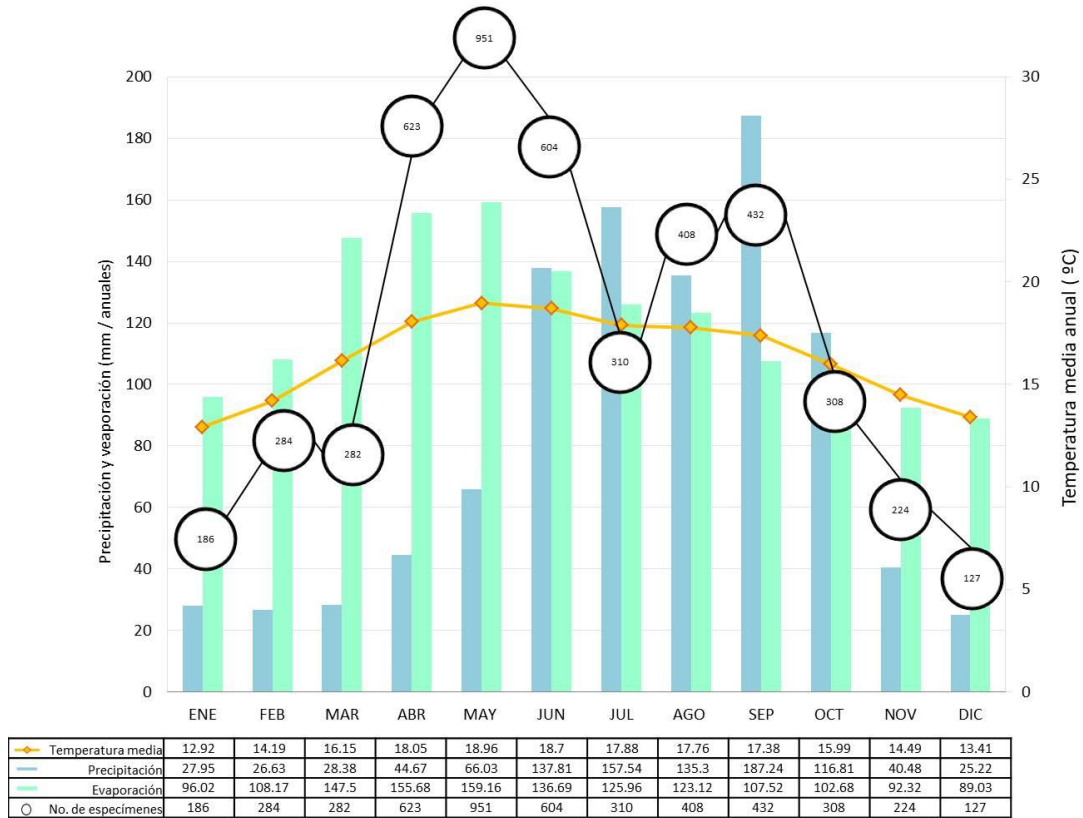


Figura 16. Dinámica temporal de los elementos del clima y los patrones temporales de los vectores en el estado de Hidalgo. La línea amarilla representa los valores de temperatura media anual. Las barras representan los valores de precipitación (azul) y evaporación (agua marina). Los círculos representan el número de especímenes reportados para cada uno de los meses. Los valores de los elementos del clima (temperatura, precipitación y evaporación) se obtuvieron del cálculo del promedio de los datos del periodo 1981 – 2010 de diez estaciones meteorológicas presentes en el estado de Hidalgo. La fuente de estos datos fueron las normales climatológicas del Servicios Meteorológico Nacional.

Debido a las diferencias observadas en los patrones de distribución y en las asociaciones con las características climáticas entre las especies, se esperaba que la temporalidad también fuera diferente entre ellas. Por lo que se analizó la estacionalidad para cada una de las cuatro especies dominantes por separado. En primer lugar, se encontró que *T. mexicana* y *T. gerstaeckeri* son estacionales en el estado, incrementando sus poblaciones en el mes de mayo con 486 y 200 especímenes reportados respectivamente (Figura 17 A y C). Coincidiendo con el primer pico poblacional observado en el análisis temporal general, que se dio en los últimos meses (abril y mayo) de la época seca (Figura 16). De manera interesante se encontró que *T. dimidiata* está presente durante todo el año con poblaciones relativamente constantes; sin embargo, es en la época lluviosa cuando sus poblaciones incrementan, principalmente en los meses de junio, septiembre y octubre todos ellos con 239 especímenes, seguidos de julio y agosto con 162 y 175 especímenes, respectivamente (Figura 17 B). Correspondiendo al segundo pico poblacional observado en los meses de mayor humedad (época lluviosa), que tienen las mayores precipitaciones y evaporaciones en el año (Figura 16). En el caso particular de *T. baberi*, si bien se observó un ligero aumento poblacional en el mes de septiembre con 26 especímenes reportados, se considera que el bajo

número de reportes no es suficiente para poder concluir si es una especie con estacionalidad o no en el estado de Hidalgo (Figura 15 D).

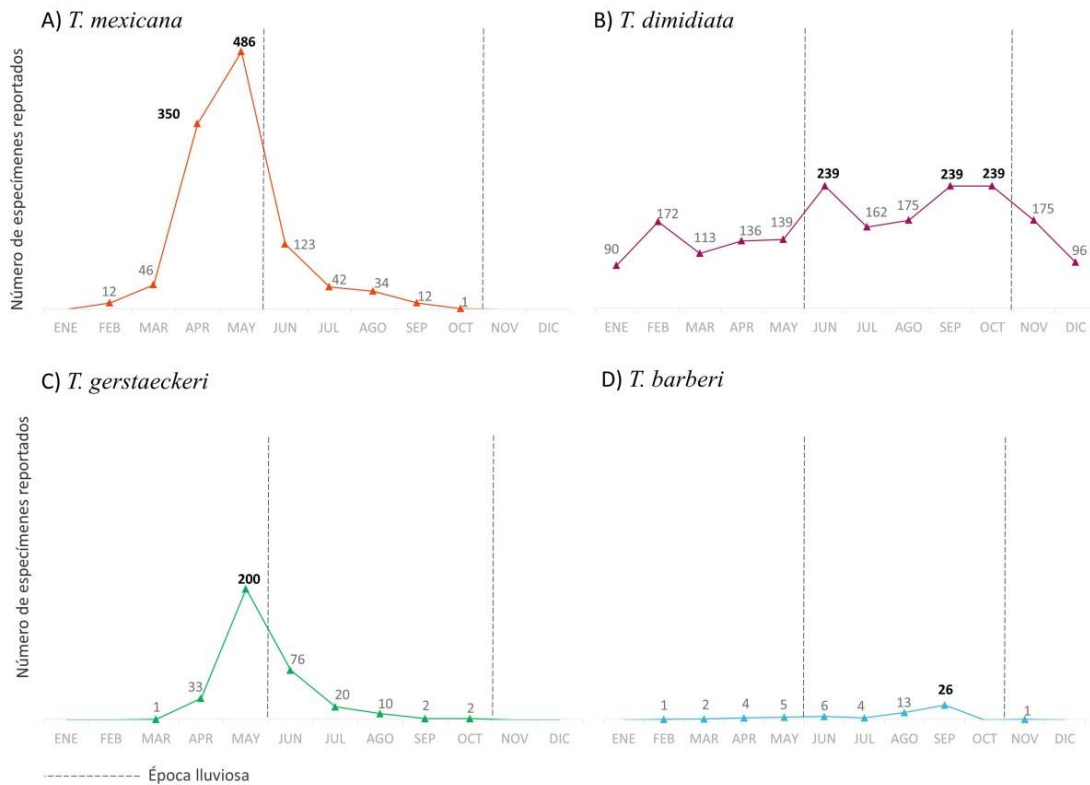


Figura 17. Dinámica temporal de las cuatro especies dominantes en el estado de Hidalgo. Se representa el número de especímenes reportados por meses en las bases de datos del periodo 1997 a 2019 para *T. mexicana* (A), *T. dimidiata* (B), *T. gerstaeckeri* (C) y *T. barberi* (D). Para cada mes se indica el número de especímenes y los meses con la fuente en negrita indica los meses con mayor número de reportes. La línea punteada representa la época lluviosa.

Con la finalidad de conocer si los resultados de la temporalidad podrían estar asociados con algún aspecto ecológico o de comportamiento que nos ayudara al entendimiento de la dinámica temporal observada en las especies de vectores, se analizó la estructura poblacional de ellas a lo largo del año. En este análisis se encontraron tendencias similares para las especies *T. mexicana* y *T. gerstaeckeri* que mostraron un comportamiento estacional. En la Figura 18 (A y C) se puede ver que es muy marcado el incremento de los adultos al final de la época seca. En el caso de *T. mexicana* es en el mes de abril (303 especímenes) y mayo (244 especímenes) cuando se observan mayor número de machos. Por su parte las hembras incrementan notablemente en el mes de mayo (82 especímenes) (Figura 18 A). De igual manera *T. gerstaeckeri* tuvo un incremento de hembras y machos en el mes de mayo (135 y 58 especímenes respectivamente) (Figura 18 C). Para ambas especies se puede observar que los adultos (hembras y machos) disminuyen al inicio de la época lluviosa (junio) y de forma interesante en ese momento las ninfas incrementan su presencia en las viviendas (Figura 18 A y C). En contraste *T. dimidiata* no mostró estacionalidad y la presencia de adultos y ninfas se mantuvo durante todo el año, aunque se vuelve a observar que sí hay un incremento en su población (hembras, machos y ninfas) durante la época lluviosa (Figura 18 B). Por su parte *T. barberi*, como ya se mencionó dado el bajo número de especímenes registrados es difícil

poder conocer su dinámica poblacional a lo largo del año (Figura 18 D). Por lo que de manera general se puede decir que *T. mexicana* y *T. gerstaeckeri* tienen una dinámica estacional que podría ser indicador de un comportamiento visitante en el ámbito doméstico. Por su parte *T. dimidiata*, está domiciliada, debido a que se encuentra presente de manera relativamente constante a lo largo de los meses del año en los 22 años de registros. Mientras que en el caso *T. barberi*, el número de registros no nos permite dilucidar su dinámica poblacional.

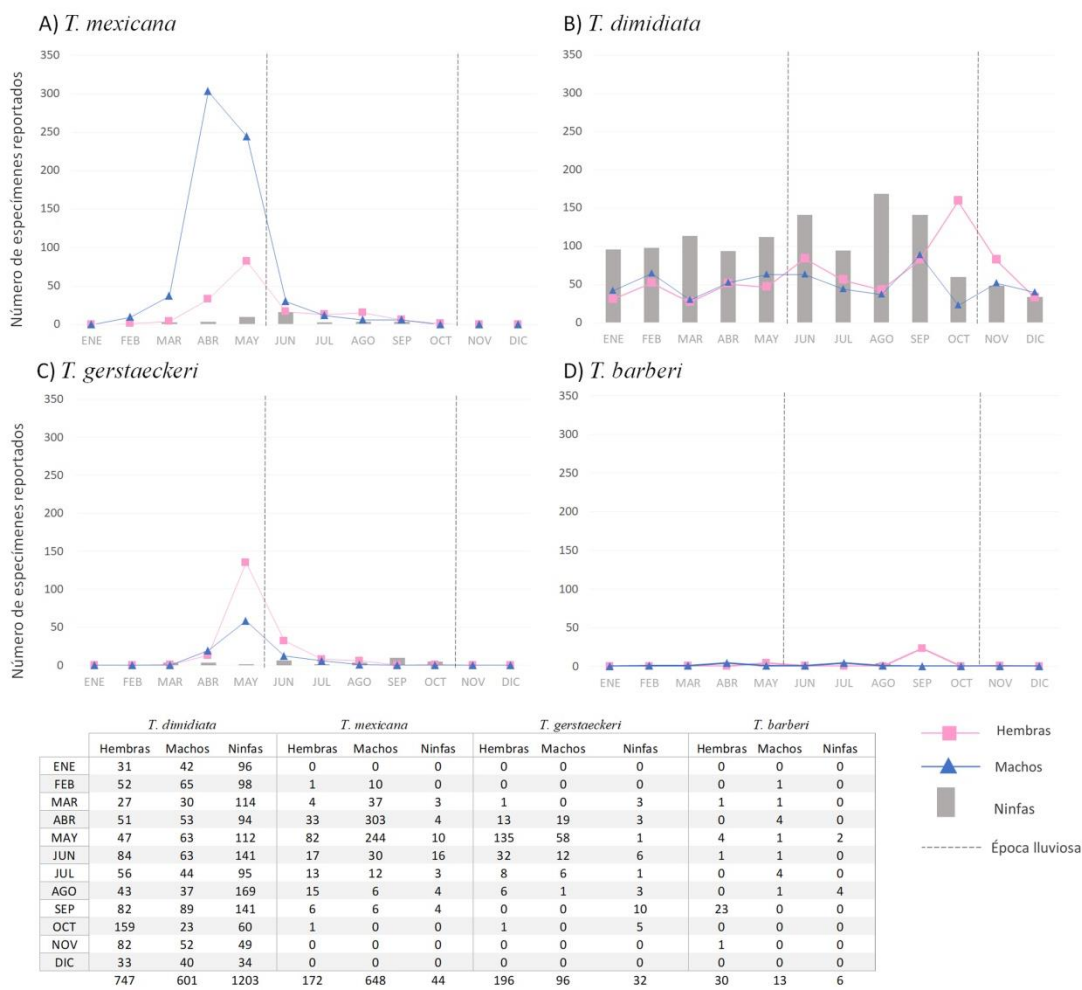


Figura 18. Variaciones temporales de adultos (machos y hembras) y ninfas de las cuatro especies de Triatomos dominantes en el estado de Hidalgo. Se representa el número de especímenes reportados por meses en las bases de datos del periodo 1997 a 2019 para *T. mexicana* (A), *T. dimidiata* (B), *T. gerstaeckeri* (C) y *T. barberi* (D). La línea punteada representa la época lluviosa. La tabla muestra el número de especímenes reportado en las bases de datos.

Ocupación de los triatomos en el ciclo doméstico reportados en las bases de datos históricas en el estado de Hidalgo

En cuanto a la ocupación de los triatomos (que se refiere al sitio donde fueron recolectados los vectores que son: el intradomicilio y el peridomicilio) reportados en las bases de datos, únicamente el 59.44% de los registros (2,817 de 4,739) contaban con esta información. De manera general, se observó que el 81.79% (2,309 especímenes) de los reportes de las bases de datos correspondieron

a vectores encontrados dentro de la vivienda (intradomiciliados), seguido de los que se encontraron en el peridomicilio (100 m alrededor de la vivienda) que corresponde al 17.56% (496) del total de los especímenes reportados. Notablemente se obtuvieron reportes en sitios fuera del ciclo doméstico, pero que son altamente concurridos por la población humana. Si bien representan únicamente el 0.65% (19 especímenes) del total de la base de datos los consideramos epidemiológicamente importantes (Tabla 4). Como se puede ver en la Tabla 4, la mayoría de las especies se encontraron en el intradomicilio. Para *T. gerstaeckeri* el 90.53% (220) de los reportes que contaban con esta información se encontraron dentro de la vivienda. En el caso de *T. dimidiata* fue el 84.56% (975), seguida de *T. barberi* con el 82.14% (23) y la que tuvo el porcentaje más bajo fue *T. mexicana* con el 77.97% (616). Las nuevas especies reportadas para el estado que estuvieron encontradas en el intradomicilio fueron *T. nitida* y *T. phyllosoma*, en contraste el único espécimen de *T. pallidipennis* se reportó en el peridomicilio. Interesantemente *T. mexicana* es la especie que estuvo presente prácticamente en todos los sitios fuera del ciclo doméstico. Ese mismo comportamiento se observó en los especímenes reportados como *Triatoma* sp.

Tabla 4. Ocupación de las especies de triatomos en el ciclo doméstico reportados para el estado de Hidalgo.

	Número de especímenes								
	Intradomicilio	Peridomicilio	Bodega	Carpintería	Clínica	Escuela	Hospital	Iglesia	Oficina
<i>T. dimidiata</i>	975	175	1	0	0	0	2	0	0
<i>T. mexicana</i>	616	159	0	3	2	5	1	3	1
<i>T. gerstaeckeri</i>	220	23	0	0	0	0	0	0	0
<i>T. barberi</i>	23	4	0	0	0	0	1	0	0
<i>T. nitida</i>	1	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>T. pallidipennis</i>	0	1	0	0	0	0	0	0	0
<i>T. phyllosoma</i>	1	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Triatoma</i> sp.	475	124	0	0	0	0	0	0	0
TOTAL	2312	486	1	3	2	5	4	3	1
PORCENTAJES	82.10%	17.25%	0.03%	0.10%	0.07%	0.18%	0.14%	0.10%	0.03%

En cuanto a la tendencia espacial de la ocupación de los triatomos en el ciclo doméstico, se identificó que, de las 7 regiones geoculturales con reportes en 6 de ellas la mayoría de los especímenes se encontraron domiciliados (Figura 19). En la región de la Sierra de Tenango fue el 90% (122) de los especímenes, el 89% (663) en la Sierra Gorda, el 85% (171) en la Sierra Alta, el 82% (1167) en la Huasteca y el 81% (109) en el Valle del Mezquital. Dentro de estas 6 regiones, se identificaron 13 municipios en los cuales el 100% de los especímenes reportados se encontraron dentro de las viviendas, siendo esto relevante epidemiológicamente ya que esta condición podría implicar una situación de riesgo por la exposición a *T. cruzi* en la población humana. En la Figura 19, se muestran los municipios que tuvieron el mayor número de especímenes encontrados en el intradomicilio que son: Huejutla de Reyes (494), Huazalingo (128), Tlanchinol (92) y Jaltocán (26). que se localizan en la región de la Huasteca. Zimapán (406), La Misión (37), Pacula (19) dentro de la Sierra Gorda. Huehuetla (63) en la Sierra de Tenango. También se representan otros municipios en donde todos sus ejemplares fueron encontrados domiciliados como: Omitlán de Juárez (1) dentro

de la Comarca Minera. En el Valle del Mezquital Chilcuautla (3), Cardonal (2), Nopala de Villagrán (2), Huichapan (1) y Tlaxcoapan (1). En contraste, la única región en donde se observó que los especímenes se encuentran en proporciones similares en el intradomicilio (51%) y el peridomicilio (49%) fue la región de la Sierra Baja. De manera particular, en esta región el municipio que tuvo el mayor porcentaje de especímenes en el peridomicilio fue San Agustín Metzquititlán con el 60.8% de los reportes (14) (Figura 19). Como ya se mencionó dentro de las bases de datos se tuvieron reportes de especímenes fuera del ciclo doméstico, estos reportes fueron en sitios como carpinterías, iglesias, clínicas, hospitales, oficinas y escuelas que se encuentran en 6 municipios que son: Tianguistengo, Nicolás Flores, Zimapán, Nopala de Villagrán, Tecozautla y Tasquillo. De estos, los municipios de Zimapán (escuela, clínica y carpintería) y Tecozautla (iglesia, oficina y hospital) son los que tienen mayor variedad de sitios reportados (Figura 19).

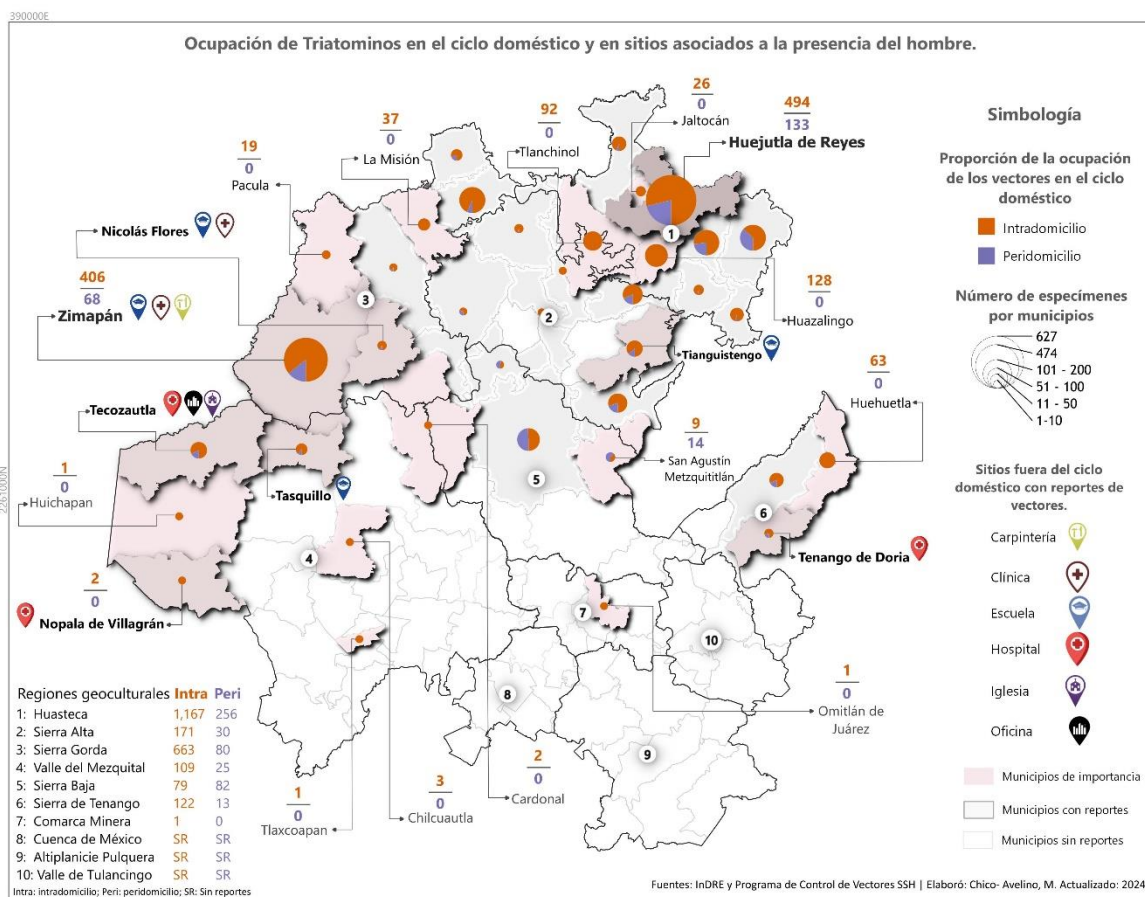


Figura 19. Ocupación de los triatomíneos en el ciclo doméstico y fuera del ciclo doméstico asociados a la presencia del hombre. La proporción de los especímenes reportados por municipio en el intradomicilio se representan en color naranja y los del peridomicilio en color morado. El tamaño de los círculos representa el número de especímenes reportado para los municipios. En colores rosados y en relieve se representan los municipios de relevancia ya sea por el alto número de vectores reportados intradomiciliados y por la presencia de vectores en sitios altamente concurridos por el hombre, estos últimos se representan con simbología temática. Se incluyen los registros de los vectores en intradomicilio y peridomicilio por regiones geoculturales, las cuales se representan en el mapa con círculos blancos y un identificador.

Dentro del ciclo doméstico los vectores fueron recolectados en más de 20 lugares dentro y fuera de las viviendas. Sin embargo, en el análisis se encontró que fue en la pared y en la cama en donde la

mayoría de los vectores intradomiciliados fueron capturados, seguidas de los muebles y el piso, mientras que en las paredes exteriores fueron el lugar más frecuente de captura de los vectores en el peridomicilio, seguidas del suelo y la leña (Tabla 5). Estos resultados son importantes porque frecuentemente en viviendas de zonas rurales tienen paredes hechas de piedras apiladas ya sea para delimitar los predios, para paredes de casas y / o corrales para animales domésticos, siendo refugios idóneos para estos vectores.

Tabla 5. Lugares dentro del ciclo doméstico se capturaron especies de *Triatoma* en Hidalgo.

Lugares	<i>T. dimidiata</i>		<i>T. mexicana</i>		<i>T. gerstaeckeri</i>		<i>T. barberi</i>		<i>T. phyllosoma</i>	<i>T. pallidipennis</i>	Total
	A	N	A	N	A	N	A	N	A		
Intradomicilio											
Pared	559	312	307	5	98	6	5	6	0	0	1298
Cama	206	130	32	3	58	3	2	0	0	0	434
Mueble	59	19	18	12	13	2	1	0	0	0	124
Piso	8	5	57	4	25	0	0	0	0	0	99
Patio	0	0	41	1	8	0	0	0	0	0	50
Dormitorio	9	6	19	0	0	0	1	0	1	0	36
Cocina	7	5	9	0	1	0	0	0	0	0	22
Puerta	0	0	16	0	1	0	1	0	0	0	18
Ladrillo	6	2	0	0	0	1	0	0	0	0	9
Sala comedor	0	0	6	0	0	0	1	0	0	0	7
Baño	0	0	6	0	0	0	0	0	0	0	6
Madera –Leña	3	3	0	0	0	0	0	0	0	0	6
Ropero	1	0	2	0	1	0	0	0	0	0	4
Zapato	0	0	4	0	0	0	0	0	0	0	4
Jardín	0	0	2	0	0	0	1	0	0	0	3
Mesa	0	0	3	0	0	0	0	0	0	0	3
Lavadero	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	2
Escritorio	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1
Maceta	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1
Piedra	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Sofá	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1
Peridomicilio											
Pared exterior	110	102	85	0	2	0	2	2	0	0	303

Piso	0	0	28	0	4	0	1	0	0	0	33
Madera -Leña	15	10	0	0	1	1	0	0	0	0	27
Gallinero	18	0	0	0	0	0	0	0	0	0	18
Mueble	1	0	0	12	0	0	0	0	0	0	13
Ladrillo	4	0	0	0	1	0	0	0	0	0	5
Árbol	0	0	2	0	2	0	0	0	0	0	4
Patio exterior	0	0	2	1	0	0	0	0	0	1	4
Banqueta	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2
Piedra	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2
Jardín	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	2
Caja	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1
Cubeta	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1
Palapa	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1
Planta	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1

A: adultos; N: ninfas

Al igual que para los factores analizados previamente, encontramos que los sitios de captura de los vectores varían entre las especies. Se encontró que dentro de las viviendas *T. mexicana* es la especie que se capturó en más lugares (18), y también se observaron diferencias entre adultos y ninfas. En el caso de los adultos fueron mayormente capturados de las paredes dentro de las viviendas y las ninfas principalmente en los muebles. La segunda especie encontrada en más lugares fue *T. dimidiata* que de acuerdo con las bases de datos se encontró en diez lugares dentro de las viviendas, sin embargo, para *T. dimidiata* no se encontraron diferencias entre sus estadios, ya que tanto adultos como ninfas se capturaron en las paredes, camas y muebles. Una tendencia muy similar se observó para *T. gerstaeckeri* (capturada en nueve lugares) siendo las paredes, camas, pisos y muebles, los lugares en donde fue mayormente capturada, no encontrándose tampoco diferencias entre adultos y ninfas. En el caso de *T. barberi* se reportó que fue capturada en siete lugares diferentes dentro de las viviendas, sin embargo; se observó que sus adultos y ninfas se recolectaron casi en su totalidad en las paredes. Finalmente, el único ejemplar hembra de *T. phyllosoma* se encontró dentro del dormitorio de una vivienda (Tabla 5). En el caso de los especímenes reportados en el peridomicilio, se observó una tendencia similar a la de los especímenes del intradomicilio *T. mexicana* se encuentra en más lugares (nueve) que el resto de las especies, nuevamente los adultos se capturaron principalmente en las paredes exteriores y el suelo y en el caso de las ninfas se capturaron mayormente en muebles fuera de las viviendas. Respecto a *T. gerstaeckeri* y *T. dimidiata*, ambos se encontraron en siete lugares diferentes, siendo las paredes exteriores el lugar más común para los adultos y para las ninfas de *T. gerstaeckeri*, en contraste los adultos de *T. dimidiata* se capturaron mayormente en el suelo, y su única ninfa se encontró en madera apilada

(Tabla 5). En el caso del único espécimen de *T. pallidipennis* (hembra) de acuerdo con las bases de datos se capturó en el patio de una vivienda y el espécimen de *T. nitida* (macho) dentro de una vivienda. Esta ocupación por parte de las especies de triatomos podría estar indicando una alta exposición a la picadura de los vectores, tanto en la población humana como en animales sinantrópicos, mostrando un riesgo de contraer la infección con *T. cruzi*.

Infeción con *T. cruzi* en triatomos reportados en las bases de datos históricas en el estado de Hidalgo

Como se ha expuesto anteriormente en el estudio integral del riesgo de transmisión de la ECh es fundamental incluir las tasas de infección de los vectores, ya que es la pieza clave en la transmisión del parásito al humano y otros reservorios, así como la consecuente diseminación de la infección. A este respecto en las bases de datos analizadas en este objetivo, únicamente el 26.31% (1,247 de 4,739) de los especímenes tuvieron información del resultado de la prueba coproparasitológica. De este porcentaje el 16.4% que corresponde a 204 especímenes estuvieron reportados como infectados con *T. cruzi*, mientras que el 83.6% restante fueron reportados como negativos. Como se puede ver en la Figura 20, las especies tuvieron tasas de infección diferentes entre ellas.

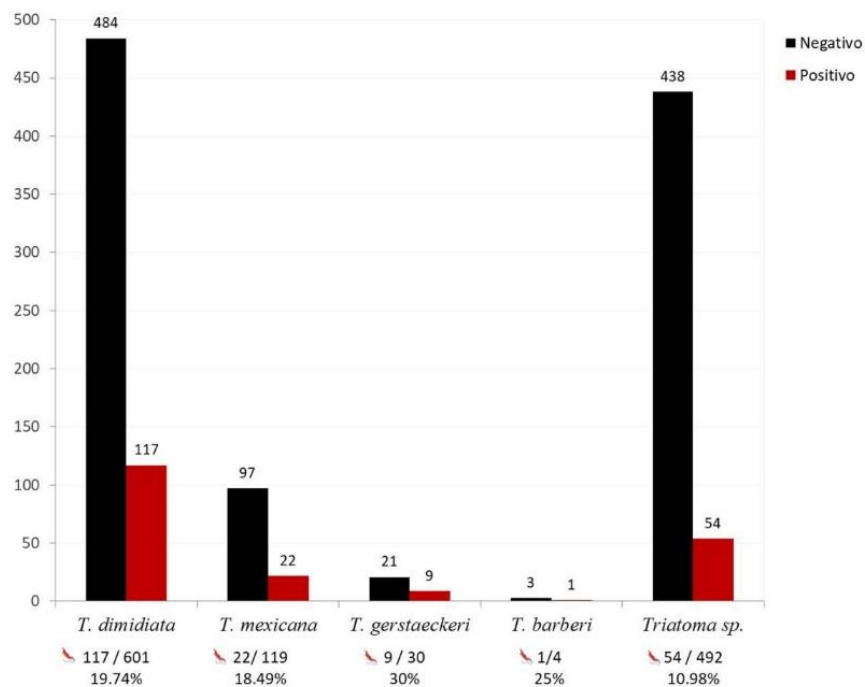


Figura 20. Tasas de infección de los triatomos reportados en las bases de datos históricas en el estado de Hidalgo. Los valores se calcularon tomando en cuenta especímenes que tuvieron información del resultado de la prueba coproparasitológica en las bases de datos.

La especie que tuvo el mayor porcentaje de infección fue *T. gerstaeckeri* con el 30% (9 especímenes de 30), seguido de *T. barberi* con el 25% (1 espécimen de 4). Con menores tasas de infección se observó a *T. dimidiata* con un 19.47% (117 especímenes de 601) y a *T. mexicana* con el 18.49% (22 especímenes de 119). Para los especímenes clasificados como *Triatoma sp.*, tuvieron un total de 54 especímenes de 492 reportados como infectados, que corresponde al 10.98%. Respecto a las nuevas

especies reportadas para el estado *T. phyllosoma* fue reportada como infectada con *T. cruzi* y *T. pallidipennis* como no infectado, mientras que para *T. nitida* en la base de datos no se tuvo el resultado de la prueba coproparasitológica (Figura 20).

Finalmente, también se analizó la variación espacial de los triatomíneos reportados infectados en el estado de Hidalgo. Al evaluarlo por regiones geoculturales se identificó que la mayor proporción de especímenes infectados se localiza en la Sierra de Tenango con el 27.27% (6 infectados de 22), seguida de la Sierra Baja con el 20.75% (11 infectados de 53), la Huasteca con el 16.1 % (164 infectados de 1,018, la Serra Alta con el 15.51% (27 infectados de 174), el Valle del Mezquital con el 15% (12 infectados de 80) y la Sierra Gorda con el menor porcentaje de 14.41% (16 infectados de 111) (Figura 21).

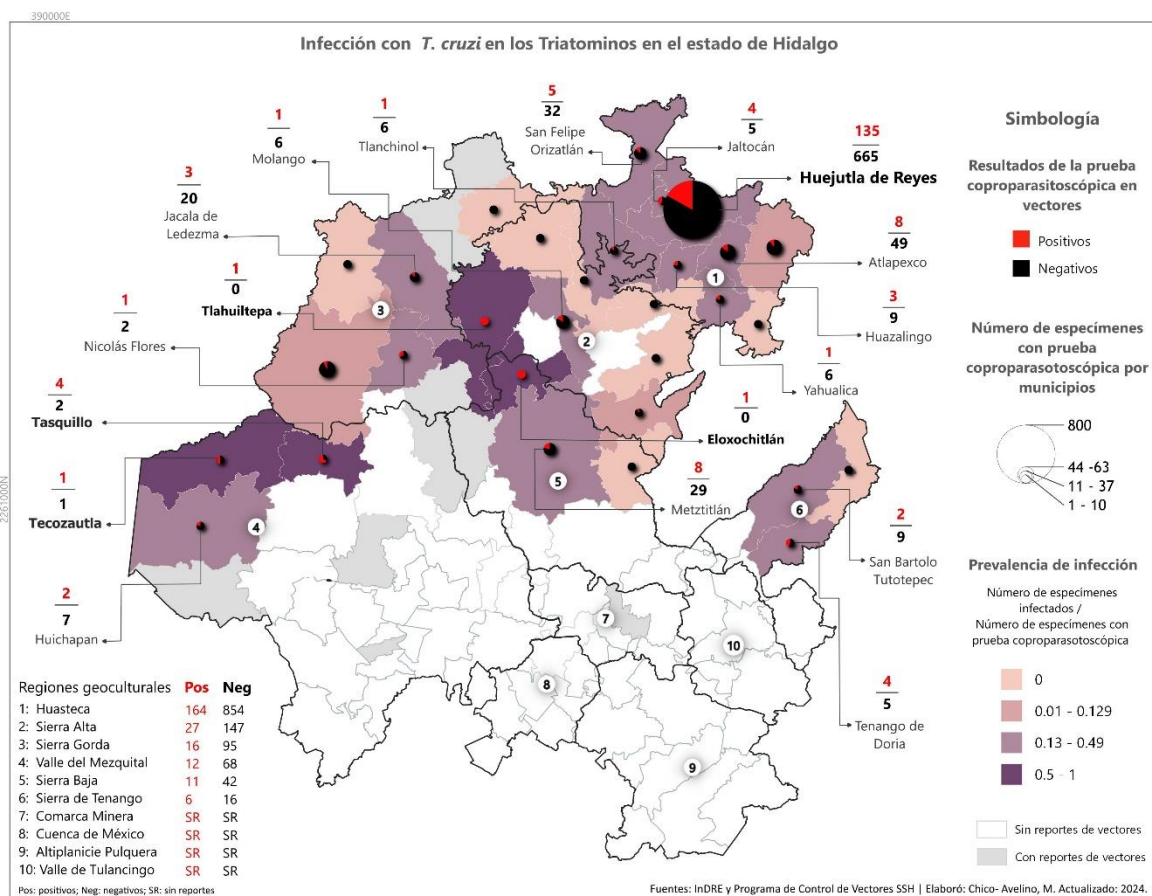


Figura 21. Distribución de triatomíneos reportados infectados con *T. cruzi* en las bases de datos históricas para el estado de Hidalgo. Las tonalidades representan la prevalencia de infección en los vectores por municipio, expresada por el número de positivos / el número de ejemplares con resultados para la prueba coproparasitológica. Los especímenes positivos (rojo) y negativos (negro) a la infección por *T. cruzi* están representados en los círculos y su tamaño corresponde al número total de especímenes. Se señalan los municipios con mayor prevalencia de infección, así como el municipio con mayor número de ejemplares. Se incluyen las cifras de los vectores infectados y no infectados por regiones geoculturales, las cuales se representan en el mapa con círculos blancos y un identificador.

Como se puede ver en el mapa de la Figura 21, en cuanto al número de especímenes infectados en el municipio Huejutla de Reyes, se observa el mayor número con 135 especímenes positivos de 800 (16.87%). Otros casos que son relevantes por la alta prevalencia de infección son los municipios de

Tlahuiltepa (100% de especímenes infectados), Eloxochitlán (100% de especímenes infectados), Tasquillo (66.6% de especímenes infectados), Tecozautla (50% de especímenes infectados), Jaltocán (44.4% especímenes infectados) y Tenango de Doria (44.4% especímenes infectados). Otros municipios que mostraron tasas de infección de medianas a menores fueron Nicolás Flores (33.3%), Huazalingo (25%), Yahualica (22.2%), Huichapan (22.2%), Metztlán (21.6%), San Bartolo Tutotepec. (18.1%), Huejutla de Reyes (16.8%), Molango (15.9%), Tlanchinol (14.2%), Atlapexco (14%), San Felipe Orizatlán (13.5%), Jacala de Ledezma (13%). Finalmente, se encontró que en nueve municipios los triatomos fueron encontrados negativos a la infección por *T. cruzi*, como en Calnali, Chapulhuacán, Huehuetla, Lolotla, Pacula, San Agustín Metzquitlán, Tepehuacán de Guerrero, Tianguistengo y Xochiatipan.

Registros históricos de seroprevalencia a *T. cruzi* en el estado de Hidalgo

El análisis de la base de datos de los casos seropositivos a *T. cruzi* en banco de sangre en el estado de Hidalgo, comprendiendo un periodo de 10 años del año 2009 al 2019. Esta base de datos comprende un total de 5,001 registros de muestras individuales que cuentan con una conclusión diagnóstica, obtenida siguiendo el algoritmo para el serodiagnóstico a *T. cruzi*. Éste consiste en la aplicación de tres pruebas serológicas por muestra, donde el resultado consistente en dos de tres pruebas define si las muestras son positivas o negativas. De estos registros 4,625 corresponden a muestras sanguíneas determinadas con indeterminadas en el 0.52% (24), positivas en el 25.04% (1,158) y el 74.44 % (3,443) como negativas (Figura 22).



Figura 22. Resultados obtenidos en las bases de datos de banco de sangre para el estado de Hidalgo. En color azul se representa el porcentaje de los casos indeterminados, en rojo los casos positivos y en negro los casos negativos.

La procedencia de los registros corresponde a diferentes fuentes como sigue: 17 jurisdicciones sanitarias (50.08%), el Centro Estatal de Transfusión Sanguínea (CETS) (46.03%), centros de salud rurales del estado, clínicas del IMSS, ISSSTE y DIF, y hospitales estatales (3.70%); y finalmente Laboratorio Estatal de Salud Pública de Hidalgo (LESPH) (0.19%). Como se muestra en la Tabla 8, el CETS, es la institución que tuvo el mayor número de casos positivos (828) reportados. Esto fue seguido por las jurisdicciones, encontrándose el mayor número de casos positivos en Huichapan (J04) en el Valle del Mezquital y Huejutla (J10) en la Huasteca, ambas con 74 casos positivos, Tepeji del Río (J14) con 36 casos positivos, Actopan (J07) con 26 casos positivos y Tula (J03) con 19 casos positivos. En el caso de los centros de salud, clínicas y hospitales del estado, reportaron un total de 39 casos positivos durante el tiempo estudiado. Finalmente, el LESP, reportó únicamente 2 casos

positivos entre el año 2009 y 2019. De manera interesante, los casos reportados como indeterminados se presentaron en dos jurisdicciones Tula (J03) con un caso y Huichapan (J04) con dos casos. Mientras que en el banco de sangre se reportó un total de 21 casos indeterminados (Tabla 6).

Tabla 6. Procedencia de los casos reportados positivos, negativos e indeterminados en banco de sangre para *T. cruzi* en el estado de Hidalgo (período 2009 – 2019).

Procedencia	Positivos	Negativos	Indeterminados	Total
Jurisdicción Pachuca (J01)	16	61	0	77
Jurisdicción Tulancingo (J02)	3	5	0	8
Jurisdicción Tula (J03)	19	30	1	50
Jurisdicción Huichapan (J04)	74	1033	2	1109
Jurisdicción Zimapán (J05)	2	35	0	37
Jurisdicción Ixmiquilpan (J06)	15	38	0	53
Jurisdicción Actopan (J07)	26	11	0	37
Jurisdicción Metztlán (J08)	3	74	0	77
Jurisdicción Molango (J09)	14	185	0	199
Jurisdicción Huejutla (J10)	74	488	0	562
Jurisdicción Apan (J11)	1	4	0	5
Jurisdicción Tizayuca (J12)	1	3	0	4
Jurisdicción Otomí-Tepehua (J13)	2	23	0	25
Jurisdicción Tepeji del Río (J14)	36	18	0	54
Jurisdicción Atotonilco El Grande (J15)	1	1	0	2
Jurisdicción Jacala (J16)	1	8	0	9
Jurisdicción Zacualtipán (J17)	1	7	0	8
Centro Estatal de Transfusión Sanguínea (CETS)	828	1280	21	2129
Centros de Salud, Clínicas y Hospitales	39	132	0	171
Laboratorio Estatal de Salud Pública de Hidalgo (LESPH)	2	7	0	9
Totales	1158	3443	24	4625

Dinámica espacio-temporal de la seroprevalencia a *T. cruzi* en banco de sangre en el estado de Hidalgo

Los casos seropositivos (1,157) se observaron en 27 municipios de los 84 del estado. En 8 municipios de ellos, se encuentran más del 97% (1,125) de estos casos (Tabla 7 y Figura 21). El municipio con el mayor número de personas infectadas reportadas fue Pachuca de Soto (capital del estado) con 852 casos, seguido de Huichapan con 79, Huejutla de Reyes con 74, Tepeji del Río Ocampo con 43, Actopan con 27, Tula de Allende con 20, Ixmiquilpan con 16 y Molango con 14 casos. El resto de los municipios con casos positivos registraron entre 1 y 4 casos (Tabla 7 y Figura 23).

Tabla 7. Reportes de infección por *T. cruzi* en banco de sangre de los municipios con registros en el estado de Hidalgo (periodo 2009 – 2019).

Municipio	Casos positivos	Casos negativos	Casos indeterminados	Total	Tasa de infección %
Pachuca de Soto	852	1404	21	2277	37
Huichapan	79	1041	2	1122	7
Huejutla de Reyes	74	489	0	563	13
Tepeji del Río Ocampo	43	21	0	64	67
Actopan	27	24	0	51	53
Tula de Allende	20	31	1	52	38
Ixmiquilpan	16	40	0	56	29
Molango de Escamilla	14	183	0	197	7
Tizayuca	4	11	0	15	27
Tulancingo de Bravo	4	16	0	20	20
Tezontepec de Aldama	3	1	0	4	75
Cuautepec de Hinojosa	2	0	0	2	100
Tepeapulco	2	0	0	2	100
Zacualtipán de Ángeles	2	9	0	11	18
Tenango de Doria	2	22	0	24	8
Zimapán	2	34	0	36	6
Metztitlán	2	72	0	74	3
Atotonilco de Tula	1	0	0	1	100
Chilcuautla	1	0	0	1	100
San Salvador	1	0	0	1	100
Santiago de Anaya	1	0	0	1	100
Atotonilco El Grande	1	1	0	2	50
Huehuetla	1	2	0	3	33
San Agustín Tlaxiaca	1	2	0	3	33
Apan	1	5	0	6	17
Jacala de Ledezma	1	9	0	10	10
Tlanchinol	1	9	0	10	10
Calnali	0	1	0	1	0
San Felipe Orizatlán	0	1	0	1	0
Tasquillo	0	1	0	1	0
Tlanalapa	0	1	0	1	0
Tolcayuca	0	1	0	1	0
Mixquiahuala de Juárez	0	2	0	2	0
Nopala de Villagrán	0	2	0	2	0
Tecoautla	0	2	0	2	0
Tepehuacán de Guerrero	0	2	0	2	0
Mineral de la Reforma	0	4	0	4	0

Espacialmente los municipios con el mayor número de casos positivos se localizan en el municipio de Pachuca de Soto (Cuenca de México) en la zona sur, al oeste el municipio de Huichapan (Valle del Mezquital) y al noreste el municipio de Huejutla de Reyes (Huasteca) (Figura 23). Sin embargo, las mayores de tasas de infección (considerando positivos y negativos) de la población se concentra en la zona centro – sur (Figura 23). Dentro de estos sitios los municipios prioritarios por tasas de infección al parásito de entre 20% y 75% fueron: Tulancingo de Bravo (Valle de Tulancingo), Tizayuca y Pachuca de Soto (Cuenca de México), Huehuetla (Sierra de Tenango), Atotonilco El Grande (Sierra Baja), Ixmiquilpan, San Agustín Tlaxiaca, Actopan, Tezontepec de Aldama, Tula de Allende y Tepeji del Río de Ocampo (Valle del Mezquital). Además, en esta zona se localizan los municipios que

mostraron el 100% de infección, que, aunque son pocos (1 o 2) son relevantes epidemiológicamente hablando. Estos corresponden a Atotonilco de Tula, Cuautepec de Hinojosa, Chilcuautla, San Salvador, Santiago de Anaya, Tepeapulco, localizados en el Valle del Mezquital, el Valle de Tulancingo y la Altiplanicie Pulquera (Figura 23). Al analizar los casos seropositivos por regiones geoculturales se identificó que la única región que no tiene población infectada por *T. cruzi* registrada es la Comarca Minera. Mientras que las regiones con el mayor número de positivos son la Huasteca, el Valle del Mezquital y la Cuenca de México con 75, 92 y 856 personas reportadas infectadas (Figura 23). Como se puede ver en la Figura 23, es en la zona norte en donde la seroprevalencia es predominantemente baja (entre 3% y 20% de tasa de infección), a excepción de Huejutla de Reyes. Aunado a esto, se puede observar que la mayoría de los municipios de estas zonas (Huasteca, Sierra Alta y Sierra Gorda) no tienen reportes en la base de datos de banco de sangre (Figura 23).

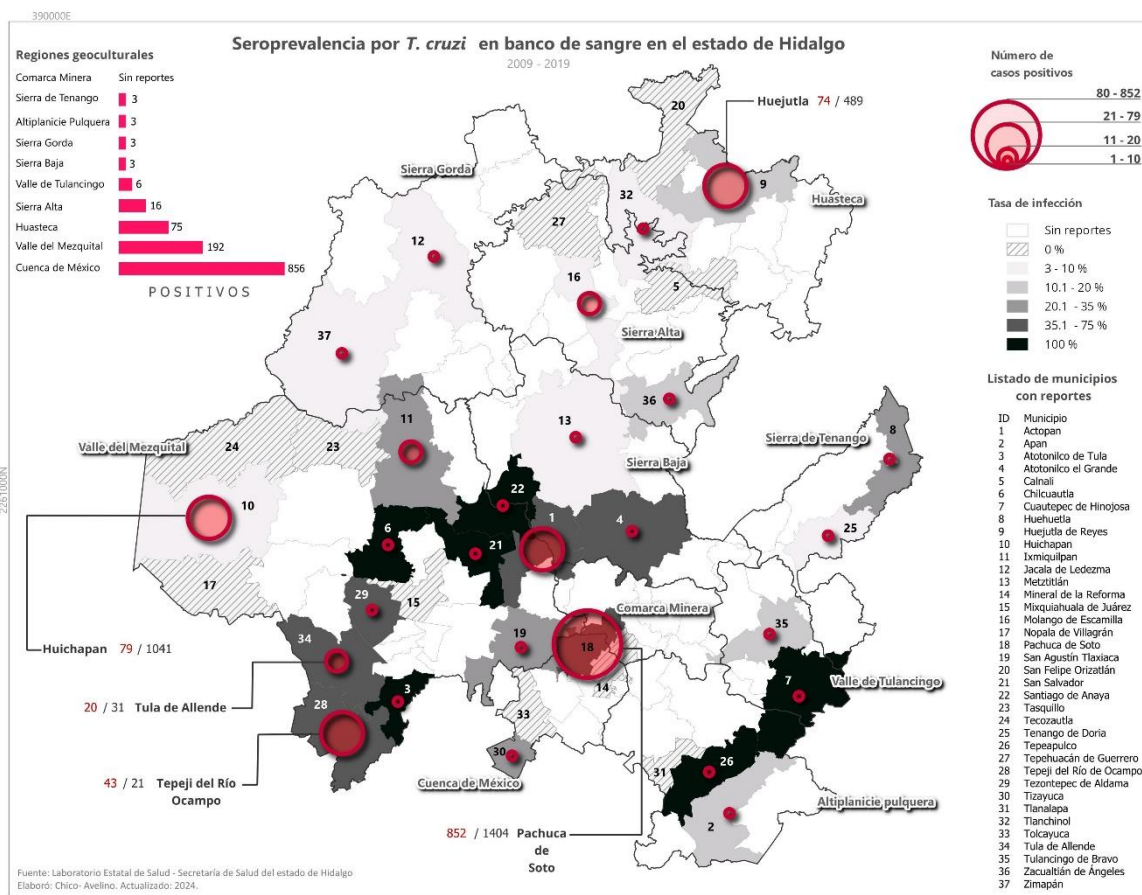


Figura 23. Distribución de la seroprevalencia por *T. cruzi* en banco de sangre para el estado de Hidalgo en el periodo 2009 - 2019. Las tonalidades en gris representan la tasa de infección por municipios, expresada por el número de positivos / número de reportes en banco de sangre. Los municipios en color blanco representan los municipios sin registros de banco de sangre. Los casos positivos se representan en círculos rojos y su tamaño corresponde al número total. Se señalan los municipios con mayor número de positivos y tasa de infección alta. Se incluyen las cifras de positivos por regiones geoculturales, representadas en barras.

Al realizar el análisis temporal de los casos seropositivos, se encontró que el número de casos no presenta mucha variación entre los 11 años reportados. En la Figura 24 se puede observar que el

primer año con datos (2009) tuvo un total de 106 casos de infección con *T. cruzi*. El año 2010 (segundo año con reportes) tuvo el mayor número de casos reportados con 145 casos positivos. Seguido del año 2013 que tuvo un total de 127 casos. Notablemente en los últimos años de información analizada en este trabajo, se identificó que los casos infección disminuyeron ligeramente a partir del año 2017 (92 casos), 2018 (90 casos) y 2019 (83 casos). Aun cuando se observa una tendencia a disminuir el número de seropositivos al parásito, aparentemente es lejana aún más la posibilidad de llegar a tasa de infección nula en la población del estado de Hidalgo.

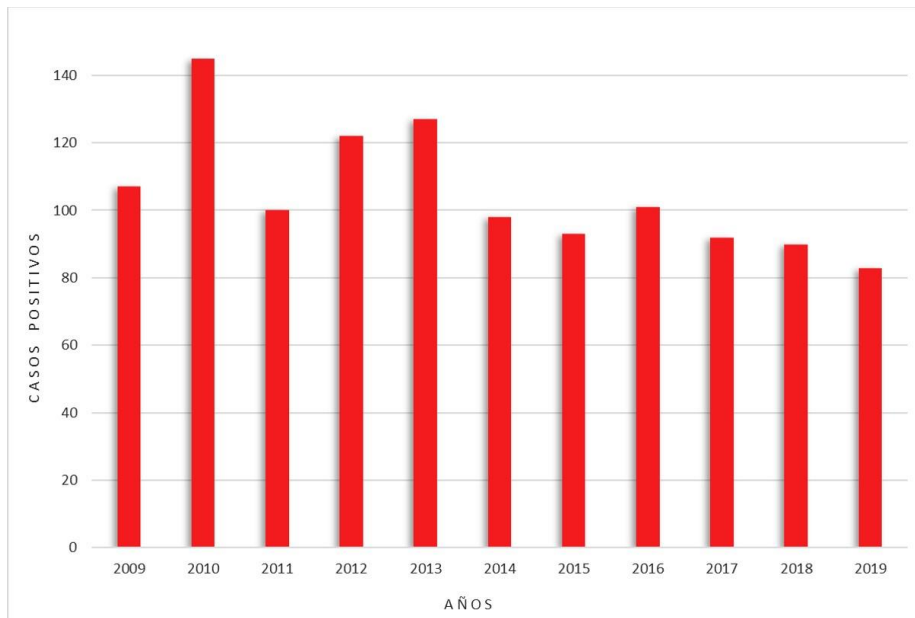


Figura 24. Número de casos positivos en población humana reportadas en las bases de datos de sangre para el estado de Hidalgo.

Como se puede ver en la Figura 25, en el primer año analizado en este trabajo (2009), 7 municipios tuvieron casos positivos con un total de 106 reportes. De manera interesante el año siguiente (2010), el número de nuevos casos aumentó y un nuevo municipio tuvo nuevos casos (Apan). Además, este año resultó ser el año con mayor número de casos con un registro de 145 positivos, durante los 11 años de registros de estos datos (Figuras 24 y 25). Otro aspecto relevante que se identificó es que entre el año 2014 y 2015 cinco municipios tuvieron nuevos casos reportados como fue el municipio de San Salvador (1 caso positivo), Chilcuautila (1 caso positivo), Tezontepec de Aldama (3 casos) en el Valle del Mezquital, Tizayuca (4 casos positivos) en la Cuenca de México y Cuautepec de Hinojosa (2 casos positivos) en el Valle de Tulancingo. Los municipios que tuvieron casos positivos de manera constante desde al año 2009 fueron Huejutla de Reyes, Huehuetla, Huichapan, Santiago de Anaya, Actopan, Tula de Allende y Pachuca de Soto (Figuras 23 y 25). En el caso de Huejutla de Reyes (Huasteca), se observó que los casos a lo largo del tiempo han ido incrementando, siendo los años con más nuevos casos el año 2013 (10 nuevos casos), 2014 (15 casos) y 2018 (14 nuevos casos). Alcanzando un total de 74 casos positivos para el año 2019 (Figuras 23 y 25). Por su parte el municipio de Huichapan (Norte del Valle del Mezquital), también mostró un incremento a lo largo de los años, siendo los años 2009, 2010 y 2012 los que tuvieron el mayor número de casos positivos nuevos (12, 28 y 11 nuevos casos, respectivamente). Si bien, se puede

observar que, a partir del año 2013, los casos nuevos se mantienen constantes (entre 51 y 100 casos), dentro de estos años se destaca el año 2018 con 10 casos nuevos para este municipio. Notablemente, en Huichapan se observó un total de 79 casos positivos durante los 10 años analizados (Figuras 23 y 25).



Figura 25. Representación espacio- temporal de los casos seropositivos a *T. cruzi* acumulados por año durante el periodo 2009 a 2019 reportados en banco de sangre en el estado de Hidalgo. La paleta de tonalidades en magenta representa el número de casos acumulados reportados en banco de sangre para los municipios.

Un municipio particularmente relevante es Pachuca de Soto el cual tiene reportes de población infectada con *T. cruzi* desde el año 2009 hasta el año 2019, de manera ininterrumpida. Con al menos

44 nuevos casos positivos por año, siendo el año 2010 (con 108 nuevos casos), 2012 (con 97 nuevos casos), 2013 y 2016 (con 91 nuevos casos) los que cuentan con el mayor número de nuevos casos positivos para la capital del estado. En contraste en los últimos años analizados (2018 y 2019), los reportes no rebasaron los 50 nuevos casos. Sin embargo, como se puede ver en la Figura 25, desde el año 2014 hasta el año 2017 los casos acumulados estuvieron entre los 500 y 800. Resultando en un total de 852 casos positivos durante el periodo analizado, siendo el más alto de todos los municipios (Figuras 25 y 23). Para el municipio de Actopan (este del Valle del Mezquital) se encontró que los nuevos casos han ido disminuyendo al paso de los años, siendo el 2018 el último año con nuevos reportes de infección. Sin embargo, como se observa en la Figura 23, los casos acumulados se han mantenido constantes entre los 21 y 50 casos positivos. Dentro de esta región (Valle del Mezquital) pero más al sur, el municipio de Tula de Allende (uno de los municipios más sureños del estado con casos positivos), mostró un comportamiento al alza de nuevo casos en el periodo analizado (Figuras 25 y 23). Asociado a este municipio, aún más al sur se encuentra el municipio de Tepeji del Río, el cual tuvo sus primeros reportes en el año 2013, observándose que los casos acumulados se han mantenido constantes hasta el año 2017 (entre los 2 y los 20 casos). Sin embargo, en el 2019 Tepeji del Río tuvo el mayor número de nuevos casos con 16 nuevos reportes de infección. Obteniendo un total de 43 casos acumulados durante el periodo analizado (Figuras 25 y 23). Otro caso relevante también al sur del estado es el municipio de Tizayuca (sur de la Cuenca de México), este tuvo sus primeros casos de infección en el año 2015 (con 2 casos), seguido por los años 2016 y 2017 con un nuevo caso cada uno (Figuras 25 y 23), teniendo un total acumulado de 4 casos seropositivos a *T. cruzi* en el periodo estudiado (Figura 25). Algunos municipios tuvieron únicamente dos casos acumulados como fueron: Metztitlán (Sierra Baja) con nuevos casos desde el año 2011, Zimapán (Sierra Gorda) en el año 2011, Zacualtipán de Ángeles (Sierra Alta) en el año 2013. Y más recientemente el municipio de Tepeapulco (Altiplanicie Pulquera) en el año 2017 y Tenango de Doria (Sierra de Tenango) en el año 2018. Otros municipios, tuvieron solo un caso reportado, al este en la Sierra de Tenango Huehuetla en el año 2009, al norte del estado Tlachinol (Huasteca) en el año 2014, en la zona centro del estado Atotonilco El Grande (Sierra Baja) en el año 2016, al sur del estado en el Valle del Mezquital Santiago de Anaya en el año 2009, San Agustín Tlaxiaca en el año 2017 y Atotonilco de Tula en el año 2019 (Figuras 25 y 23).

Resulta necesario resaltar que el patrón espacial es inverso al temporal (Figura 24), ya que se encontró que al paso de los años la distribución de los casos positivos fue ampliándose, alcanzando para el año 2019 un total de 27 municipios con casos de personas infectadas con *T. cruzi*, es decir 20 más con respecto al año 2009 (Figura 25). Además, algo que no se esperaba, es que esta expansión de nuevos casos se diera hacia el sur del estado (Figura 25), un hecho que contrasta con el patrón de distribución espacial observado en las especies de triatominos (Figura 13). Este resultado que se puede ver, al representar su distribución con los casos seropositivos obtenidos, que tienen un patrón espacial invertido, ya que los sitios de ocurrencias de las especies de vectores se concentran en la zona norte del estado, mientras que los casos seropositivos se concentran mayormente en la zona sur del estado (Figura 26), lo que puede estar asociado con la falta de muestreo en la zona sur del estado.

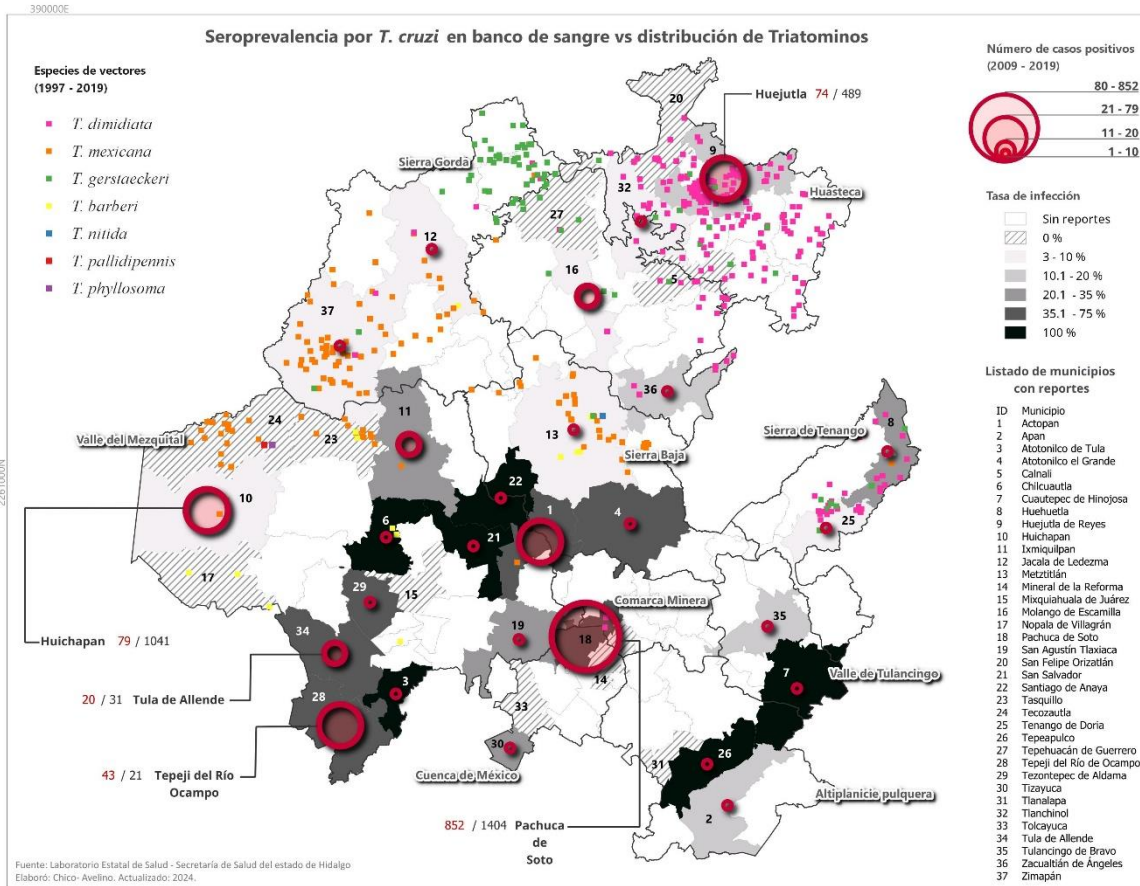


Figura 26. Distribución de la seroprevalencia por *T. cruzi* en banco de sangre vs la distribución de las especies de triatominos en el estado de Hidalgo. Las tonalidades en gris representan la tasa de infección por municipios, expresada por el número de positivos / número de reportes en banco de sangre. Los municipios en color blanco representan los municipios sin registros de banco de sangre. Los casos positivos se representan en círculos rojos y su tamaño corresponde al número total. Se señalan los municipios con mayor número de positivos y tasa de infección alta. Los registros de las especies de vectores por localidades se representan por medio de cuadrados, en rosa *T. dimidiata*, en anaranjado *T. mexicana*, en verde *T. gerstaeckeri*, en amarillo *T. barberi*, en azul *T. nitida*, en rojo *T. pallidipennis* y en morado *T. phyllosoma*.

Características de la población seropositiva a *T. cruzi* en el estado de Hidalgo

Cuando se analizaron los datos por género, la mayoría de los casos positivos corresponden a población masculina con 921 casos (79.53%), mientras que la población femenina infectada corresponde a solo 235 casos (20.29%). En solo dos casos, no se tuvo la información correspondiente al género del individuo (0.17%). El promedio de edad fue de 42 años, con un rango de edad de 1 a 99 años. Al agrupar los rangos de edad por décadas, se encontró que más del 30 % de la población reportada infectada en el estado de Hidalgo (2009 a 2019), se encuentra entre los 31 y 40 años de edad (384 casos positivos), seguida del rango de los 41 a 50 años con 306 casos positivos, que corresponde a más del 25% de la población infectada. Además, se identificó que la población con mayor edad (81 a 100 años) únicamente tuvo 3 casos positivos, mientras que la población de menor edad (1 a 10 años) tuvo un total de 10 casos positivos (Figura 27).

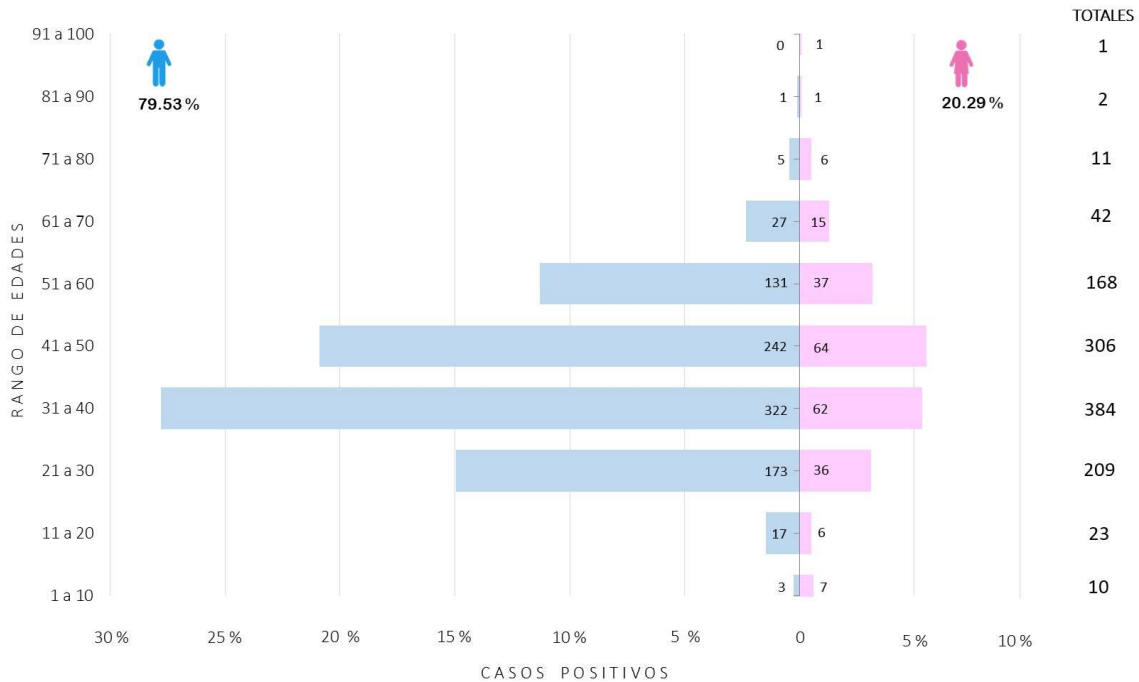


Figura 27. Número de casos positivos a *T. cruzi* reportados en banco de sangre en el estado de Hidalgo, representados por género. Las barras azules corresponden a los casos seropositivos del género masculino, por rangos de edad. Las barras de color rosa corresponden a los casos seropositivos del género femenino, por rangos de edad.

Como se puede ver en la Figura 27, la tendencia de los rangos de edad se mantiene al analizar los datos por género. La población masculina infectada se concentra principalmente entre los 31 a 40 años (322 casos positivos). Mientras que la población femenina infectada se encuentra entre los 41 a 50 años (64 casos). En este caso en particular, tomando en cuenta el rango de 15 a 49 años, que se considera como la edad fértil, el 13.47% (156 mujeres infectadas) de la población total infectada analizada en este trabajo, corresponde a mujeres en edad fértil (MEF).

Finalmente, para evaluar si la infección con *T. cruzi* está asociada con alguna característica se aplicó una prueba de Chi cuadrada. En la Tabla 8, se muestra que la seroprevalencia está estadísticamente ($p < 0.05$) asociada con el género con mayor prevalencia en el género masculino. De igual manera se encontró una asociación estadísticamente significativa ($p < 0.05$) entre los rangos de edad y la infección, con mayor número de casos en el grupo de 31 a 40 años.

Tabla 8. Asociación de la seroprevalencia por *T. cruzi* en banco de sangre en el estado de Hidalgo (periodo 2009 – 2019), con las características de la población reportada infectada.

		Resultados				Chi 2	p
		Positivos		Negativos			
		Casos	%	Casos	%		
Género	Mujeres	235	20.33	1638	47.63	267.07	4.9458E-60
	Hombres	921	79.67	1801	52.37		
Edad	1 a 10	10	0.87	241	7.01	207.94	7.13976E-40

11 a 20	23	1.99	350	10.18
21 a 30	209	18.08	738	21.46
31 a 40	384	33.22	848	24.66
41 a 50	306	26.47	654	19.02
51 a 60	168	14.53	348	10.12
61 a 70	42	3.63	141	4.10
71 a 80	11	0.95	72	2.09
81 a 90	2	0.17	15	0.44
91 a 100	1	0.09	0	0.00

*Valor significativo= < 0.05

El modelamiento de la distribución potencial de las especies de triatominos en el ciclo doméstico nos permitió mapear las zonas potenciales de presencia y ausencia de las especies más abundantes para el estado de Hidalgo. En primer lugar, se realizó la selección de las variables explicativas para los modelos de máxima entropía. El grupo de variables geoclimáticas consideradas inicialmente fueron 23 (Tabla 9), se incluyeron aspectos del medio físico como los tipos de clima, uso de suelo y vegetación, altitud y aspectos relacionados con la temperatura y la precipitación. Estas variables se eligieron con base en lo reportado en la literatura que ha descrito el efecto de las características ambientales en diferentes especies de vectores de la enfermedad de Chagas (Bender et al., 2020; Caranha et al., 2011; Chico-Avelino, 2019; Eberhard et al., 2020; Gurgel-Gonçalves et al., 2011; Parra-Henao et al., 2016; Torres et al., 2020). De este grupo inicial, se seleccionaron aquellas que tuvieron mayor poder explicativo en el modelo de distribución potencial diseñado para las especies estudiadas en este trabajo. Para las cuatro especies de triatominos, se utilizaron cinco variables para modelar la probabilidad de presencia, las cuales en conjunto mostraron al menos el 45% de los valores de contribución e importancia y que no estuvieron correlacionadas entre sí (Tabla 9). Para el modelo de *T. dimidiata*, los tipos de clima, los usos de suelo y vegetación contribuyeron más, mientras que la altitud y la precipitación del mes más seco (BIO14) fueron los más importantes. En el caso del modelo de *T. mexicana*, de las seis variables que se incluyeron las que contribuyeron más fueron los tipos de clima y la altitud, y las más importantes fueron nuevamente la altitud y la precipitación anual (BIO12). Con respecto a *T. gerstaeckeri*, los tipos de clima, la vegetación y el uso de suelo contribuyeron más, y la altitud resultó ser la variable más importante. De manera interesante para *T. barberi*, a diferencia de las otras especies la altitud no mostró un papel determinante en su distribución potencial por lo que se descartó, de esta manera su modelo únicamente incluyó cinco variables explicativas, siendo los tipos de clima y los usos de suelo y vegetación los que más contribuyen, y la precipitación del trimestre más seco (BIO17) y la isothermalidad (BIO3) resultaron ser las más importantes (Tabla 9). De manera general, con estos resultados se puede decir que, en las cuatro especies de triatominos modeladas, los tipos de clima es la variable que más contribuye en el modelamiento de las zonas de probabilidad de presencia con un rango de porcentaje de contribución del 27.7 al 33.7%, seguido de los usos de suelo y vegetación (17 a 31.5%), mientras que la variable más importante fue la altitud con el 42.1% de importancia para *T. dimidiata*, con el 47.6% para *T. mexicana* y con el 77.9% para *T. gerstaeckeri*. Sin embargo, la precipitación del trimestre más seco (BIO17) fue la variable con mayor importancia en el modelo de *T. barberi* (51.1%) (Tabla 9). En resumen, si bien la distribución potencial de las especies de triatominos se vio influenciada por diferentes factores geoclimáticos (variables), los

tipos de clima y la altitud fueron los más determinantes en el proceso del modelamiento de la probabilidad de presencia de los vectores de la enfermedad de Chagas en el estado de Hidalgo.

Tabla 9. Valores de contribución e importancia de las variables incluidas en el modelado de distribución potencial de las especies de triatomos.

		<i>Triatoma dimidiata</i>	<i>Triatoma mexicana</i>	<i>Triatoma gerstaeckeri</i>	<i>Triatoma barberi</i>
Nombre	Variable	Contribución (%)			
Climas	Tipos de climas	33.7	32.5	27.7	32.4
uso_suelo	Usos de suelo y vegetación	21.9	17	24.1	31.5
Altitud	Altitud	3.9	25.3	22.1	-
Ndvi	Índice de Vegetación de Diferencia Normalizada (NDVI) - Cantidad de Biomasa	14.1	17.5	8.2	10.4
BIO14	Precipitación del mes más seco	19.3	-	-	-
BIO17	Precipitación del trimestre más seco	-	-	-	16
BIO6	Temperatura mínima del mes más frío	-	-	15.7	-
BIO3	Isotermalidad (BIO2/BIO7) (×100)	7.1	-	-	9.7
BIO12	Precipitación anual	-	4	-	-
BIO2	Rango de temperaturas diurnas	-	3.7	-	-
BIO13	Precipitación del mes más lluvioso	-	-	2.2	-
BIO1	Temperatura media anual	-	-	-	-
BIO4	Estacionalidad de la temperatura (Desviación estándar ×100)	-	-	-	-
BIO5	Temperatura máxima del mes más cálido	-	-	-	-
BIO7	Rango anual de temperatura (BIO5-BIO6)	-	-	-	-
BIO8	Temperatura media del trimestre más lluvioso	-	-	-	-
BIO9	Temperatura media del trimestre más seco	-	-	-	-
BIO10	Temperatura media del trimestre más cálido	-	-	-	-
BIO11	Temperatura media del trimestre más frío	-	-	-	-
BIO15	Estacionalidad de la precipitación	-	-	-	-
BIO16	Precipitación del trimestre más lluvioso	-	-	-	-
BIO18	Precipitación del trimestre más cálido	-	-	-	-
BIO19	Precipitación del trimestre más frío	-	-	-	-
Nombre	Variable	Importancia (%)			
Altitud	Altitud	42.1	47.6	77.9	-
Ndvi	Índice de Vegetación de Diferencia Normalizada (NDVI) - Cantidad de Biomasa	10.9	16.1	5.6	17.5
uso_suelo	Usos de suelo y vegetación	3.3	10.7	6.4	9.4
Climas	Tipos de climas	2.7	4.8	5.5	1.7

BIO3	Isotermalidad (BIO2/BIO7) (×100)	1	-	-	20.3
BIO17	Precipitación del trimestre más seco	-	-	-	51.1
BIO14	Precipitación del mes más seco	40	-	-	-
BIO12	Precipitación anual	-	17.4	-	-
BIO2	Rango de temperaturas diurnas	-	3.4	-	-
BIO13	Precipitación del mes más lluvioso	-	-	2.5	-
BIO6	Temperatura mínima del mes más frío	-	-	2.1	-
BIO1	Temperatura media anual	-	-	-	-
BIO4	Estacionalidad de la temperatura (Desviación estándar ×100)	-	-	-	-
BIO5	Temperatura máxima del mes más cálido	-	-	-	-
BIO7	Rango anual de temperatura (BIO5-BIO6)	-	-	-	-
BIO8	Temperatura media del trimestre más lluvioso	-	-	-	-
BIO9	Temperatura media del trimestre más seco	-	-	-	-
BIO10	Temperatura media del trimestre más cálido	-	-	-	-
BIO11	Temperatura media del trimestre más frío	-	-	-	-
BIO15	Estacionalidad de la precipitación	-	-	-	-
BIO16	Precipitación del trimestre más lluvioso	-	-	-	-
BIO18	Precipitación del trimestre más cálido	-	-	-	-
BIO19	Precipitación del trimestre más frío	-	-	-	-

Con la finalidad de evitar modelos redundantes o poco explicativos, se realizó el análisis de correlación de Pearson para las variables incluidas en los modelos de distribución potencial de las cuatro especies de triatomíneos. Al realizar esta prueba no se encontró autocorrelación entre las variables seleccionadas y utilizadas en los modelos, ya que los valores se encuentran muy cercanos a los valores cero, con un rango global de -0.42 (*T. gerstaeckeri*) a 0.41 (*T. dimidiata*) (Figura 28). En el caso de *T. dimidiata*, el valor más bajo fue de -0.36 entre los climas y la precipitación del mes más seco (BIO14), mientras que la correlación más alta se dio entre los climas y la altitud con un valor de 0.41 (Figura 28 A). En el caso de *T. mexicana* se encontró un rango de -0.40 a 0.34, entre la precipitación anual (BIO12) y la altitud y la cantidad de biomasa (ndvi), respectivamente (Figura 28 B). Para *T. gerstaeckeri* los valores fueron desde -0.42 entre la altitud y la precipitación del mes más lluvioso, hasta 0.30 entre la cantidad de biomasa (ndvi) y la temperatura mínima del mes más frío (Figura 28 C). Finalmente, para *T. barberi* se obtuvieron valores de -0.39 (tipos de climas e isotermalidad) hasta 0.36 (precipitación del trimestre más seco y cantidad de biomasa –ndvi-) (Figura 28 D). Por lo que, con base en estos valores, se puede decir que los modelos diseñados en este apartado tienen un alto poder explicativo para las especies con mayor presencia en el estado de Hidalgo.

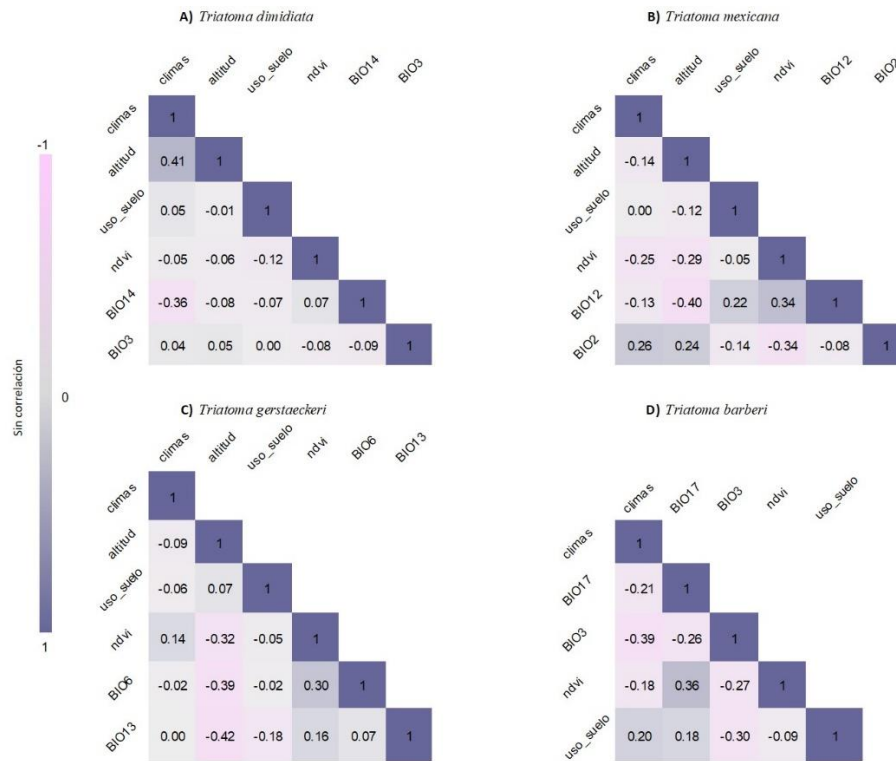


Figura 28. Valores del coeficiente de correlación de Pearson evaluados para las variables incluidas en los modelos de distribución potencial de las especies de triatomos.

Significancia de las variables obtenida con la prueba de jackknife

Para conocer el efecto de las variables en los modelos de distribución potencial de las especies de vectores, obtuvimos los resultados de la prueba de jackknife. Para *T. dimidiata* la precipitación del mes más seco (BIO14) explicó por si sola más de la mitad de la variación espacial del modelo, seguida de la isothermalidad (BIO3), la altitud y los tipos de clima (Figura 29 A). Los tipos de climas y la altitud por si solas contribuyeron en mayor medida en el modelamiento de la distribución potencial de *T. mexicana* y *T. gerstaeckeri* (Figura 29 B y C). Mientras que *T. barberi* la variable que explica por si sola mayoritariamente son los tipos de clima seguida de los usos de suelo y vegetación (Figura 29 D).

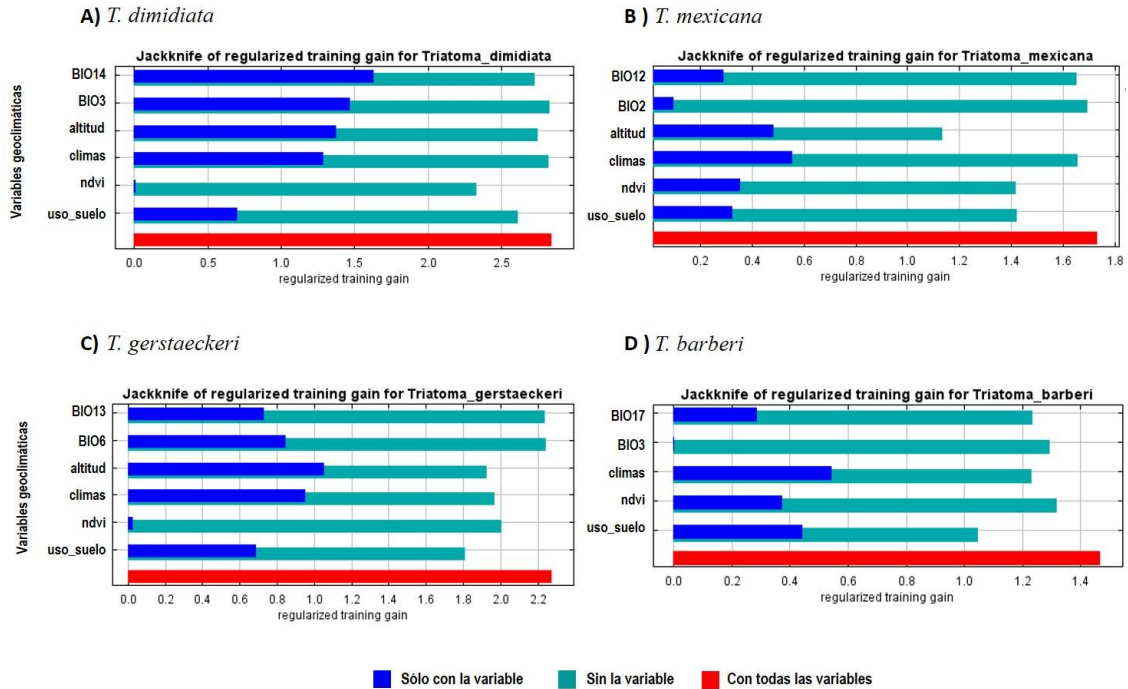


Figura 29. Resultados de la prueba de Jackknife obtenidos con MaxEnt para A) *T. dimidiata*, B) *T. mexicana*, C) *T. gerstaeckeri* y D) *T. barberi*. La barra azul marino representa la ganancia del modelo sólo con la variable. La barra turquesa representa la ganancia del modelo si se eliminara la variable. La barra roja representa la ganancia del modelo con todas las variables incluidas.

Además, con este resultado se identificaron aquellas variables que al eliminarlas impactan en el rendimiento de los modelos, es decir que son fundamentales en el mapeo de la probabilidad de presencia de estas especies de vectores. Para el modelo de *T. dimidiata* fueron la cantidad de biomasa (ndvi) y los usos de suelo y vegetación (Figura 29 A). En el caso de *T. mexicana* fue la altitud, la cantidad de biomasa (ndvi) y los usos de suelo y vegetación (Figura 29 B). Para *T. gerstaeckeri*, las variables explicativas clave fueron el uso de suelo y vegetación, la altitud, los tipos de clima y la cantidad de biomasa (ndvi) (Figura 29 C). En el modelo de *T. barberi*, todas las variables que se emplearon para la modelización tuvieron un impacto importante en el rendimiento del modelo, ya que al eliminarlas la ganancia de este disminuiría considerablemente. De manera particular los usos de suelo y vegetación, los tipos de clima y la precipitación del trimestre más seco (BIO17) fueron las variables clave en ese modelo (Figura 29 D). Por lo tanto, con estos resultados se puede decir que los tipos de clima contribuyeron más en los modelos de *T. mexicana* y *T. barberi*, mientras que la altitud tuvo mayor influencia en el modelo de *T. dimidiata* y la precipitación del mes más seco (BIO14) en el de *T. gerstaeckeri*. La omisión de la cantidad de biomasa (ndvi) y la altitud afectaría el rendimiento del modelo de *T. dimidiata* y *T. mexicana*, mientras que la exclusión de los usos de suelo y vegetación tendría un impacto en el modelo de *T. gerstaeckeri* y *T. barberi*, por lo que se consideran variables con un alto poder explicativo en los modelos de probabilidad de presencia de estas especies de vectores.

Mapas de distribución potencial de las especies de triatomos para el estado de Hidalgo (probabilidad de presencia)

Con los resultados de los modelos más parsimoniosos (con las variables con mayor explicativo), se diseñaron los mapas de distribución potencial para cada especie que indican la probabilidad de presencia en el estado de Hidalgo, las cuales se obtuvieron con MaxEnt. Como se puede observar en la Figura 30, para *T. dimidiata*, es muy claro que los sitios con mayor probabilidad de presencia (con valores de entropía de 0.75 a 1), se encuentran en el este y en el noreste del estado, dentro de las regiones geoculturales de la Sierra de Tenango y la Huasteca. Dentro de la Sierra de Tenango, los municipios que presentaron mayor probabilidad de presencia para esta especie fueron San Bartolo Tutotepec, Huehuetla y Tenango de Doria (Figura 30, 11 - 13). Mientras que, en la Huasteca, los municipios de San Felipe Orizatlán, Tlanchinol, Jaltocán, Huejutla de Reyes, Huazalingo, Atlapexco, Huautla, Calnali, Yahualica y Xochitlapan tuvieron altas probabilidades de presencia para esta especie (Figura 30, 1 - 10). En otras regiones y municipios, las probabilidades de presencia de *T. dimidiata* fueron prácticamente nulas (Figura 30).

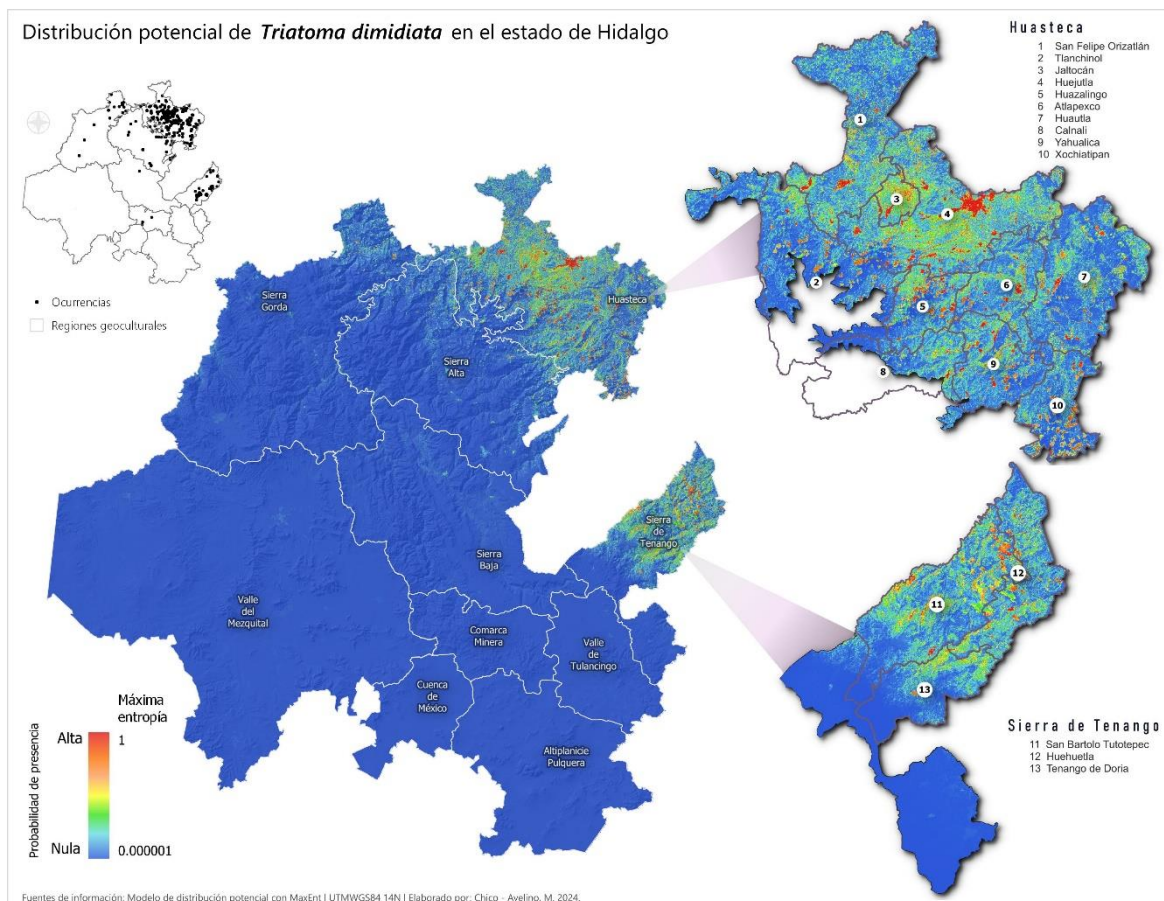


Figura 30. Mapa de distribución potencial de *T. dimidiata* en el estado de Hidalgo. Los tonos más fríos representan las probabilidades de presencia más bajas (valores de entropía de 0.000001), mientras que los tonos más cálidos representan las probabilidades de presencia más alta (valores de entropía de 1). Los límites municipales están representados con un borde gris y se identifican con círculos blancos que contienen un número, que corresponde al nombre del municipio el cual se muestra al lado de cada región ampliada. Los límites de las regiones geoculturales están representados con un borde blanco. Los puntos negros representan las ocurrencias *T. dimidiata* que se utilizaron para generar el modelo con MaxEnt.

Para *T. mexicana*, las zonas con probabilidad de presencia alta (0.75-0.999993) se ubicaron en el centro, oeste y noroeste del estado de Hidalgo (Figura 31). Los valores más altos se concentraron en la región geocultural de la Sierra Baja, principalmente en los municipios de Eloxochitlán, Cardonal, Metztitlán y San Agustín Metzquititlán (Figura 31, 6 – 9). En la zona oeste, los sitios con mayor probabilidad de presencia se concentran en la zona norte del Valle del Mezquital, principalmente en los municipios de Tecozautla, Tasquillo e Ixmiquilpan (Figura 31, 10-12). Y en el noroeste del estado, las áreas con mayor probabilidad de presencia se localizan en la región de la Sierra Gorda, principalmente en los municipios de Pacula, Jacala, Zimapán, Nicolás Flores y Tlahuiltepa (1 – 5, Figura 31). El resto de las regiones geoculturales y municipios, mostraron rangos de probabilidad de presencia nula a baja para *T. mexicana* (Figura 31).

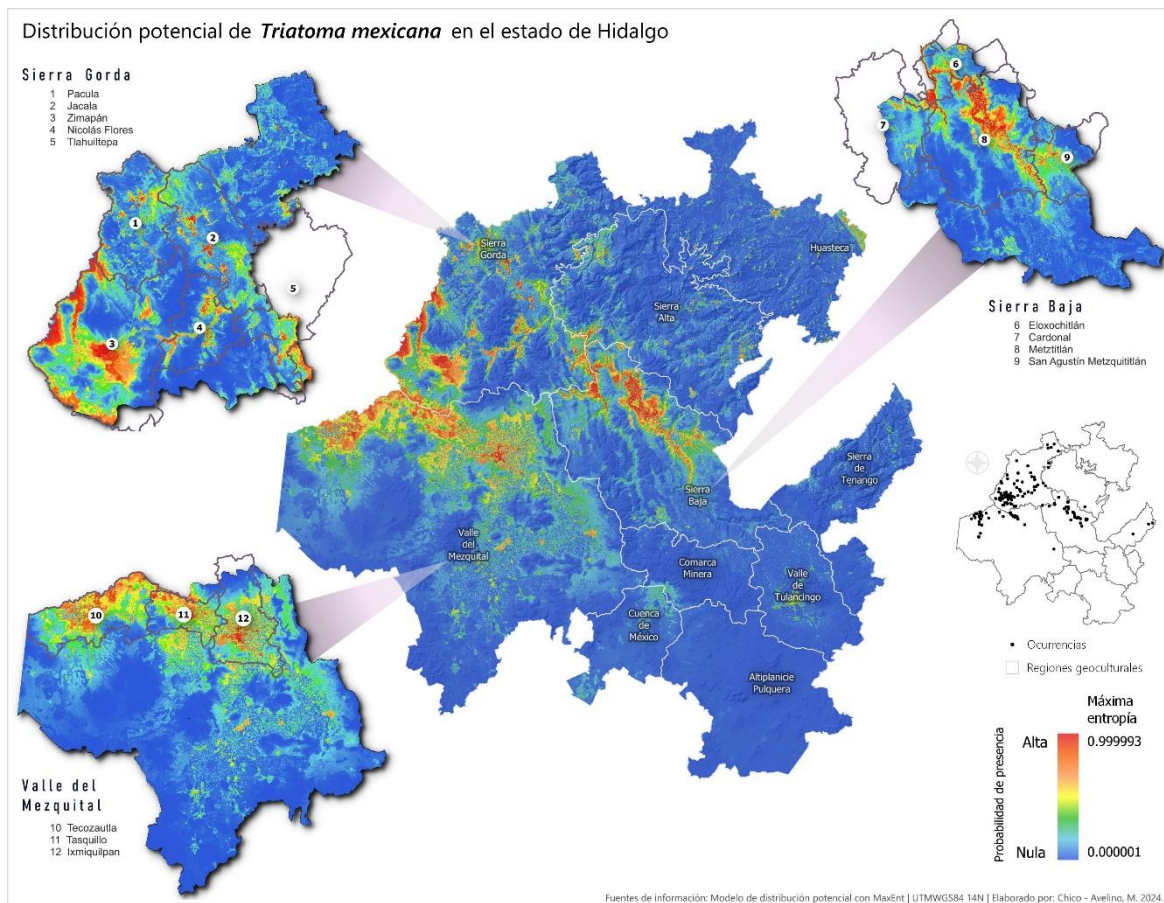


Figura 31. Mapa de distribución potencial de *T. mexicana* en el estado de Hidalgo. Los tonos más fríos representan las probabilidades de presencia más bajas (valores de entropía de 0.000001), mientras que los tonos más cálidos representan las probabilidades de presencia más alta (valores de entropía de 0.999993). Los límites municipales están representados con un borde gris y se identifican con círculos blancos que contienen un número, que corresponde al nombre del municipio el cual se muestra al lado de cada región ampliada. Los límites de las regiones geoculturales están representados con un borde blanco. Los puntos negros representan las ocurrencias *T. mexicana* que se utilizaron para generar el modelo con MaxEnt.

El modelo de *T. gerstaeckeri* mostró sitios de alta probabilidad de presencia (rango de 0.75-1) en el este, noreste y norte de Hidalgo (Figura 32). En el este del estado en la región de la Sierra de Tenango, los municipios con sitios adecuados (con mayor probabilidad de presencia) fueron San Bartolo Tutotepec, Huehuetla y Tenango de Doria (Figura 32, 15 -17). En la zona noreste en la región

de la Huasteca, se tuvieron otros sitios con alta probabilidad de presencia dentro de los municipios de San Felipe Orizatlán, Jaltocán, Tlanchinol, Huejutla de Reyes, Huazalingo, Atlapexco, Calnali, Yahualica y Xochiatipan (Figura 32, 5 -14). Otros sitios con alta probabilidad de presencia se localizaron en la Sierra Gorda, principalmente dentro de los municipios de Pisaflores, Chapulhuacán, La Misión y Jacala (Figura 32, 1-4). De igual manera se identificaron sitios que mostraron valores de entropía entre 0.98 y 0.99, dentro de los municipios de San Agustín Metzquititlán y Metzquititlán de la región de la Sierra Baja (Figura 32). En contraste, el modelo clasificó áreas con probabilidad cero de presencia de *T. gerstaeckeri* en las regiones del Valle del Mezquital, la Comarca Minera, la Cuenca de México, el Valle de Tulancingo y la Altiplanicie Pulquera (Figura 32).

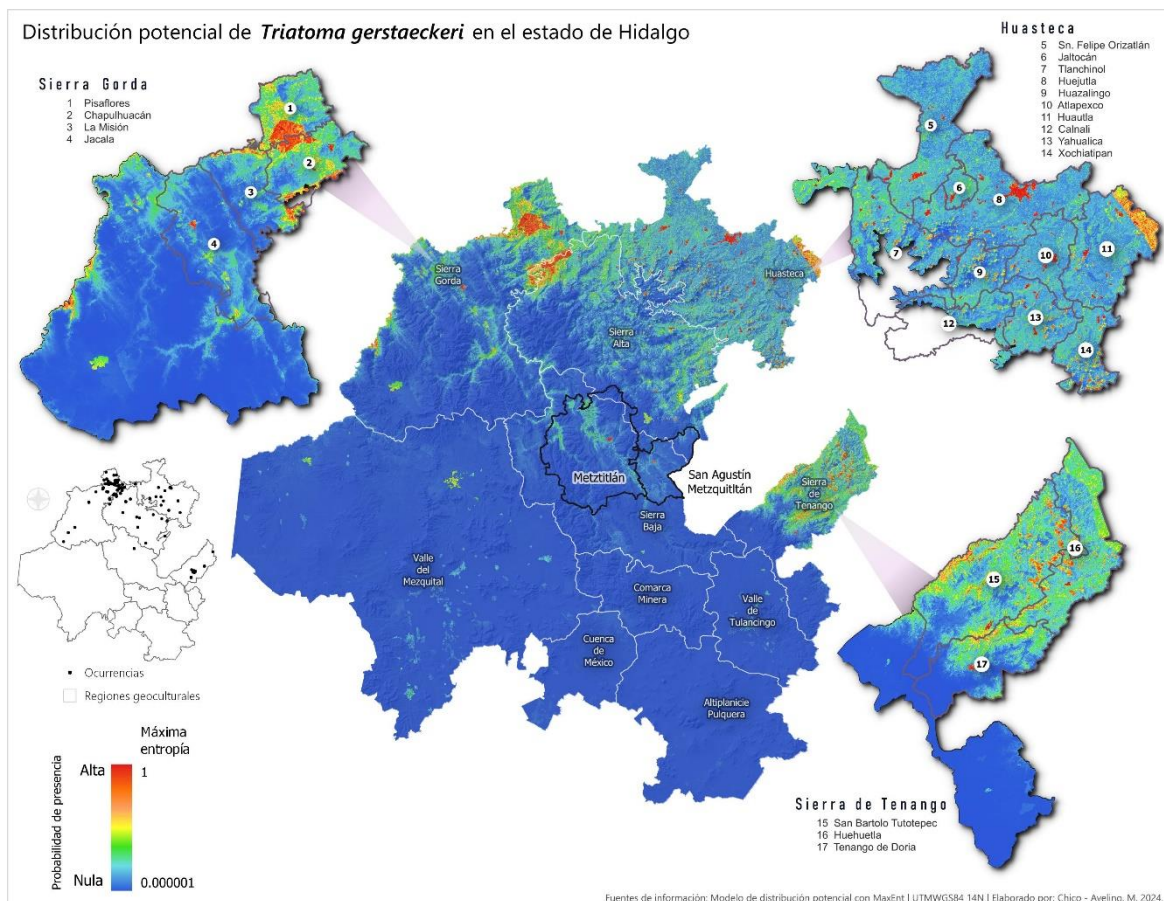


Figura 32. Mapa de distribución potencial de *T. gerstaeckeri* en el estado de Hidalgo. Los tonos más fríos representan las probabilidades de presencia más bajas (valores de entropía de 0.000001), mientras que los tonos más cálidos representan las probabilidades de presencia más alta (valores de entropía de 1). Los límites municipales están representados con un borde gris y se identifican con círculos blancos que contienen un número, que corresponde al nombre del municipio el cual se muestra al lado de cada región ampliada. Los límites de las regiones geoculturales están representados con un borde blanco. Los puntos negros representan las ocurrencias *T. gerstaeckeri* que se utilizaron para generar el modelo con MaxEnt.

El modelo de *T. barberi* mostró una probabilidad de presencia más amplia que las otras especies estudiadas. Las regiones geoculturales que de acuerdo con el modelo tienen la mayor probabilidad de presencia (0.75 - 0.993476) se encontraron al noroeste de la Sierra Gorda, en la zona central de la Sierra Baja y el Valle del Mezquital (Figura 33). Dentro de la Sierra Gorda, los sitios idóneos se localizan en los municipios de Pacula, Jacala y Zimapán (Figura 33, 1-3). Una gran área de alta

probabilidad de presencia se delimitó dentro de los municipios de Metztlán, Eloxochtlán, San Agustín Metzquititlán y Cardonal en la región de la Sierra Baja (Figura 33, 4 – 7). En el Valle del Mezquital se identificaron numerosos municipios con probabilidades altas de presencia como Tecozautla, Tasquillo, Ixmiquilpan y Huichapan en el norte, Actopan en el este, y Progreso de Obregón, Mixquiahuala, Tezontepec, Tlahuelilpan, Tlaxcoapan, Tula de Allende, Atitalaquia, Atotonilco de Tula y Tepeji del Río en el centro-sur (Figura 33, 8-21). Otros sitios de menor probabilidad fueron Pachuca y Mineral de la Reforma en la Comarca Minera, Tizayuca en la Cuenca de México, Tulancingo y Cuauhtepac de Hinojosa en el Valle de Tulancingo, y Tepeapulco en la Atiplanicie Pulquera (Figuras 33 y 9). En contraste, la Huasteca y la Sierra de Tenango no mostraron probabilidad de presencia (Figura 33).

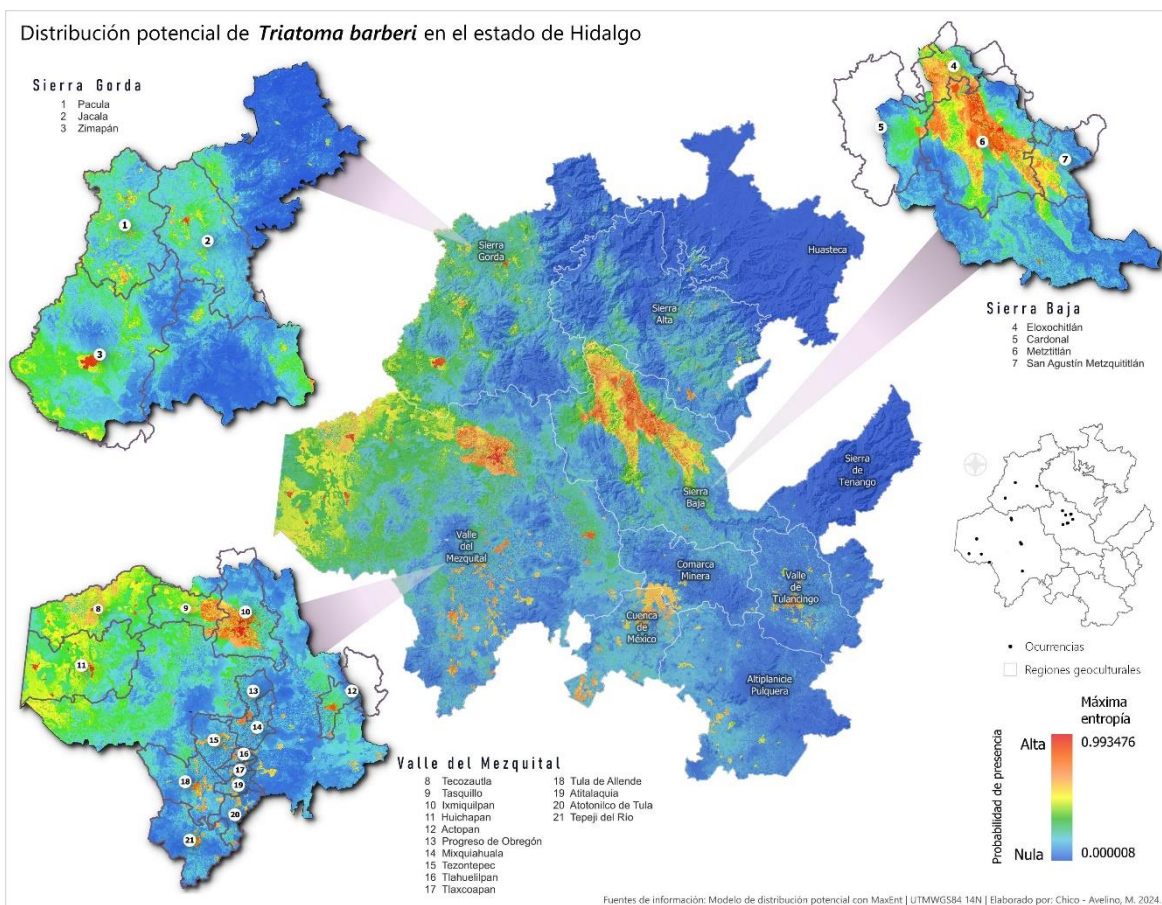


Figura 33. Mapa de distribución potencial de *T. barberi* en el estado de Hidalgo. Los tonos más fríos representan las probabilidades de presencia más bajas (valores de entropía de 0.000008), mientras que los tonos más cálidos representan las probabilidades de presencia más alta (valores de entropía de 0.993476). Los límites municipales están representados con un borde gris y se identifican con círculos blancos que contienen un número, que corresponde al nombre del municipio el cual se muestra al lado de cada región ampliada. Los límites de las regiones geoculturales están representados con un borde blanco. Los puntos negros representan las ocurrencias *T. barberi* que se utilizaron para generar el modelo con MaxEnt.

Validación estadística de los modelos de distribución potencial de las especies de triatominos en el estado de Hidalgo

La validación estadística de los modelos de distribución potencial se evaluó calculando la métrica AUC utilizando MaxEnt y NicheToolBox. Los cuatro modelos arrojaron valores AUC aceptables superiores a 0.90 con ambos algoritmos. Estos valores de AUC indican que más del 90% de las ocurrencias fueron correctamente clasificadas como sitios potenciales de presencia dentro de los modelos. Específicamente, el modelo de *T. dimidiata* obtuvo un valor de AUC de 0.969 con MaxEnt (Figura 34 A) y de 0.983 con NicheToolBox. El valor de AUC para *T. mexicana* fue de 0.935 con MaxEnt (Figura 34 B) y de 0.969 con NicheToolBox. *T. gerstaeckeri* tuvo un valor de AUC de 0.957 con MaxEnt (Figura 34 C) y de 0.966 con NicheToolBox. El modelo de *T. barberi* arrojó un valor de AUC de 0.94 con MaxEnt (Figura 34 D) y de 0.945 con NicheToolBox. Estos resultados demostraron que los modelos de distribución de especies para los cuatro triatominos estadísticamente adecuados, según las métricas de AUC calculadas de forma independiente con dos algoritmos. Los valores de AUC estuvieron dentro del rango de muy bueno a excelente, por encima del 90%.

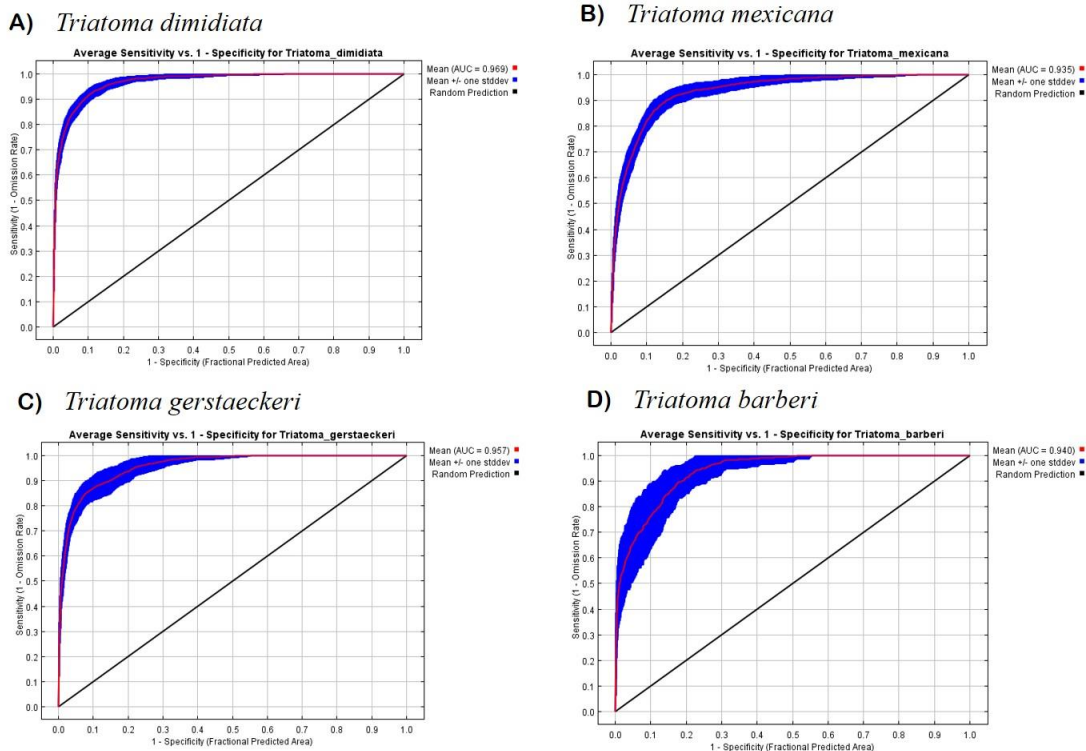


Figura 34. Curva de Receiver Operating Characteristic (ROC) obtenida con MaxEnt. Para A) *T. dimidiata*, B) *T. mexicana*, C) *T. gerstaeckeri* y D) *T. barberi*. La línea roja representa la tendencia de la media de los valores de AUC obtenidos en las 50 réplicas del modelo. El área azul marino, es la media +/- una desviación estándar de los valores de AUC obtenidos en las 50 réplicas del modelo. La línea negra corresponde a un modelo aleatorio que tendría un valor de AUC de 0.5.

Posterior a la validación estadística, se realizó la validación experimental (*in situ*) de los modelos, con la finalidad de evaluar que tan certeras fueron las clasificaciones de presencia y ausencia obtenidas en la modelización con MaxEnt y con esto realizar la recolecta de las especies de vectores en los sitios potenciales seleccionados. Se seleccionó un total de seis sitios potenciales de presencia/ausencia que como ya se mencionó son sitios que no habían sido muestreados

anteriormente por el Programa Estatal de Control de Vectores de la Secretaría de Salud de Hidalgo (PECVSSH). En la Figura 35 se representan los sitios de muestreo que corresponden a seis localidades dentro de los municipios de Huejutla de Reyes (Huasteca), Yahualica (Huasteca), Metztitlán (Sierra Baja) y Zimapán y Tecozautla (Valle del Mezquital). En el caso de Huejutla de Reyes, que tuvo un registro histórico alto a nivel municipal de 474 especímenes de *T. dimidiata*, se visitaron las localidades de Tlalnepanco y Nepalapa y en el municipio de Yahualica se muestreo la localidad de Olma, para validar la presencia de *T. dimidiata*. Para la validación del mapa de *T. mexicana* y *T. barberi* se visitaron localidades de los municipios de Metztitlán y Zimapán que tuvieron probabilidades de preseca de alta a muy alta en los modelos y con 77 y 247 especímenes de *T. mexicana* y 2 y 1 especímenes de *T. barberi*, respectivamente en las bases de datos históricas. Las localidades muestreadas para estas especies fueron Palo Blanco en Metztitlán y Ejido La Cruz en Zimapán. Además, se seleccionó una localidad (Guadalupe) en el municipio de Tecozautla que tuvo valores menores a 0.23 de probabilidad de presencia, por lo tanto, fue un sitio potencial de ausencia para las especies modeladas (control negativo).

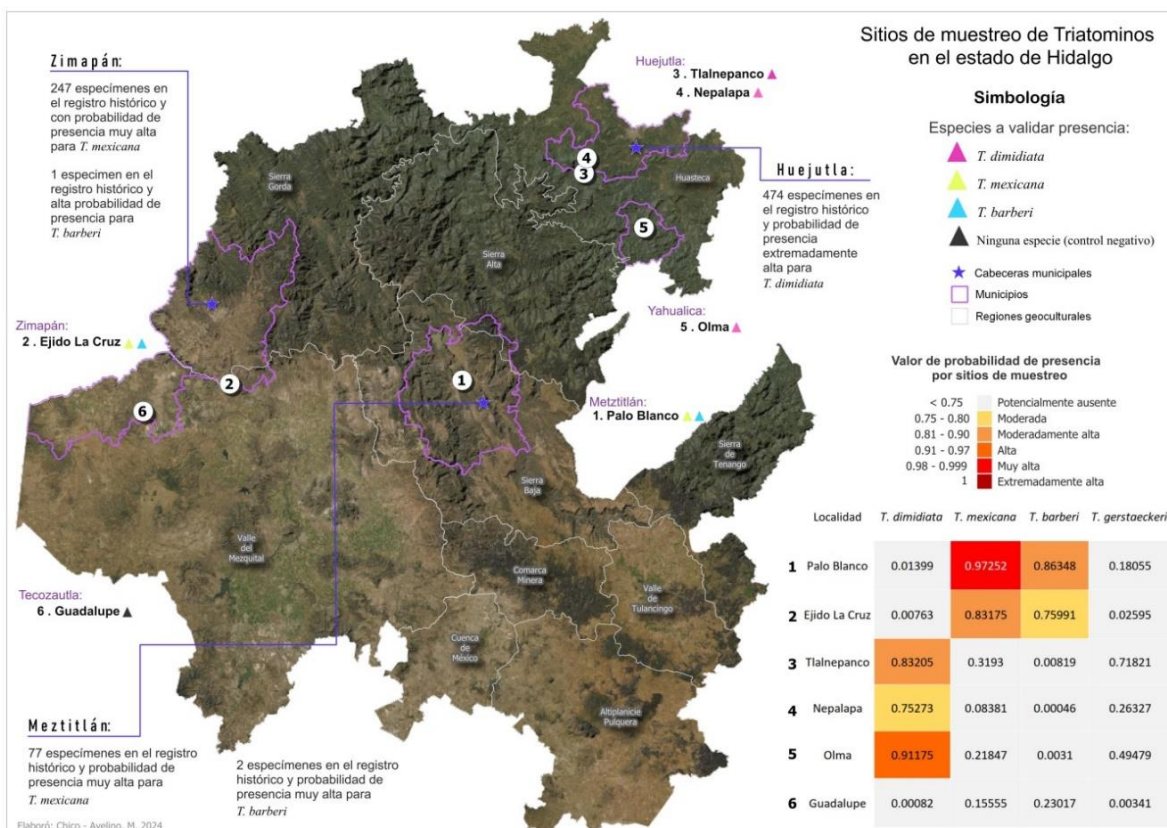


Figura 35. Sitios de muestreo para la validación experimental de presencia / ausencia de las especies de Triatominos en el estado de Hidalgo. Los sitios de muestreo se representan en círculos blanco con un identificador numérico (1-6). Para cada sitio de muestreo se indican con triángulos las especies a validar: *T. dimidiata* (en rosa), *T. mexicana* (en amarillo limón), *T. barberi* (azul cielo) y ninguna especie – control negativo (en negro). Las cabeceras municipales se representan con estrellas azules, y se acompañan de un texto del registro histórico y la probabilidad de presencia de las especies a validar. La tabla proporciona rangos de probabilidad de presencia para los sitios seleccionados, coloreados desde gris claro (<0.75- sitios potenciales de ausencia) hasta rojo oscuro (1 – probabilidad extremadamente). Los límites municipales se representan con líneas moradas y las regiones geoculturales en gris claro.

Recolecta de especímenes de las especies de triatominos en los sitios potenciales de presencia

Se recolectó un total de 65 especímenes de *T. dimidiata* en el intradomicilio de diez casas: la mayoría de ellos se recolectaron en la localidad de Tlalnepanco (14♀, 6♂, 13 ninfas), seguido de la localidad de Nepalapa (6♀, 4♂, 12 ninfas), y en menor cantidad en la localidad de Olma (5♀, 5 ninfas) (Figura 36 y Tabla 12). Esto corroboró una alta probabilidad de presencia de *T. dimidiata* en estos sitios dentro de la Huasteca. También se validó la ausencia esperada de *T. mexicana*, *T. gerstaeckeri* y *T. barberi* ya que estos sitios mostraron baja probabilidad de presencia en los mapas de distribución potencial, debido a los valores de entropía encontrados (Figuras 35 y 36). Dado que durante el trabajo de campo no se recolectaron especies diferentes a *T. dimidiata*, se concluyó que las ninfas recolectadas pertenecen a esta especie (Tabla 10). Respecto a *T. mexicana*, se validó su presencia en los sitios seleccionados de Metztitlán y Zimapán, recolectando 16 especímenes en ocho casas en total, cuatro de ellas en la localidad de Palo Blanco, Metztitlán (7♀, 8♂, 1 ninfa) y otras cuatro en la localidad del Ejido La Cruz, Zimapán con 11 especímenes recolectados (5♀, 6♂) (Figura 36 y Tabla 10). Los especímenes se encontraron mayoritariamente peridomiciliarios y se documentó su presencia como visitante nocturno. Debido a que solo se recolectaron adultos de *T. mexicana*, se asumió que la única ninfa recolectada también pertenecía a esta especie (Tabla 10).

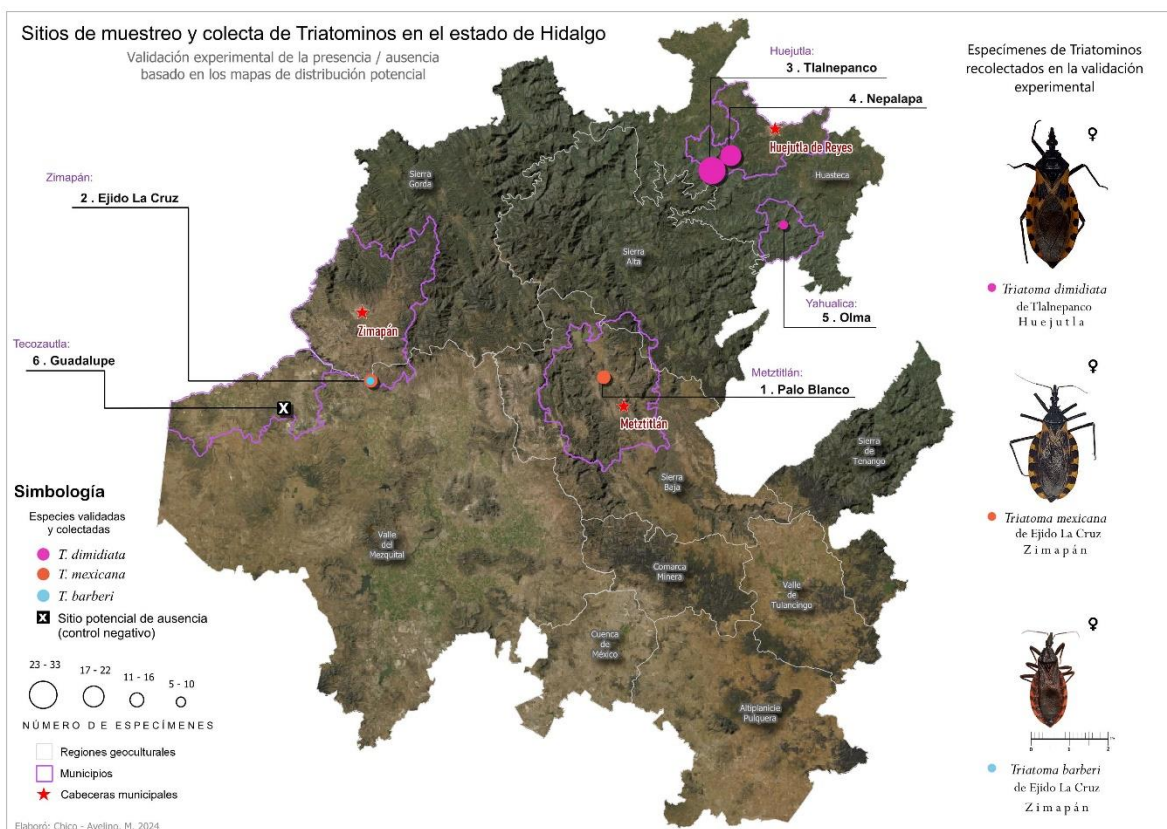


Figura 36. Sitios de muestreo y colecta de triatomínos para la validación experimental de presencia / ausencia basada en los modelos de distribución potencial. Los sitios de validación se representan en texto en negrita, mediante círculos de colores para *T. dimidiata* (en rosa), *T. mexicana* (en naranja) y *T. barberi* (en azul cielo). El tamaño de los círculos corresponde al número de especímenes colectados en las localidades. El sitio seleccionado como control negativo se representa con un cuadro negro y una "X" blanca. Las cabeceras municipales se representan con estrellas rojas. Los límites municipales se representan con líneas moradas y las regiones geoculturales en gris claro. Se incluyen fotografías de los especímenes representativos obtenidos en la colecta.

En el caso de *T. barberi*, durante el trabajo de campo se colectó (por participación comunitaria) una hembra adulta en el Ejido de La Cruz, Zimapán junto con cuatro ninfas en la misma vivienda. Estas ninfas fueron criadas hasta la madurez en el laboratorio y confirmadas como *T. barberi* (Figura 36 y Tabla 10). Sin embargo, la presencia de *T. barberi* no fue validada en la localidad de Palo Blanco, Metztlán, que de acuerdo con los modelos tuvo una probabilidad de presencia moderada de 0.86348 (Figura 35 y Tabla 10). Paralelamente, en estas localidades (Ejido La Cruz y Palo Blanco) se validó la ausencia esperada de *T. dimidiata* y *T. gerstaeckeri*, coincidiendo con los valores de baja probabilidad de presencia de sus modelos para estos sitios (Figuras 35 y 36).

Para la localidad de Guadalupe (control negativo) en Tecozautla, que tuvo valores bajos de probabilidad de presencia para todas las especies (< 0.23), y por lo tanto se consideró como un sitio potencial de ausencia (Figura 35). Como resultado de la búsqueda no se encontró ningún espécimen de *T. dimidiata*, *T. mexicana*, *T. gestaeckeri* ni *T. barberi*, validando así su no presencia (Figura 36 y Tabla 10). Desafortunadamente, para *T. gerstaeckeri* no fue posible validar directamente la presencia obtenida en el modelo, debido a motivos de inseguridad en los sitios potenciales de colecta. Sin embargo, la ausencia de esta especie fue corroborada en los sitios muestreados mencionados anteriormente que tuvieron valores muy bajos (0.00341 - 0.71821) de probabilidad de presencia según su modelo (Figuras 35 y 36).

Como se muestra en la Tabla 10, del total de las viviendas de las localidades (700), se visitaron 82 viviendas, sin embargo, únicamente se tuvo acceso por parte de la población a 18 viviendas, que resultaron todas positivas a la presencia de triatominos, obteniendo un total de 97 especímenes. La mayoría de los especímenes (86 / 97, 89.7%) se encontraron intradomiciliarios y sólo 11 especímenes (11.3%) peridomiciliarios. La colecta mediante el método hora-hombre por vivienda (Figura 37 A -D) resultó más efectiva para *T. dimidiata*, colectándose todos sus especímenes con esta técnica. Para *T. barberi* y *T. mexicana*, la participación comunitaria tuvo una mejor eficiencia (Figura 37 E-F). También se colectaron manualmente dos especímenes de *T. mexicana* (♀, ninfa) durante la noche y otro con una trampa de cebo de ratón (Figura 37 G). En la localidad de Guadalupe seleccionada como control negativo que tuvo baja probabilidad de presencia en los modelos de distribución potencial, se realizó la búsqueda en cuatro viviendas utilizando el método hora-hombre, trampas y la participación comunitaria (Figura 37 H), no encontrándose ejemplares de las especies objetivo (Figura 36 y Tabla 10). Esto demuestra que el enfoque y criterios aplicados en el diseño de muestreo, permitió la validación con éxito de la probabilidad de presencia de *T. dimidiata*, *T. mexicana* y *T. barberi* obtenida en los modelos de distribución potencial. Si bien la validación de la presencia de *T. gerstaeckeri* no fue posible, los resultados sugieren que su modelo también funcionaría bien, lo que justificaría trabajos de validación a futuro.

Tabla 10. Número de ejemplares colectados de *T. dimidiata*, *T. mexicana* y *T. barberi* en la validación experimental.

Cabecera Municipal	Localidad	Región geocultural	Especies Potencialmente Ausentes	Especies Potencialmente presentes	Total de casas	Total de casas visitadas	Casas Positivas	Especímenes colectados	<i>T. mexicana</i>			<i>T. dimidiata</i>			<i>T. barberi</i>			Entorno		Técnica de colecta			
									H	M	N	H	M	N	H	M	N	I	P	Pc	Cm	M-H	T
Metztlitlán	Palo Blanco	Sierra Baja	<i>T. dimidiata</i> <i>T. gerstaeckeri</i>	<i>T. mexicana</i> <i>T. barberi</i>	15	6	4	16	7	8	1	0	0	0	0	0	0	10	6	14	2	0	NA
Zimapán	Ejido La Cruz	Valle del Mezquital	<i>T. dimidiata</i> <i>T. gerstaeckeri</i>	<i>T. mexicana</i> <i>T. barberi</i>	62	10	4	16	5	6	0	0	0	1	0	4	11	5	14	1	0	1	
Huejutla de Reyes	Tlalnepanco	Huasteca	<i>T. gerstaeckeri</i> <i>T. mexicana</i> <i>T. barberi</i>	<i>T. dimidiata</i>	317	36	5	33	0	0	0	14	6	13	0	0	0	33	0	0	0	33	NA
	Nepalapa	Huasteca	<i>T. gerstaeckeri</i> <i>T. mexicana</i> <i>T. barberi</i>	<i>T. dimidiata</i>	41	21	2	22	0	0	0	6	4	12	0	0	0	22	0	0	0	22	NA
Yahualica	Olma	Huasteca	<i>T. gerstaeckeri</i> <i>T. mexicana</i> <i>T. barberi</i>	<i>T. dimidiata</i>	45	5	3	10	0	0	0	5	0	5	0	0	0	10	0	0	0	10	NA
Tecoautla	Guadalupe	Valle del Mezquital	<i>T. dimidiata</i> <i>T. mexicana</i> <i>T. gerstaeckeri</i> <i>T. barberi</i>	NA	220	4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
TOTAL					700	82	18	97	12	14	1	25	10	30	1	0	4	86	11	28	3	65	1

NA: No aplica; H: Hembras; M: Machos; N: Ninfas; I: Intradomicilio; P: Peridomicilio; Pc: Participación comunitaria; Cm: Colecta manual; M-H: Hora - Hombre; T: Trampa.



Figura 37. Técnicas de colecta aplicadas en el muestreo durante la validación de la presencia / ausencia de triatominos en el estado de Hidalgo. A – D. Colecta con el método hora-hombre. E. Participación comunitaria. F. Ejemplares colectados de *T. barberi* por participación comunitaria. G. Ejemplar de *T. mexicana* colectado por trapeo con cebo de ratón. H. Colocación de trampa y método hora-hombre en la localidad de Guadalupe.

Tamaño de la muestra mínima de la colecta de triatominos para la validación experimental

Para evaluar si la cantidad de triatominos colectados durante la validación experimental fue estadísticamente representativa, se realizó el cálculo del tamaño de la muestra. Para esto se utilizó una fórmula para poblaciones finitas, considerando tres tipos de datos (Tabla 11), obtenidos del análisis de los registros históricos: 1) El promedio anual de registros de especímenes por especie del programa estatal de Control de Vectores de la Secretaría de Salud de Hidalgo y del InDRE, 2) Años con registros para cada especie, y 3) Registros totales de especímenes durante los 22 años de datos. Los cálculos arrojaron que la muestra anual mínima que se requería era de 8 especímenes para *T. dimidiata*, 7 para *T. mexicana*, 6 para *T. gerstaeckeri* y 4 para *T. barberi*. Por lo que, como se muestra en la Tabla 10, se recolectaron 65 especímenes de *T. dimidiata*, 27 de *T. mexicana* y 5 de *T. barberi*, superando la muestra mínima calculada. Desafortunadamente, como se mencionó anteriormente, la validación de campo de la presencia de *T. gerstaeckeri* no fue posible. Sin embargo, estos resultados corroboraron que las muestras colectadas fueron estadísticamente suficientes para las tres especies que fue posible validar en campo.

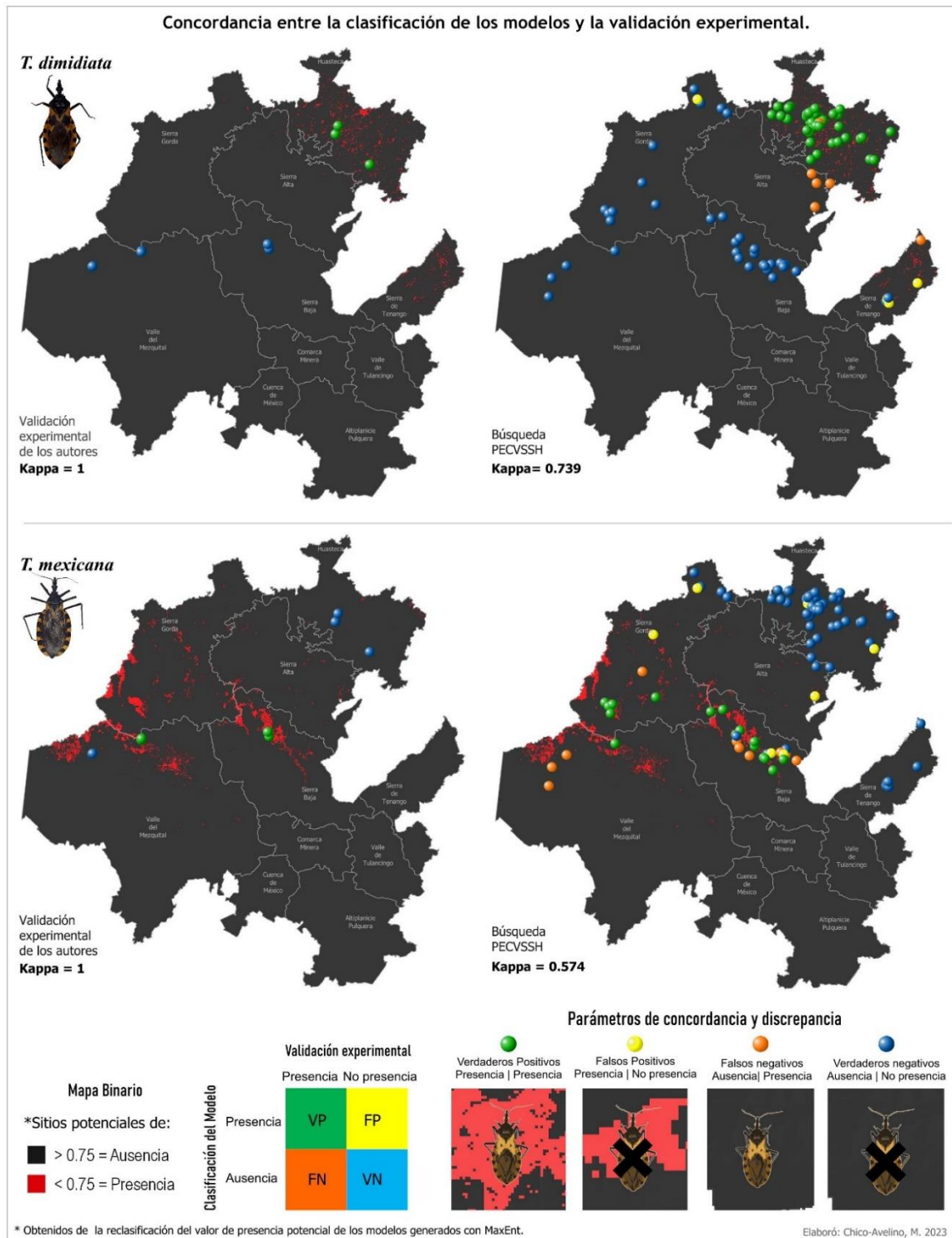
Tabla 11. Datos utilizados para el cálculo de la muestra estadísticamente significativa* para las especies triatominos con base en los datos históricos (22 años) para el estado de Hidalgo.

	<i>T. dimidiata</i>	<i>T. mexicana</i>	<i>T. barberi</i>	<i>T. gerstaeckeri</i>
Promedio anual de especímenes (22 años).	99	62	6	20

Años con registros (de 22 años).	20	18	12	18
Total de especímenes (22 años).	1975	344	62	1106
*Muestra anual mínima requerida.	8	6	4	7

Concordancia de la clasificación de los modelos de distribución potencial y la validación experimental

Para evaluar la capacidad de clasificación de los modelos, se analizó la concordancia entre la probabilidad de presencia/ausencia y resultados obtenidos del muestreo en el trabajo de campo del 2022 al 2023. Específicamente, se evaluó la concordancia de los seis sitios muestreados por nuestro grupo de investigación y los datos de recolección anual de 100 localidades muestreadas por el Programa Estatal de Control de Vectores de la Secretaría de Salud de Hidalgo (PECVSSH) del mismo año. Para *T. dimidiata*, los datos de la validación experimental mostraron una concordancia del 100% ($Kappa=1$) con respecto a los sitios clasificados como potenciales de presencia/ausencia. Los verdaderos positivos se localizan en la Huasteca y los verdaderos negativos en la Sierra Baja y el Valle del Mezquital. No se obtuvieron falsos positivos ni negativos, para este modelo (Figura 38). Por su parte, la concordancia PECVSSH fue menor ($Kappa= 0.739$), obteniendo casos de falsos positivos y falsos negativos, principalmente en la región de la Huasteca, al este de la Sierra Alta, al este de la Sierra de Tenango y al norte de la Sierra Gorda (Figura 38). Para *T. mexicana* nuestra validación también obtuvo el 100% de concordancia ($Kappa= 1$). Los verdaderos positivos se localizan en la Sierra Baja y el Valle del Mezquital y los verdaderos negativos en la Huasteca y en el Valle del Mezquital (Figura 38). Para este modelo no se obtuvieron falsos positivos/negativos. En contraste, la concordancia del PECVSSH fue menor ($Kappa= 0.574$) con falsos positivos en múltiples regiones (Huasteca, Sierra Gorda y Sierra Baja) y falsos negativos en Sierra Gorda, Sierra Baja y Valle del Mezquital (Figura 38). Con respecto a *T. barberi* se obtuvo una baja concordancia ($Kappa=0.278$), entre validación experimental y el modelo de presencia/ausencia. Las concordancias se localizan en las regiones de la Huasteca y en Valle del Mezquital (verdaderos negativos). El único registro que resultó como un verdadero positivo se dio en el Valle del Mezquital (Ejido La Cruz). Los falsos positivos se dieron en la Sierra Baja (Figura 39). La concordancia del PECVSSH fue aún menor ($Kappa = 0.185$) (Figura 39). Los verdaderos negativos se dieron en la Huasteca, la Sierra Gorda, la Sierra Baja, el Valle del Mezquital y la Sierra de Tenango. Mientras que los verdaderos positivos en la región de la Sierra Baja. Las discrepancias (falsos verdaderos y falsos positivos) se localizaron en la Sierra Baja y la Sierra Gorda (Figura 39). Finalmente, para *T. gerstaeckeri* sólo pudimos analizar los datos del PECVSSH, obteniendo una concordancia baja ($Kappa = 0.211$). Los sitios de concordancia de presencia (verdaderos positivos) se localizaron en el norte de la Sierra Gorda y la Sierra de Tenango. Los verdaderos negativos se dieron en la Huasteca, en la Sierra Alta, en la Sierra Baja, el sur de la Sierra Gorda y en el Valle del Mezquital. Finalmente, los falsos positivos se registraron en la Huasteca y la Sierra Baja y los falsos negativos en el norte de la Sierra Gorda y la Sierra de Tenango (Figura 39).



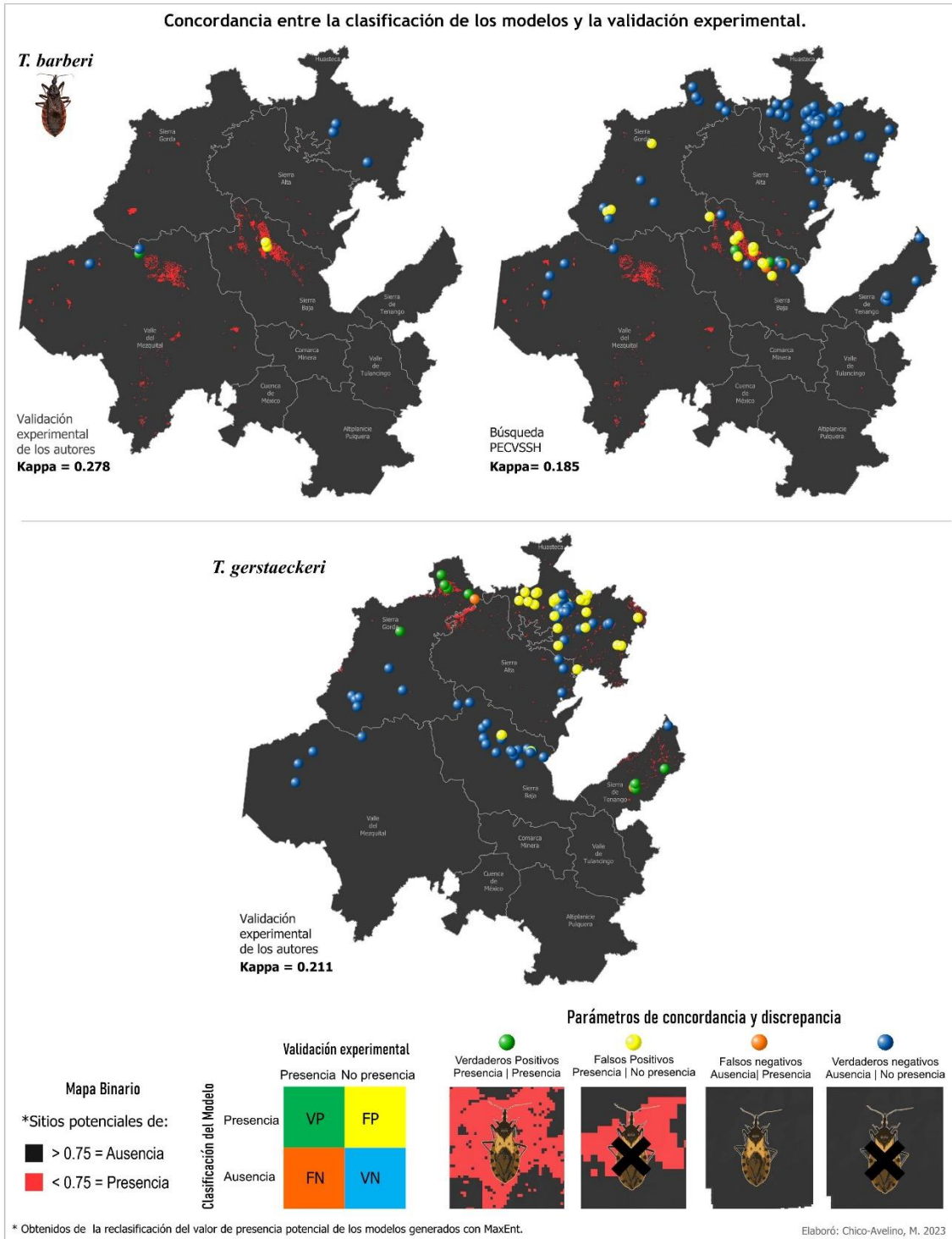


Figura 39. Concordancia entre las clasificaciones de los modelos de *T. barberi* y *T. gerstaeckeri* frente a los datos de validación de experimental. El mapa binario muestra la probabilidad de presencia (rojo) y ausencia (gris oscuro) del modelo de MaxEnt. Los puntos muestran los sitios de muestreo de nuestro equipo y del Programa Estatal de Control de Vectores de la Secretaría de Salud del estado de Hidalgo (PECVSSH). Los colores representan parámetros de concordancia y discrepancia de VP= verdaderos positivos (verde), VN= verdaderos negativos (azul), FP= falsos positivos (amarillo) y FN= falsos negativos (naranja). La matriz ejemplifica estos parámetros. La superposición espacial de los puntos en el mapa binario (presencia/ausencia) ilustra visualmente dónde se produjeron acuerdos y desajustes entre los modelos y los resultados de campo.

Busqueda y colecta de especímenes de las especies con nuevos registros para el estado de Hidalgo

Durante el trabajo de campo, de las nuevas especies reportadas para el estado se corroboró la presencia y establecimiento de *T. pallidipennis* y *T. phyllosoma*, que en el análisis histórico fueron reportadas con un único ejemplar cada una (Figura 13). Estas especies se colectaron en la localidad de Guadalupe en el municipio de Tecozautla, durante el mes de junio de 2022. Se colectaron 14 especímenes en total de la búsqueda realizada en cuatro viviendas. De este total 7 son de la especie *T. pallidipennis* (4♀, 3 ninfas) y 7 de *T. phyllosoma* (3♀, 2♂, 2 ninfas). De manera interesante estas especies se colectaron únicamente en el peridomicilio. De igual manera en estas viviendas se colectaron 10 ninfas (desde el primero hasta el cuarto estadio), que clasificamos como *Triatoma* sp. De estas ninfas únicamente un espécimen fue colectado en el intradomicilio. En cuanto a las técnicas de colecta la mayoría de los ejemplares se obtuvieron mediante colecta comunitaria (3 de *T. pallidipennis*, 5 de *T. phyllosoma* y 3 de *Triatoma* sp) y la colecta manual (2 de *T. phyllosoma* y 7 de *Triatoma* sp). Mientras que las trampas con cebo vivo únicamente funcionaron para *T. pallidipennis* (1 ♀, 3 ninfas). En la Figura 40 se muestran algunas fotografías de las técnicas de colecta y especímenes obtenidos para esta localidad. En importante mencionar que *T. nitida* no fue colecta en Metztlán en donde fue reportada en las bases de datos históricas.



Figura 40. Imágenes representativas de la colecta de *T. pallidipennis* y *T. phyllosoma* en la localidad de Guadalupe, Tecozautla. A. Colecta manual, mediante la búsqueda en bardas de piedra "Tecorrales". B. Ejemplares obtenidos por colecta comunitaria. C. Colocación de trampa (señalada con la flecha roja) en una bodega del peridomicilio de una vivienda. D. Ejemplar de *T. pallidipennis* colectado por trampeo D. Especímen (señalado con la flecha roja) en estadio ninfal colectado por trampeo.

De manera relevante, también en la localidad de Guadalupe se colectaron dos especímenes identificados como *T. longipennis*. Uno de ellos es un macho muerto y seco que fue entregado por

un poblador (participación comunitaria) (Figura 41) y el segundo fue una ninfa de estadio II (macho), que se recolectó viva por medio de colecta manual (hora-hombre). Este último fue trasladado al laboratorio, incorporándose al insectario del laboratorio de *T. cruzi* en el CINVESTAV, en donde siguió su ciclo hasta llegar a su estado adulto. Los dos especímenes de esta especie se colectaron en el peridomicilio.



Figura 41. Espécimen macho de la especie *T. longipennis*, recolectado por colecta comunitaria en la localidad de Guadalupe, Tecozautla Hidalgo.

Caracterización de las condiciones sociodemográficas y los factores de riesgo de la población en los sitios potenciales de presencia – ausencia

Dentro de la validación experimental además de realizar la colecta de los vectores, se encontró que las condiciones sociodemográficas y las características de las viviendas fueron diferentes de acuerdo con las especies de triatomos presentes en las localidades muestreadas. En el caso del intradomicilio, se encontró que, para las localidades de La Cruz, Zimapán (Valle del Mezquital) y Palo Blanco, Metztitlán (Sierra Baja), las viviendas positivas a *T. mexicana* y *T. barberi* tienen pisos de concreto (100%). Las paredes fueron de tabique en el 100% de las viviendas de La Cruz. En el caso de Palo Blanco, el 25% las paredes fueron de tabique, 25% de adobe / barro y el 50% de las casas tenían paredes con aplanado. En el caso de los techos se observó una proporción de materiales invertida entre las viviendas de las localidades. Para La Cruz se observó que el 25% de las casas tuvieron techos de concreto y el 75% con techos de lámina. En contraste las casas de Palo Blanco presentaron techos principalmente de concreto (75%) y en menor proporción de lámina (25%) (Figura 43). En cuanto a la infraestructura de protección, se documentó que todas las viviendas de estas dos localidades contaban con ventanas sin mosquiteros, siendo esta una característica que las diferencia del resto de las viviendas muestreadas en este estudio (Figuras 42 A y 43), ya que las localidades de Olma, Tlanepanco, Nepalapa tuvieron casas sin ninguna protección y las de Guadalupe tuvieron ventanas con mosquiteros (Figura 42 B y C). En el caso de la única vivienda en la que se colectó (por participación comunitaria) a *T. barberi*, se muestra la habitación donde se realizó la colecta (Figura 43 D). En el caso de las viviendas positivas a *T. mexicana* de la localidad de Palo Blanco, Metztitlán se muestra en la Figura 43 (E – F). Es importante mencionar que en estas

viviendas se observó un comportamiento nocturno, visitante y estacional (en la época de secas abril – mayo) de la especie *T. mexicana*.

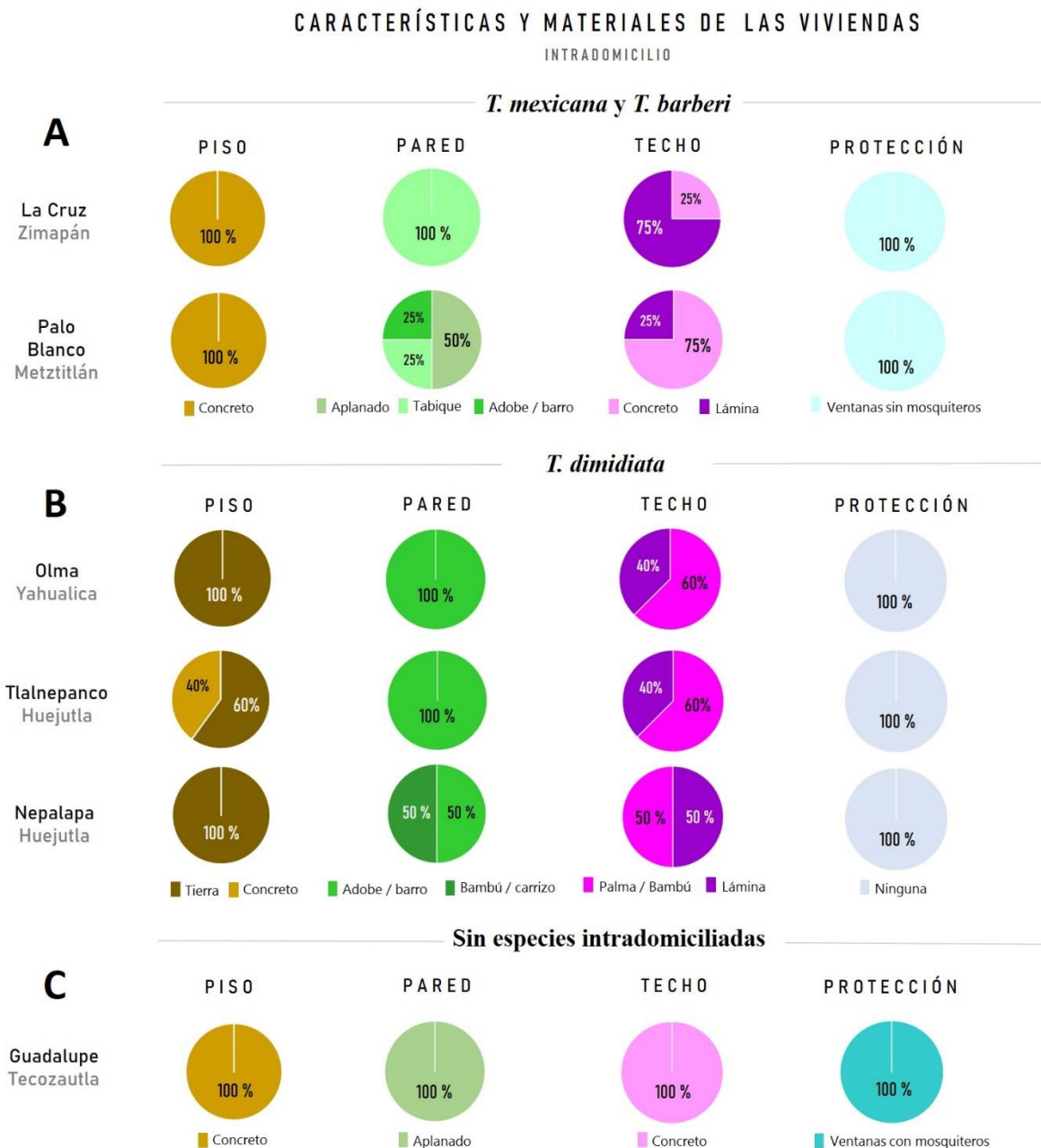


Figura 42. Características y materiales del intradomicilio de las viviendas muestreadas en la validación experimental. Se agrupan por localidades positivas a la presencia de *T. mexicana* y *T. barberi* (A), a *T. dimidiata* (B) y sin vectores intradomiciliados (C). Los colores ocres representan los porcentajes los materiales de los pisos de las viviendas. Los colores verdes los materiales de las paredes. Los colores rosa-morado los materiales de los techos. Los colores aguamarina indican la presencia de barreras de protección como ventanas y mosquiteros.



Figura 43. Imágenes representativas de las características (intradomicilio) de las viviendas positivas a *T. mexicana* y *T. barberi*. A- D. Viviendas de la localidad La Cruz, Zimapán. E-G. Viviendas de la localidad Palo Blanco, Metztlán.

En el caso de las viviendas positivas a *T. dimidiata* en las localidades de Olma en Yahualica, Tlanepanco y Nepalapa en Huejutla (Huasteca) fue muy notable una característica común, y que las diferenciaron del resto de las viviendas, que fue la presencia de pisos de tierra de un 60% hasta el 100% de las casas. Las paredes fueron de adobe / barro en el 50% al 100% de las viviendas y también se observaron casa con paredes de bambú / carrizo. Los techos fueron de palma / bambú (entre el 50% y 60%) o lámina (entre el 40% y 50%), que son características que se consideran óptimas para albergar a los triatominos dentro de los domicilios (Figuras 42 B y 44). Finalmente, las viviendas de estas tres localidades de la Huasteca no contaban con ningún tipo de protección (sin ventanas ni mosquiteros), una característica observada únicamente en esta región durante la validación experimental (Figuras 42 B y 44 A, B y G). Además, fue frecuente observar la unión de las paredes y techos no sellados (Figura 44 C – F). De igual forma, fue común observar en las viviendas la falta de luz eléctrica, drenaje y alcantarillado, que son condiciones características de pobreza extrema. Es importante mencionar que en estas viviendas se encontró el ciclo completo de *T. dimidiata* intradomiciliada, ya que se observaron huevos y se colectaron especímenes de todos los estadios ninfales, así como adultos (hembras y machos). Lo anterior se observó en la temporada de lluvias (agosto de 2023) y de secas (abril de 2024) durante dos años consecutivos en que realizamos visitas a estas comunidades.



Figura 44. Imágenes representativas de las características (intradomicilio) de las viviendas positivas a *T. dimidiata*. A- C. Viviendas de la localidad de Olma, Yahualica. D – F. Viviendas de la localidad Tlalnepanco, Huejutla. G- I. Viviendas de la localidad Nepalapa, Huejutla.

Para la localidad de Guadalupe Tecozautla (Valle del Mezquital), las condiciones del intradomicilio fueron completamente diferentes a las otras localidades. Como se puede ver la Figura 42 C, estas casas cuentan con muy buenas condiciones de construcción, siendo la característica mas frecuente la presencia de pisos y techos de concreto (100%) paredes con aplanado (100%) y ventanas con mosquiteros (100%). Notablemente en estas viviendas solo se encontró la presencia de un solo triatomino en el intradomiciliadas en comparación con el resto de las localidades muestreadas. Además, se observaron mejores condiciones socioeconómicas en esta localidad (Figura 45), ya que una parte importante de la población adulta se emplea en E.U.A y gran parte de las remesas se destina a la mejora de las viviendas. Como se mencionó anteriormente, en esta localidad se validó la no presencia de *T. dimidiata*, *T. mexicana* y *T. barberi*.



Figura 45. Imágenes representativas de las características de las viviendas de la localidad de Guadalupe, Tecozautla, en las que no se encontraron vectores intradomiciliados.

En cuanto a las características del peridomicilio de las viviendas, en las localidades en donde se recolectó a *T. mexicana* alrededor de las viviendas fueron en La Cruz y Palo Blanco (Figura 46 A). Estos lugares tuvieron como característica particular la presencia de animales sinantrópicos en los patios de las viviendas como perros (43% - 45%), gatos (11% - 43%), aves (33%) y ganado (11 - 14%). En el caso del ganado resaltó el hecho de que no se encontraban estos animales en corrales o encierros (Figura 47 B y C). En cuanto al piso de los patios, estos fueron principalmente de tierra (50% a 67%) y concreto (3% a 50%). Además, se encontraron en los patios objetos que se ha reportado que fungen como refugios de los vectores como leña / madera (25% - 37.5%), materiales de construcción (25%) y basura / cacharros (37.5% - 50%) (Figuras 46 A y 47 A - D). De manera interesante las viviendas en Olma, Tlalnepanco y Nepalapa (Figura 46 B), en donde no se colectaron vectores peridomiciliados, se observó la presencia de patios con pisos de tierra y concreto (50% - 100%). De los objetos que pueden ser refugios para los vectores, fue notoria la presencia de basura / cacharros (40% - 60%). También se documentaron patios con apilados de materiales de construcción (20% - 40%) y leña / madera (10% - 40%) (Figuras 46 B y 47 A - D). Particularmente en estas localidades se documentó la ausencia de ganado, encontrando únicamente la presencia en los patios de perros (28% - 50%), gatos (29% solo de Tlalnepanco) y en mayor proporción aves (43% - 100%) (Figura 46 B). Finalmente, la localidad de Guadalupe en donde se recolectaron triatóminos casi en su totalidad en el peridomicilio y que fue la única localidad en donde se tuvo la presencia de las especies *T. pallidipennis*, *T. phyllosoma* y *T. longipennis*, la característica distintiva alrededor de las casas fue la presencia de ganado en corrales (33%), de perros amarrados con correas (33%), y el uso de tecorrales (bardas de piedras apiladas / sobrepuestas sin repellar) para delimitar las viviendas (Figuras 46 C y 47 I - L). Esta condición de los animales en corrales y amarrados les impide estar libres tanto en el patio como en las calles de la localidad. Además, fue frecuente la presencia de tecorrales muy cercanos a los corrales y a los lugares de resguardo de los perros (Figura 47 J-L). Es importante mencionar que fue en estos lugares (tecorrales) en donde se colectaron los especímenes de *T. pallidipennis*, *T. phyllosoma* y *T. longipennis* en diferentes estadios.



Figura 47. Imágenes representativas de las características del peridomicilio de las viviendas. Patios de la localidad de La Cruz en Zimapán (A-C) y Palo Blanco en Metztlán (D-F), con presencia de *T. mexicana* en el peridomicilio. Patios de la localidad Tlalnepanco en Huejutla (F), Olma en Yahualica (G), Nepalapa en Huejutla (H), sin vectores recolectados en el peridomicilio. Patios de la localidad de Guadalupe en Tecozautla (I – L) con presencia de *T. pallidipennis*, *T. phyllosoma* y *T. longipennis*, en el peridomicilio.

La integración de los aspectos que están asociados al vector, al parásito y a la población humana nos permitieron obtener un mapa de riesgo epidemiológico (Figura 48). El primer resultado fue a escala municipal, que se obtuvo a partir de la GWR, considerando como variable dependiente los casos seropositivos y como variables explicativas la riqueza de especies de vectores, la abundancia de vectores, el porcentaje de vectores intradomiciliados, porcentaje de vectores infectados y el porcentaje de la población en pobreza extrema (Figura 48 A). Todas estas variables explicativas mostraron significancia estadística con la distribución de los casos seropositivos. Esta significancia tuvo variación espacial, es decir, que el efecto de las variables explicativas es significativo y que este efecto es diferente dependiendo del municipio. Como se puede ver en la Figura 48 panel A, en el municipio de Huejutla cuatro de las cinco variables tuvieron la mayor significancia (Valor 0.99 T-Student), es decir que la abundancia de vectores, los vectores intradomiciliados, los vectores infectados y la pobreza extrema están altamente correlacionados con los casos seropositivos en esta entidad. En el caso de Molango y Metztlán la abundancia de especies y la riqueza de especies, fueron las que tuvieron la mayor significancia. En el siguiente nivel de significancia (0.95 T-Student) se destaca el municipio de Zimapán en donde la riqueza de especies, abundancia de vectores y porcentaje de población en pobreza extrema, fueron significativas. En el caso de los niveles de significancia entre 0.80 y 0.90 se puede ver que tuvieron una importante variabilidad para las cinco variables explicativas. Relevantemente se puede ver que los municipios con mayor significancia se

concentran en la zona norte del estado para las variables asociadas al vector (riqueza, abundancia, vectores del intradomicilio y vectores infectados). En contraste, los municipios que no tuvieron significancia estadística para estas variables se concentran principalmente en el sur del estado. La variable que tuvo menos municipios con significancia en el modelo fue el porcentaje de vectores infectados, en contraste con la pobreza extrema a nivel municipal que tuvo mayor cantidad de municipios correlacionados a los casos seropositivos (Figura 48 A). El mapa de riesgo epidemiológico (Figura 48 B) representa la proporción de variabilidad explicada por el modelo en cada municipio, es decir, indica en qué medida las variables explican la variabilidad espacial de la variable dependiente, por lo tanto, mientras mayor fue la R² ajustada obtenida en la GWR se consideró un mayor riesgo epidemiológico dentro de los municipios. Dentro de este resultado se destaca el municipio de Huejutla y Tlanchinol en la Huasteca y Molango en la Sierra Alta, los cuales tuvieron correlación entre las variables explicativas y los casos seropositivos, siendo municipios prioritarios dadas estas condiciones de riesgo ya sea por vectores, infección o condiciones sociodemográficas. Otros municipios que se destacan en este resultado son Metztlán en la Sierra Baja, Zimapán en la Sierra Gorda, Tenango en la Sierra de Tenango y particularmente Huichapan, Tezontepec, Tula de Allende y Tepeji del Río en el sur del estado en el Valle del Mezquital. Notablemente algunos municipios tuvieron valores bajos entre 0 y 0.25, lo que sugiere que la variable dependiente se explica muy poco por el conjunto de variables explicativas incluidas en el modelo. Sin embargo, se puede ver que la mayoría de estos municipios no tuvieron reportes de casos seropositivos, por lo que los proponemos como sitios prioritarios de intervención. Esto debido a que estos municipios se localizan en la zona sur del estado en donde no hay programa de control de vectores, pero se encuentran aledaños a municipios con importantes valores de seroprevalencia como Tezontepec, Tula de Allende y Tepeji del Río. Los municipios que se muestran con los valores más bajos se localizan en la zona norte del estado dentro de la Huasteca, la Sierra Alta y la Sierra Gorda y al sur en la Comarca Minera, Cuenca de México, Altiplanicie Pulquera y el Valle del Tulancingo (Figura 48 B).

Este modelo podría tener ciertas limitantes en su interpretación y aplicación para el control de la enfermedad de Chagas en el ciclo doméstico, derivado a que se utilizó una escala a nivel municipal que lo hace muy general. Por lo tanto, a este resultado se le adicionaron los datos obtenidos en la validación experimental que son a nivel localidad y por lo tanto tienen un mayor detalle (Figura 48 C y D). Esto incluyó también aspectos identificados de la biología de las especies en el ámbito doméstico y los factores de riesgo de la población, que difícilmente podrían encontrarse en reservorios de información geográfica. En la Figura 48 B se puede observar que los sitios con mayor riesgo como Huejutla, Zimapán y Metztlán son municipios en donde se validó la presencia e instalación de diferentes especies de vectores. En el caso de Huejutla, las localidades de Tlalnepanco y Nepala las viviendas tuvieron características de zonas rurales de alta pobreza como son paredes de barro con grietas, pisos de tierra, techos de palma / bambú y sin ventanas (Figura 48 D). Estas condiciones proveen nichos idóneos para el establecimiento de las especies de vectores dentro de las viviendas, como se validó para estas localidades en donde se encontró a *T. dimidiata* completamente intradomiciliada con un alto número de especímenes (Figura 48 C). Un caso particular es Yahualica, que en el mapa municipal (Figura 48 B) mostró el riesgo más bajo, y sin

embargo se validó la presencia de *T. dimidiata* (domiciliada) en la validación experimental (Figura 48 C) y las mismas condiciones y factores de riesgo que en Tlanepaco y Nepalapa (Figura 48 D). En el caso de Zimapán y Metztlán, en donde se muestrearon las localidades de Palo Blanco (*T. mexicana*) y La Cruz (*T. mexicana* y *T. barberi*), si bien se encontraron mejores condiciones de vivienda en general, también se observaron viviendas sin ventanas (para sobre llevar las altas temperaturas) las cuales no contaban con mosquiteros (Figura 48 D). Estas últimas características podrían representar un factor de riesgo importante para la domiciliación de *T. mexicana* en estas localidades, ya que los habitantes nos refirieron que esta especie llega a las viviendas durante la época de calor (comportamiento visitante) particularmente en un horario nocturno. En el caso específico de La Cruz, en donde se validó la presencia de *T. barberi* (domiciliada). Debido a la baja cantidad de especímenes encontrados no podríamos decir que estas características de vivienda favorecen la presencia de esta especie. Sin embargo, es un registro que a futuro nos permitirá evaluar cuáles son estas condiciones del ciclo doméstico que estén asociadas a la presencia de este vector (Figura 48 C y D), además que esta especie es morfológicamente diferente a la especie de *T. mexicana*, por lo que podría pasar desapercibida por la población, que también consideramos un factor de riesgo. Finalmente, la localidad de Guadalupe (Valle del Mezquital) fue el lugar con las mejores condiciones de vivienda, como: paredes, pisos, techos de materiales y terminados de buena calidad, además de contar con protección tanto con ventanas y mosquiteros. Sin embargo, en esta localidad se encontró la presencia de tecorrales para delimitar los predios. De acuerdo con las observaciones en campo, es precisamente en estos tecorrales en donde encontramos a las especies de vectores en la validación experimental (*T. pallidipennis*, *T. phyllosoma* y *T. longipennis*). Además, estos tecorrales se localizan muy cerca del ganado y a los sitios de descanso de los perros que por reglamento de la localidad se encuentran amarrados, siendo un factor de riesgo relevante (Figura 48 C y D).

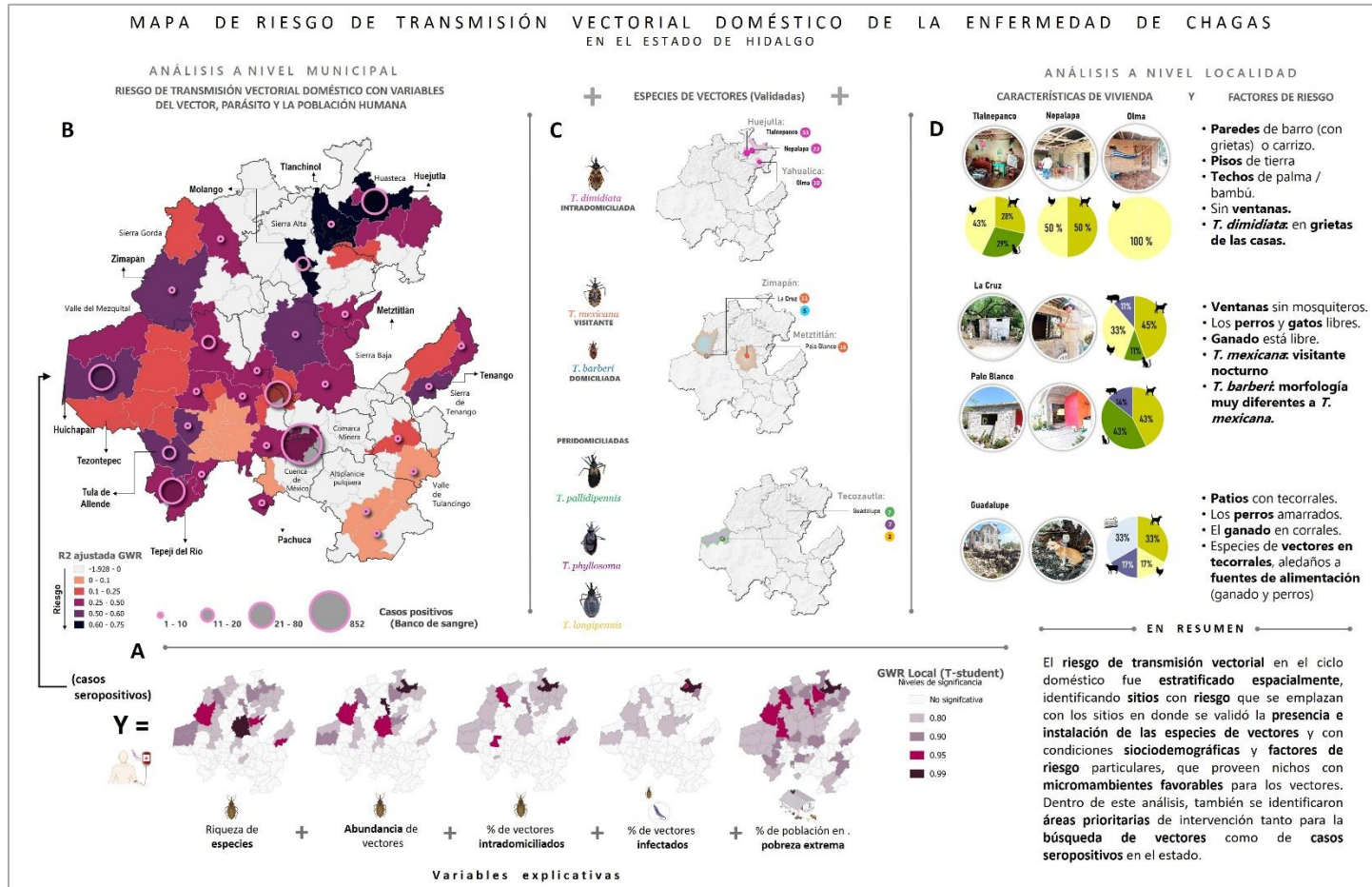


Figura 48. Mapa de riesgo de la transmisión vectorial en el ciclo doméstico de la enfermedad de Chagas en el estado de Hidalgo. A. Cada mapa representa la significancia estadística de las variables incluidas en la integración del mapa de riesgo a nivel municipal con los casos seropositivos. B. Mapa de riesgo a nivel municipal que representa la R2 ajustada del conjunto de las variables explicativas con los casos seropositivos, en círculos se representa los casos seropositivos en banco de sangre reportados por municipio, el tamaño del círculo indica la cantidad de casos. C. Mapas de la localización de los sitios de validación con las especies que se validaron respectivamente, en rosa *T. dimidiata*, en naranja *T. mexicana*, en azul *T. barberi*, en verde *T. pallidipennis*, en morado *T. phyllosoma*, en amarillo *T. longipennis*. D. Se muestran las condiciones de vivienda de los sitios de colecta de vectores y las proporciones de animales sinantrópicos y se enlistan los principales factores de riesgo.

Discusión

El análisis de los registros históricos de vectores arrojó datos sobre la presencia de siete especies de vectores de la ECh. Cuatro de ellas predominantes, de las cuales *T. dimidiata* fue el más abundante, seguida de *T. mexicana*, *T. gerstaeckeri* y *T. barberi*. Estos resultados concuerdan con reportes previos para el estado (Vidal-Acosta et al., 2000; Cruz-Reyes y Pickering-López, 2006; Becerril-Flores et al., 2007; Salazar-Schettino et al., 2010; Becerril et al., 2010; Antonio-Campos et al., 2019; Morales Evangelista et al., 2019), así como para los estados colindantes a Hidalgo como Querétaro, San Luis Potosí, Veracruz, Puebla y Tlaxcala, que comparten características geoclimáticas con nuestra área de estudio (Cruz-Reyes y Pickering-López, 2006; Villagrán et al., 2008; Salazar-Schettino et al., 2010). Relevantemente, se obtuvieron los primeros registros de *T. nitida*, *T. pallidipennis* y *T. phyllosoma* en el estado, con un espécimen para cada especie. En el caso de *T. phyllosoma* el espécimen estaba infectado con *T. cruzi*, y en el caso de *T. pallidipennis* y *T. phyllosoma* los especímenes al ser hembras pudieron haber depositado huevos. Por lo que es importante evaluar si su presencia se debe a transporte pasivo o si se encuentran establecidas en el ciclo doméstico. La detección de estas especies crípticas resalta la necesidad de fortalecer el monitoreo entomológico, ya que podrían representar un riesgo para la salud pública en caso de adaptarse e infestar las viviendas. Por ello, estudios futuros de estas especies nuevas deberán caracterizar su distribución, hábitats e interacción con la población humana. También, es importante determinar su potencial como vectores a través del análisis de infección y capacidad de transmisión, a fin de comprender su posible papel en la dinámica de transmisión de *T. cruzi* en el estado. Estos hallazgos amplían significativamente el conocimiento sobre la diversidad de triatominos en la zona, sugiriendo la posibilidad de que existan otras especies aún no descubiertas dentro del territorio de Hidalgo, como se discutirá más adelante. Otro aspecto relevante para estas nuevas especies es que en ausencia de controladores naturales podrían haberse establecido e iniciado un ciclo de transmisión vectorial de *T. cruzi*, como se ha propuesto para otras especies de *Triatoma* con registros únicos (Reinel et al., 2005; Martínez -Tovar et al., 2013; Rivas et al., 2018).

La distribución geográfica de los triatominos es clave, ya que permite identificar áreas de mayor riesgo, comprender su adaptación ambiental, predecir su dispersión y monitorear cambios espacio-temporales. En este sentido se encontró una amplia distribución de triatominos, cubriendo el 47% de los municipios, principalmente en el norte del estado (Figura 13). Esto sugiere que las condiciones ambientales son propicias para su supervivencia en esta zona. No obstante, es necesario incrementar el monitoreo entomológico en el sur del estado, donde los registros existentes son limitados y son dados principalmente por participación comunitaria. La escasez de registros en esta región sur se debe a la ausencia de búsqueda sistemática de triatominos por parte de la Secretaría de Salud, dado que en estas áreas no se han establecido programas de control vectorial. La amplia escala temporal de registros nos permitió identificar municipios con alta riqueza de especies como fue el caso de Metztlán, Jacala de Ledezma y Zimapán (Figura 13), resultados que sugieren que en

los municipios del estado de Hidalgo la presencia de las especies podría estar subestimada, debido a que en reportes anteriores se encontró un menor número de especies de triatomíneos en estos municipios (Antonio – Campos et al., 2019; Becerril et al., 2010). Esto resalta la importancia del registro de las especies de vectores de manera sistemática y del análisis de bases de datos con una gran cantidad de información a lo largo de varios años. Esto también se refleja en los primeros registros de *T. pallidipennis*, *T. phyllosoma* y *T. nitida* (Figura 13), que, si bien en esta base de datos sólo se reporta un espécimen de cada una, estos resultados permiten mostrar la necesidad de implementar estudios en la zona del Valle del Mezquital para determinar si su presencia está dada por transporte pasivo o si se encuentran instaladas en esta región. Como es el caso de *T. pallidipennis* que fue reportada recientemente en el municipio de Tecozautla a dos años de su primer registro para el estado de Hidalgo (Alejandre – Aguilar et al., 2023).

Cada especie dominante (*T. dimidiata*, *T. mexicana*, *T. gerstaeckeri* y *T. barberi*) presentó un patrón de distribución espacial diferencial (Figura 13). Esto se asoció con las condiciones climáticas dentro de las diferentes regiones geoculturales, demostrando que existe una correlación espacial positiva entre la distribución de las especies y factores climáticos como son tipo de clima, temperatura y precipitación (Figuras 14 y 15). En el caso de *T. dimidiata* su presencia incrementó en la región de la Huasteca (Figura 14 A). La cual tiene vegetación perenne de selva, su relieve es ligeramente accidentado y su altitud no supera los 800 m.s.n.m. Está enmarcada dentro de la llanura costera del golfo (INAFED, 2021) y más del 90% de su territorio es semicálido, que es precisamente el tipo clima en donde *T. dimidiata* tuvo un alto número de registros (Figura 14 E). Además, que esta especie ha sido reportada en otros estados con los cuales Hidalgo comparte la región Huasteca como San Luis Potosí y Veracruz (Vidal -Acosta et al., 2000; Salazar –Schettino et al., 2010). Algo relevante es que la presencia de *T. dimidiata* en la Huasteca (San Luis Potosí y Veracruz), se ha visto asociada a casos de miocardiopatía Chagásica en niños (Salazar – Schettino et al., 2016), por lo que se le considera uno de los vectores más importantes en la transmisión de la enfermedad de Chagas en México (Rojó - Medina et al., 2018). Por otro lado, se ha visto que en *T. dimidiata* dentro de su especie (haplogrupos) hay variaciones de su presencia entre los entornos selvático y doméstico. Reportando poblaciones estrictamente selváticas (Haplogrupo IV), en Belice. Para Colombia y Ecuador se han reportado poblaciones fuertemente sinantrópicas (Haplogrupos I y II). Y también se han reportado poblaciones intermedias (Haplogrupo III) en Yucatán, México (Dumonteil et al., 2004; Monteiro et al., 2013; Dorn et al., 2007), lo que podría sugerir que estas variaciones podrían estar explicadas por las diferencias en las condiciones geoclimáticas de sus diferentes áreas de distribución. Además, que se ha propuesto que la altitud y otros factores asociados impactan en el nivel de inmunidad de *T. dimidiata* a la infectividad por *T. cruzi* (de Fuentes-Vicente et al., 2017).

En el caso de *T. mexicana* y *T. gerstaeckeri*, estas especies concentraron su densidad poblacional en la región de la Sierra Gorda (Figura 14 B y C). La Sierra Gorda es una rama de la Sierra Madre Oriental que se encuentra en los estados de Hidalgo, Querétaro, Guanajuato y San Luis Potosí. Su relieve es complejo compuesto por montañas de origen volcánico, vegetación árida al oeste, pero boscosa y

tropical al este. Su altitud máxima es de 2,820 m.s.n.m., y es en estos picos más altos donde se encuentra la Sierra Gorda de Hidalgo (INAFED, 2021). La presencia de ambas especies en la Sierra Gorda concuerda con lo reportado previamente en la Sierra Gorda Queretana, con importantes tasas de domiciliación del 92% para *T. mexicana* y del 100% para *T. gerstaeckeri* (Villagrán et al., 2008). En cuanto a la asociación con los climas, como se puede ver la Figura 14 E, la Sierra Gorda tiene un gradiente que va desde semicálido en el noreste, pasando por templado, hasta el clima semiseco en el suroeste de la región. En el caso de *T. mexicana* tuvo una mayor presencia en el clima semiseco, en contraste con *T. gerstaeckeri* que mostró una mayor presencia en el clima cálido (Figura 14 E). Esto coincide con la presencia de estas especies reportada en otros trabajos, en municipios que de acuerdo con nuestro análisis tienen clima semiseco como Zimapán, Tecozautla, Huichapan, Pacula, Metztitlán, San Agustín Mezquititlán para *T. mexicana*, y los municipios de Chapulhuacán y Tepehuacán con clima cálido para *T. gerstaeckeri* (Antonio –Campos et al., 2019).

Por su parte *T. barberi* tuvo una mayor presencia en la región de la Sierra Baja (Figura 14 D), la cual se compone de una llanura intercalada entre quebradas y cañones con vegetación árida, y su clima es seco (INAFED, 2021). Estos resultados coinciden con lo reportado previamente por Becerril et al., 2010 y Antonio-Campos et al., 2019, que reportaron la presencia de esta especie en el municipio de Metztitlán, localizado en esta región. En cuanto al tipo de clima *T. barberi* tuvo una mayor presencia en el clima seco, lo que podría explicar por qué esta especie está presente, tanto en la región de la Sierra Gorda como en el Valle del Mezquital, que es una región en donde el clima tiene un gradiente que va de árido a extremadamente árido (INAFED, 2021). Algo importante que resalta sobre *T. barberi* es que tuvo una distribución limitada, lo que podría deberse a la falta de búsqueda en la zona sur del estado, como se mencionó anteriormente y no a las condiciones geoclimáticas. Ya que como se puede ver en la Figura 14 E, en las regiones geoculturales sureñas como son la Comarca Minera, Valle de Tulancingo, la Altiplanicie pulquera y la Cuenca de México, hay las condiciones climáticas semiáridas que están asociadas a la presencia de esta especie, por lo que su búsqueda en el sur será importante de implementar para ampliar el conocimiento de la ECh en estas regiones. En apoyo a esto, recientemente se ha reportado la presencia de *T. barberi* en localidades de los municipios de Hueyoptla y Huehuetoca, localizados en el norte del Estado de México (Rivas et al., 2018), los cuales colindan con los municipios del sur del estado de Hidalgo. Además de la relevancia del registro de esta especie, otro aspecto importante es su papel como buen vector, ya que *T. barberi* es considerada una especie muy eficiente en la transmisión de *T. cruzi* debido a su alta domiciliación y tiempos cortos de defecación (Salazar - Schettino et al., 2005; Salazar - Schettino et al., 2010; Rojo - Medina et al., 2018), resaltando la importancia de su búsqueda sistemática.

Estas asociaciones observadas fueron estadísticamente significativas (Figura 15), corroborando que las condiciones ambientales del territorio del estado de Hidalgo son determinantes en los patrones de distribución diferenciales de las especies de triatominos. Además, nos sugieren que existen marcadas preferencias ecológicas diferenciales entre las especies de triatominos en el estado. Si bien no existen trabajos previos que hayan analizado la correlación espacial (con el método local

bivariado de Morán) entre los tipos de clima, la precipitación y la temperatura con la presencia de estas especies de triatominos, que nos permitan contrastar estos resultados, estos atributos del medio físico han sido evaluados y reportados como variables explicativas en modelos de distribución de otras especies del género *Triatoma* (Bender et al., 2020; Caranha et al., 2011; Eberhard et al., 2020; Gurgel-Gonçalves et al., 2011; Parra-Henao et al., 2016; Yáñez-Cajo et al., 2016).

En cuanto a la dinámica temporal, las tendencias generales observadas a lo largo del año (Figura 16) en las especies de vectores se ha reportado para otras especies de triatominos (Salazar - Schettino et al., 2007; Monroy et al., 2002; Dumonteil et al., 2002). Las fluctuaciones observadas sugieren que la presencia de los vectores en el ciclo doméstico está influenciada por los niveles de precipitación (Figuras 15), lo que coincide con otros estudios (Ramsey et al., 2000; Dumonteil et al., 2002). Además, las variaciones estacionales en las especies de triatominos se han propuesto como indicadores de su movilidad y posible domiciliación (Monroy et al., 2002; Dumonteil et al., 2002). En este sentido, en el caso de *T. mexicana* y *T. gerstaeckeri* se encontró un comportamiento estacional (Figura 17 A y C) y que como se puede ver en la Figura 18 (A y C) en ambos casos los adultos (hembras y machos) tienen más registros justo antes del aumento de las ninfas, lo que podría estar relacionado con migraciones hacia el entorno doméstico en esta época del año. Ya que se ha visto que las variaciones en la presencia o dispersión de triatominos tanto silvestres como domésticos entre las estaciones seca y lluviosa, posiblemente se den por preferencias de refugio, fuentes de alimento o reproducción (Petana et al., 1972; Dumonteil et al., 2002; Monroy et al., 2002; Salazar - Schettino et al., 2007). A este respecto este comportamiento visitante se ha reportado para *T. mexicana* en la Sierra Gorda de Guanajuato (Salazar - Schettino et al., 2007). Considerando que parte de esta región se comparte con el estado de Hidalgo, se esperara que esta especie tenga este mismo comportamiento como se muestra en las Figuras 17 y 18, y suponemos que podría estar relacionado con su reproducción, alimentación o ambas.

Para *T. dimidiata* los resultados sugirieron que está presente durante todo el año en el ciclo doméstico (Figuras 17 y 18 B), estos resultados contrastan con lo reportado para la Península de Yucatán en donde el comportamiento de *T. dimidiata* es claramente estacional (Dumonteil et al., 2002). Por lo tanto, estos resultados podrían indicar la posible domiciliación de *T. dimidiata* en el estado de Hidalgo. En este sentido, desafortunadamente en las bases de datos no se tuvieron registros de huevos para ninguna de las especies de vectores, por lo que estas hipótesis no pudieron ser validadas hasta que se realizó el trabajo de campo, como se discutirá más adelante. Estas diferencias podrían estar relacionadas con los diferentes haplogrupos y sus asociaciones con factores ambientales. En relación con esto en la Península de Yucatán se reporta la presencia del Haplogrupo III, mientras que en la región occidente y noroeste de México (en donde está enmarcado el estado de Hidalgo) se reporta la presencia del haplogrupo II, y se ha planteado que los cambios en el clima y la vegetación son factores importantes para procesos a nivel de población de esta especie (Monteiro et al., 2013). Por lo que, la presencia durante todo el año de *T. dimidiata* en el ciclo doméstico en el estado de Hidalgo podría estar determinada por estos factores. Analizando las

condiciones geoambientales en Hidalgo, estas son extremas con una temperatura media anual de 16 °C, temperaturas mínimas de 4 °C y máximas de 27 °C y con una precipitación media anual de 800 mm anuales. Los climas son de tipo frío, seco, templado y cálido y los gradientes altitudes oscilan entre los 100 y 3380 m.s.n.m. (INEGI, 2021a). Esto contrasta con las temperaturas de Yucatán que son menos extremas con una temperatura media anual de 26 °C, temperaturas mínimas de 16 °C y máximas de 36 °C, una precipitación media anual de 1100 mm, y en donde el clima es predominantemente cálido subhúmedo y en menor parte del territorio es seco y semiseco, con gradientes altitudes que oscilan entre los 0 y 250 m.s.n.m. (INEGI, 2021b). En apoyo a esto se ha observado que, en condiciones de laboratorio, las variaciones de temperaturas y humedad tiene un impacto en el ciclo biológico de los triatominos. Se ha visto que a temperaturas mayores el tiempo de metamorfosis entre etapas de desarrollo se acorta y la ingesta de sangre incrementa cuando la humedad disminuye, aparentemente para compensar la pérdida de agua (Martínez –Ibarra et al., 2008). En consecuencia, no sería sorprendente que *in situ*, las condiciones meso y microclimáticas también influyan en el ciclo biológico, la estacionalidad, el desplazamiento y la reproducción de las especies de triatominos, como se ha propuesto en otros trabajos (Dumonteil et al., 2002). Finalmente, en el caso de *T. barberi* (Figuras 17 y 18 D) es difícil dar una conclusión por el bajo número de registros, por lo que hay que ampliar el estudio de su presencia, para conocer más de su comportamiento en el estado de Hidalgo. En cualquiera de los casos para todas estas conclusiones es fundamental realizar la validación en campo para corroborar como es la dinámica temporal y la presencia (visitante o domiciliada) de las especies de vectores de la ECh en el ámbito doméstico en el estado de Hidalgo.

En cuanto a los porcentajes de ocupación de los triatominos en el ámbito doméstico concuerda con lo observado en otros trabajos (Villagrán et al., 2008; Salazar – Schettino et al., 2005, 2010; Antonio – Campos et al., 2019; Becerril et al., 2010), mostrando que estas especies tienen un nicho importante dentro de las viviendas humanas (Tablas 4 y 5), siendo un factor de riesgo relevante ante la transmisión del parásito al humano. En el caso de las especies notificadas por primera vez en el estado, como ya se mencionó, será muy importante conocer cuál es la situación actual. Otros registros que son prioritarios de monitorear son aquellos que se tuvieron en lugares altamente concurridos como hospitales, escuelas, etc. (Tabla 4). A este respecto, un caso que llama la atención es *T. mexicana* que estuvo en 6 (de 7) de estos sitios (Tabla 4). Esta situación podría estar relacionada con la capacidad de desplazamiento que se ha observado en esta especie (Salazar - Schettino et al., 2007) y que se apoya con el comportamiento estacional que se reporta en este trabajo (Figuras 17 y 18), o a que la especie es reconocida por la población en general. Estos hallazgos sin duda sugieren la atención en estos espacios, particularmente en los municipios de Tecozautla, Zimapán y Nicolás Flores, en donde se tuvo el mayor número de reportes (Figura 19).

En general, la ocupación de los triatominos en todas las regiones geoculturales y municipios se dio mayoritariamente en el intradomicilio. El único caso que tuvo una proporción más homogénea entre el intradomicilio y el peridomicilio fue en la Sierra Baja (Figura 19). Esta condición espacial de la

ocupación de los triatominos podría deberse, a los patrones de distribución (Figura 13) y temporalidad (Figuras 17 y 18) de las especies dentro del estado. Por ejemplo, en el caso de San Agustín Metzquititlán (Sierra Baja), en donde la especie más frecuente es *T. mexicana* con una presencia estacional (Figuras 17 y 18 A), encontrándose en el peridomicilio. Esto fortalece la hipótesis de que es una especie visitante, como se ha reportado previamente en otros estados como Guanajuato en que se encontró a *T. mexicana* como especie visitante y predominantemente en el peridomicilio (Salazar – Schettino et al., 2005). En contraste, en el municipio de Huejutla de Reyes (Huasteca), en donde *T. dimidiata* es la especie dominante (Figuras 13 y 14 A), su presencia es durante durante todo el año (Figuras 17 y 18 B) dentro de las viviendas apoyando la hipótesis de su domiciliación en Hidalgo. Esta integración de los diferentes aspectos relacionados con la distribución, la temporalidad y la ocupación de las especies de vectores en el ciclo doméstico es clave para el diseño de estrategias de control exitosas. Ya que para las especies domiciliadas (como *T. dimidiata*) una estrategia pertinente podría ser la aplicación sostenida de insecticida, la eliminación de los sitios de refugio de los vectores, o las mejoras de la vivienda como el repellido/ revocado de paredes y mejora de pisos, como se ha realizado en otras áreas endémicas favoreciéndose en el control de las poblaciones de triatominos (Monroy, 2022). En contraste para las especies con presencia estacional (*T. mexicana* y *T. gerstaeckeri*) el uso de mosquiteros podría resultar eficiente, como se ha aplicado con éxito en especies con una presencia similar (Waleckx et al., 2015).

La tasa global de infección de los vectores que se obtuvo en este trabajo (Figura 20) es superior a las proporciones reportadas previamente para el estado, tanto utilizando pruebas coproparasitoscópicas (1.9% hasta 10.34%), como pruebas de PCR (11.17%) (Becerril - Flores et al., 2007; Antonio - Campos et al., 2019; Pérez et al., 2019). Si bien estas cifras son indicativas de la presencia del parásito en los vectores, hay que considerar los métodos empleados para su identificación en las bases de datos utilizadas en este proyecto (sólo prueba coproparasitoscópica). En este sentido se han documentado resultados subestimados de la infección en triatominos, con métodos como la microscopía óptica y por PCR, mostrando la necesidad de realizar futuros estudios con métodos más sensibles y específicos como la qPCR (Minuzzi-Souza et al., 2018). En cuanto a la infección por especies (Figura 20), los porcentajes son similares a reportes previos para *T. gerstaeckeri*, *T. barberi* y *T. mexicana* (Becerril et al., 2010; Antonio - Campos et al., 2019). Sin embargo, respecto a *T. barberi*, es necesario realizar estudios futuros con una muestra más grande, ya que el número de ejemplares con datos de infección fue muy bajo en las bases de datos históricas. Por su parte para *T. dimidiata* la tasa de infección fue mayor respecto a otros reportes para el estado (del 6% al 12.3%) (Vidal-Acosta et al., 2000; Becerril-Flores et al., 2007; Antonio-Campos et al., 2019). Este resultado es importante epidemiológicamente, considerando que *T. dimidiata* es la especie de mayor distribución (Figura 13), además de que tiene el mayor número de ejemplares presentes principalmente en el intradomicilio (Tabla 7), y su población es constante durante todo el año (Figuras 17 y 18 A). Por lo tanto, cumple con varios criterios que son factores de riesgo para una

transmisión eficiente del parásito a los humanos en Hidalgo. Respecto a las nuevas especies (*T. phyllosoma*, *T. pallidipennis* y *T. nitida*), han sido reportadas naturalmente infectadas y participando en el ciclo doméstico de la enfermedad de Chagas en otras áreas endémicas de México y otros países (Villagrán et al., 2008; Vidal-Acosta et al., 2000; Salazar-Schettino et al., 2010); por lo que son prioritarios estudios que confirmen o descarten su presencia en el estado de Hidalgo. Los especímenes reportados como *Triatoma* sp. (Figura 20), también son fundamentales en el estudio de la transmisión ya que nos indican que incluso las ninfas (juveniles) pueden ser transmisores, y debido a las tallas (pequeñas) y a la apariencia (distinta a los adultos) podrían pasar desapercibidas para la población humana, siendo un factor de riesgo considerable.

Finalmente, en cuanto a la distribución de los vectores infectados con el parásito, no se observa un patrón espacial, no obstante, sí se identificó que los reportes se concentran en la parte norte del estado (Figura 21), lo que podría deberse a la falta de búsqueda de los vectores como se discutió previamente. En este sentido, La Sierra de Tenango y la Huasteca son lugares prioritarios de control, ya que ahí es donde se encontró la mayor proporción de vectores infectados, siendo Huejutla, el municipio con el mayor número de vectores positivos (Figura 21). Esta espacialidad podría estar relacionada con las condiciones geoambientales, ya que se ha planteado que la infectividad en el vector podría estar determinada por estos factores (de Fuentes-Vicente et al., 2017). En apoyo a lo anterior, en modelos de distribución potencial se ha mostrado que seis de siete especies de triatomíneos infectados con *T. cruzi* tienen un nicho ecológico reducido (Villalobos et al., 2019). Sería por tanto interesante realizar análisis futuros en que se determine el tamaño de los nichos ecológicos de las poblaciones de triatomíneos en Hidalgo, y su posible relación con las tasas de infección con *T. cruzi*, utilizando técnicas moleculares altamente sensibles.

La seroprevalencia determinada en este estudio (25.04%) reportada en las bases de datos del banco de sangre y del Laboratorio Estatal de Salud de Hidalgo de un periodo de 10 años (2009 al 2019) (Figuras 22, 23 y Tabla 7), fue superior a lo reportado previamente para el estado. Anteriormente, se había encontrado una seroprevalencia del 2.8% en muestras de sangre tomadas entre 1994 y 1996 (Guzmán et al., 1998) y de un 2% en un informe reciente de muestras de banco de sangre entre 2017 y 2018 (Reboreda-Hernández et al., 2021). Sin duda, estos resultados muestran la necesidad de realizar estudios sero-epidemiológicos en población abierta, para tener un mejor panorama de la situación “real” de la población infectada en Hidalgo. Como se esperaba la mayoría de los registros obtenidos fueron de las diferentes jurisdicciones sanitarias del estado (Tabla 6). Esto puede explicarse ya que es el primer punto de atención ante el hallazgo de la posible picadura de triatomíneos (chagoma de inoculación o signo de romaña) y/o la presencia del espécimen. Los resultados mostraron que las jurisdicciones de Huejutla (J10) y Huichapan (J04) presentaron el mayor número de casos positivos (Tabla 6). En el caso de Huejutla, este resultado concuerda con la distribución histórica del insecto reportada previamente (Figura 13), su grado de establecimiento doméstico (Figura 19) y su tasa de infección con el parásito (Figura 21). Por el contrario, para Huichapan se observó que a pesar de la alta seroprevalencia reportada en la población, se encontró

un menor número de especímenes (Figura 13) que no se encontraban establecidos domésticamente y mostraron una menor tasa de infección con el parásito (Figuras 19 y 21). Tal como era de esperarse, los resultados de las muestras tomadas en el Centro Estatal de Transfusión Sanguínea (CETS) (Tabla 6) mostraron un alto porcentaje de seroprevalencia a *T. cruzi*. Esto se debe a que el CETS es un centro que recibe muestras de donación de diferentes zonas, por lo que concentra personas infectadas. La elevada seroprevalencia encontrada en estas muestras de donación constituye un tema prioritario, considerando que la transfusión de sangre es la segunda vía de transmisión más importante del parásito en áreas endémicas, según diferentes reportes (Rassi, Rassi y Marin-Neto, 2010; Coura, 2015; Arnal et al., 2019; González - Guzmán et al., 2019). Otros dos municipios de importancia fueron Tepeji del Río y Tula de Allende, donde a pesar de la ausencia de registros de triatomíneos, se encontró un alto número de casos seropositivos (Tabla 7 y Figura 23), sugiriendo la necesidad de la búsqueda de vectores en esta zona. Estos resultados concuerdan con lo reportado en otros trabajos con muestras de banco de sangre, en las cuales los casos para el estado de Hidalgo fueron también provenientes de municipios del sur (González – Guzmán et al., 2019). La alta seroprevalencia encontrada sugiere la presencia de un vector eficiente, por lo que pensamos que podría ser *T. barberi*, que es una especie con esas características (Salazar - Schettino et al., 2005; Salazar - Schettino et al., 2010; Rojo - Medina et al., 2018). Aún cuando Huejutla presenta una gran cantidad de registros de *T. dimidiata* (Figuras 13 y 14), con altas tasas de infección a *T. cruzi* (Figura 21), no se observó concordancia espacial entre estos datos y los resultados serológicos en la población humana. Esto podría deberse a que el CETS no acepta a donantes provenientes de esta zona, considerada como altamente endémica al Triatomino (Tabla 10, Figura 48). Por otro lado, en el caso de la Sierra Gorda y la Sierra Baja, que tienen un alto número de registros de *T. mexicana*, *T. gerstaeckeri* y *T. barberi*, pero se registran pocos casos seropositivos en banco de sangre. Dada la lejanía del CETS de estos lugares pensamos que una posible explicación es que las personas de estos lugares acuden a centros de salud más cercanos correspondientes al estado de Querétaro y San Luis Potosí colindantes o a que los vectores circulantes no son tan eficientes por su presencia estacional (Figura 17). Y para la zona con mayor discrepancia que es el Valle del Mezquital, en donde se tiene un vacío importante en el registro de vectores como *T. barberi*, *T. pallidipennis*, *T. phyllosoma* y *T. longipennis* que se contraponen con una seroprevalencia alta (Figura 26), es una zona prioritaria para el establecimiento de estrategias de búsqueda sistemática de estas especies de vectores y el análisis de su infección con *T. cruzi*, así como otros factores de riesgo que pudieran estar jugando un papel relevante en la transmisión de la ECh en esta zona del estado. La constante cantidad de casos positivos (Figura 24) y su expansión geográfica (Figura 25) a lo largo de los 11 años que se reportan en este trabajo sugieren que la transmisión de *T. cruzi* en el estado de Hidalgo es activa. Los mapas de casos acumulados mostraron la tendencia general, que una vez que un municipio tiene reportes los casos incrementan año con año y ese incremento se ve principalmente en los municipios de la zona sur del estado (Figura 25). Un punto fundamental en el estudio geográfico de la seroprevalencia debe ser la procedencia de los casos seropositivos ya que estas diferencias geográficas se ha visto que tienen un impacto en el

diagnóstico con pruebas serológicas, sugiriendo que las diferencias geográficas de las cepas del parásito y las diferencias genéticas entre las poblaciones humanas pueden contribuir a las discrepancias en las pruebas diagnósticas (Truyens et al., 2021), incluyendo falsos negativos o positivos. Asimismo es importante no perder de vista la dinámica migratoria de la población, ya que la población rural que migra a las ciudades en busca de mejores oportunidades, podría explicar esta tendencia espacial observada en el estado de Hidalgo, de tal forma que incluir algún atributo en la base de datos de banco de sangre que muestre el origen (lugar de procedencia) y la residencia (actual y previa) de la población, podría ayudar al entendimiento de los patrones espaciales de la seroprevalencia en este estado endémico de la ECh. Los resultados mostraron una asociación entre la infección y el género masculino (Figura 27 y Tabla 8), una tendencia también reportada en otros estudios (González – Guzmán et al., 2019; Reborada-Hernández et al., 2021). Se ha sugerido que esto podría deberse a que los hombres desempeñan actividades económicas como trabajadores del campo o recolectores, lo que aumenta su exposición a la picadura de triatomíneos (Valdez-Tah et al., 2015), o a que con mayor frecuencia los hombres donan sangre (La Jornada, 2024). También se halló una asociación entre la infección y la edad de 31 a 40 años en los donantes, un rango coincidente con otros informes (González – Guzmán et al., 2019; Reborada-Hernández et al., 2021) y que podría corresponder a la edad en la que se cumplen los criterios de selección. Finalmente, cabe mencionar que Hidalgo es uno de los estados con menos donaciones altruistas en el país (El Universal Hidalgo, 2024).

Con respecto a los modelos de distribución de especies para las cuatro principales especies de triatomíneos (*T. dimidiata*, *T. mexicana*, *T. gerstaeckeri* y *T. barberi*), diseñados con MaxEnt, nos permitieron obtener mapas de distribución potencial que se validaron en campo, mejorando la comprensión de los factores ambientales que pueden influir en la presencia de estas especies y que podrían contribuir a las estrategias de vigilancia y control. Se ha reportado que algunas de las principales determinantes ambientales que influyen en la presencia de especies de triatomíneos son la altitud, el clima, el tipo de vegetación y el uso de suelo (Bustamante et al., 2007; Bender et al., 2020; Méndez- Córdoba et al., 2022). Dentro del análisis obtenido con MaxEnt, estas variables se identificaron con mayor poder explicativo para los modelos de las cuatro especies estudiadas en este trabajo (Tabla 9). Otra variable importante fue la cantidad de biomasa (NDVI), también reportada como relevante para la presencia de especies de triatomíneos (Parra-Henao et al., 2016; Torres et al., 2020). Todas las variables incluidas en los modelos tuvieron valores entre 1 y 77% tanto en porcentaje de contribución como de importancia, por lo que consideramos que los criterios para el diseño de los modelos fueron correctos y que éstos son lo suficientemente explicativos para la validación experimental y la colecta de las especies de interés. Es decir, las variables relacionadas con el clima, la topografía, la vegetación y el uso de suelo demostraron tener poder explicativo para delimitar los sitios potenciales de las cuatro especies de triatomíneos. En el caso particular del poder explicativo de los tipos de climas, que tuvieron un alto porcentaje de contribución en los modelos (Tabla 9), este resultado concuerda con lo observado en el análisis de la asociación de la presencia de las estas especies de vectores con los tipos climas (Figuras 14 y 15). La influencia de los diferentes tipos de climas se diferenció entre las especies de vectores modeladas. Para *T. dimidiata*, la mayor probabilidad de presencia ocurrió en zonas de clima subtropical húmedo, lo que concuerda con las

asociaciones reportadas en este trabajo (Figuras 14 y 15) y en otros estados de la república mexicana en donde ha sido reportada esta especie como son Oaxaca, Yucatán y Veracruz (Ramsey et al., 2000; Reyes–Novelo et al., 2013; Murillo–Solano et al., 2021; Vidal–Acosta et al., 2000). En el caso del modelo de *T. mexicana* se observó que los sitios con mayor idoneidad se delimitaron en climas semiáridos subtropicales y semiáridos, lo que también coincide con los resultados de este trabajo para esta especie (Figuras 14 y 15) y con otras investigaciones en estados aledaños a Hidalgo como Querétaro y Guanajuato (Vidal – Acosta et al., 2000; Villagrán et al., 2008; López- Cárdenas et al., 2006). *T. gerstaeckeri* tuvo una mayor probabilidad de presencia en los climas cálido subhúmedo y semicálido húmedo, coincidiendo con el análisis mostrado en este trabajo (Figuras 14 y 15). El modelo de *T. gerstaeckeri* arrojó sitios con potencial de presencia en zonas de clima cálido subhúmedo y subtropical húmedo, coincidiendo con la asociada observada en este trabajo (Figuras 14 y 15) y con lo publicado para el estado de Querétaro, San Luis Potosí y Veracruz (Huerta-Jiménez, 2015; GBIF, 2023), estados que colindan al norte de Hidalgo, en donde tuvieron la mayor cantidad de registros para esta especie (Figura 13). Finalmente, para *T. barberi*, el modelo clasificó sitios con potencial de presencia en climas seco semicálido y semiseco semicálido, consistente con su asociación con las condiciones secas/semiáridas observadas en este trabajo (Figuras 13 y 14) así como en estados como Guanajuato y Querétaro (López-Cárdenas et al., 2006; GBIF, 2023). Otra variable que tuvo un alto poder explicativo en los modelos fue la vegetación y usos de suelo (Tabla 9). Los modelos mostraron que esta variable, determina sitios probables de presencia de acuerdo con las coberturas vegetales, sugiriendo que algunas especies tienen mejores condiciones en el hábitat doméstico (*T. dimidiata* y *T. barberi*), ya que se obtuvieron valores más altos en las zonas urbanas, mientras que otras podrían tener mayor afinidad por áreas selváticas o podrían tener comportamientos estacionales entre el entorno selvático y doméstico, ya que los valores altos se tuvieron en matorrales (*T. mexicana*) y selvas (*T. gerstaeckeri*). Esto concuerda con observaciones previas que indican que la cobertura vegetal y el gradiente urbano – rural son fundamentales en la distribución de estas especies, resaltando la adaptación antrópica de estos vectores (Bender et al., 2020). Otro de los componentes del territorio que se ha identificado que tiene una fuerte influencia en la variación espacial de las especies de vectores de la ECh es la altitud (Ramsey et al., 2000; Ramsey et al., 2015). En este sentido la altitud también jugó un papel importante en la distribución de la mayoría de las especies modeladas. Los patrones espaciales de los vectores coincidieron con los intervalos altitudinales reportados en otras áreas endémicas (Ramsey et al., 2000; Ramsey et al., 2015). Algo relevante con respecto a la altitud fue que para el modelo de *T. barberi*, esta variable no tuvo un efecto en la modelización, por lo que fue descartada (Tabla 9 y Figura 29). Sin embargo, esto podría estar relacionado a los datos de ocurrencias limitados de esta especie con los que se modeló la distribución potencial. Esta baja cantidad de datos de presencia pudieron haber afectado la capacidad del algoritmo para caracterizar las condiciones del hábitat y por lo tanto identificar su influencia en la distribución de *T. barberi*. En este sentido, si bien MaxEnt, ha mostrado ser menos sensible al tamaño de la muestra, comparado con otros algoritmos. Se ha reportado que un tamaño de muestra pequeño ($n < 30$) puede llegar a tener impactos en la precisión y la variabilidad de los modelos (Wisniewski et al., 2008). Por lo tanto, será importante ampliar el registro de *T. barberi* en el estado de Hidalgo, para analizar si la altitud juega un papel importante en el modelaje de su patrón de distribución, como se ha reportado en otros trabajos (Salazar – Schettino et al., 2010; Bender et al., 2020). Además, que como ya se mencionó se ha reportado que la altitud afecta la virulencia de *T. cruzi* en triatomíneos (De Fuentes-Vicente et al., 2017), por lo que serán necesarias más investigaciones que evalúen las relaciones entre las condiciones geoclimáticas, la ecología de los

vectores y la infectividad de los parásitos, que son variables que contribuyan a desarrollar enfoques de control más específico, además de mejorar la modelización de las especies del género *Triatoma*. La precipitación también se considera una variable que influye en algunas especies de triatomíneos, de acuerdo con modelos globales anteriores (Bender et al., 2020). En este sentido, también las variaciones del microclima afectan de manera diferencial a los vectores debido a las fluctuaciones de humedad y temperatura. Por ejemplo, las variaciones en refugios como casas, áreas rocosas y gallineros pueden afectar de manera diferencial a las especies de vectores (Lorenzo et al., 2000). Esto podría indicar que el microclima afecta a las especies domésticas, mientras que las especies visitantes se ven afectadas por las condiciones de mesoclimáticas. Monitorear estos microclimas domésticos y peridomésticos a un nivel más detallado podría ayudar a explicar los patrones de ocupación en las viviendas y la estacionalidad de estos insectos. Por lo que los valores de contribución e importancia de las variables (Tabla 9), validan determinantes macroclimáticos y paisajísticos reportados. Sin embargo, un trabajo futuro que incorpore el microclima y datos adicionales, como las condiciones de vivienda ayudarán a la comprensión los factores locales que influyen en la presencia y establecimientos de los triatomíneos en el ciclo doméstico.

Las cuatro especies de triatomíneos modeladas mostraron distribuciones potenciales diferenciales como se esperaba de acuerdo con los resultados de distribución obtenidos en el análisis retrospectivo (Figura 13). El mapeo de la distribución potencial permitió diseñar el muestreo para la colecta de estas especies. Lo que muestra la utilidad del modelado de distribución de especies con MaxEnt para mapear las áreas con potencial de presencia de vectores de la enfermedad de Chagas en diversos entornos ecológicos del estado de Hidalgo, que permitan diseñar estrategias sensibles a las características de las especies. En este sentido, se observaron algunas diferencias importantes entre los sitios idóneos para cada especie. El modelo de *T. barberi* tuvo una distribución potencial más amplia (Figura 33), mientras que para *T. dimidiata* (Figura 30) y *T. mexicana* (Figura 31) fue más localizada. Estos resultados podrían ser considerados para distribuir los esfuerzos de vigilancia y control en el futuro. Los mapas obtenidos en este trabajo proporcionan una guía espacialmente explícita para actividades e intervenciones de campo más específicas a escalas locales, como lo aplicamos para la validación experimental. Por lo que consideramos, que este enfoque puede ayudar a que los programas funcionen de manera más eficiente. Por ejemplo, dirigir esfuerzos en zonas con alta probabilidad de presencia de las especies considerando también, otros aspectos como la estacionalidad o domiciliación de los vectores, como se hizo en este trabajo, podría mejorar el monitoreo de las especies de los vectores de Chagas en el ciclo doméstico. Algo importante de considerar es que, si bien los modelos funcionaron para nuestros objetivos, todavía existe la oportunidad de perfeccionarlos. Esto con la finalidad de disminuir los sesgos que los modelos de distribución de especies pueden llegar a tener como es el caso de un sobreajuste, que se puede dar por efecto de los datos de ocurrencias (sesgados) o las variables incluidas (resolución espacial). En este sentido, la incorporación de registros de ocurrencia adicionales a lo largo del tiempo, particularmente de áreas submuestreadas como la región del Valle del Mezquital o del sur del estado Hidalgo en general (Figura 13) fortalecería la capacidad de clasificación de los sitios potenciales. Un ejemplo de esto es que en esta parte del estado se identificaron sitios de

probabilidad baja a moderada en particular para *T. barberi* (Figura 33, sin embargo, esto podría deberse a la baja cantidad de ocurrencias como se mencionó previamente y no a la baja idoneidad de los hábitats del sur del estado de Hidalgo. En apoyo a esto, como ya se mencionó recientemente se reportó la presencia de *T. barberi* en el norte del Estado de México (Rivas et al., 2018), que colinda precisamente con las regiones (Valle del Mezquital, Cuenca de México y la Altiplanicie Pulquera) que mostraron tener probabilidades de presencia para *T. barberi* (Figura 33). Aunado a que es muy poco probable que los casos seropositivos en banco de sangre de la zona sur del estado no se estén asociados a la presencia de alguna especie de vector (Figura 23), que como discutimos anteriormente podría corresponder a *T. barberi*.

La validación estadística fue alta (> 0.9) para todos los modelos (Figura 34), lo que indica una buena clasificación de las ocurrencias como sitios potenciales de presencia (arriba del 90%). Además, uno de los principales aportes del enfoque propuesto en este trabajo, es la validación experimental de los mapas de distribución potencial, mediante muestreo de campo. Esta validación probó que los modelos pueden ser aplicados en fines de búsqueda, recolecta y / o registro de las especies de vectores, ya que la concordancia obtenida entre los modelos y nuestra validación experimental fue muy buena (Fiesterra, 2010) para *T. dimidiata* y *T. mexicana* (Figuras 36 y 38), aunque para *T. barberi* fue débil (Fiesterra, 2010) (Figuras 36 y 39) posiblemente por la limitante en el número de ocurrencias. De igual forma el análisis de concordancia entre los modelos y los datos de colecta del programa estatal de Control de Vectores de la Secretaría de Salud de Hidalgo (2020-2021), mostró que los modelos tienen un nivel de concordancia de muy buena a débil (Fiesterra, 2010). El modelo de *T. dimidiata* tuvo muy buena concordancia con respecto al muestreo hecho por el PECVSSH (Figura 38). Mientras que la concordancia para *T. mexicana* fue moderada, y para *T. barberi* y *T. gerstaeckeri* (Figura 39) fué débil y pobre, respectivamente. A pesar de estos últimos resultados podemos decir que el modelo de *T. dimidiata* y *T. mexicana* funcionaron para nuestros objetivos con muy buena concordancia, y que también se validaron con los datos del muestreo no dirigido realizado por la secretaría de salud de Hidalgo (con moderada y buena concordancia). Por lo que consideramos que, si esta estrategia metodológica se implementara en el estudio de vectores de Chagas, podría contribuir a la búsqueda y caracterización de las condiciones de los hábitats de estos insectos, apoyando a las estrategias del control del vector de una forma más eficiente.

Las técnicas de colecta funcionaron para todas las especies que se definieron con base en aspectos de comportamientos específicos. En el caso de *T. dimidiata* que se observó domiciliada (Figuras 17 y 18 B), se estableció como mejor técnica el método hora-hombre (Figura 37 A-D). En el caso de *T. mexicana* que mostró estacionalidad (especie visitante) (Figuras 17 y 18 A) la técnica más eficiente fue la colecta comunitaria, la colecta nocturna y el uso de trampas adhesivas con cebo (Figura 37 E-G). Finalmente, para *T. barberi* la colecta comunitaria fue la estrategia que nos permitió validar la presencia de esta especie. Algo necesario de comentar, es que *T. barberi* tiene características morfológicas muy particulares que la diferencia del resto de las especies estudiadas en este trabajo (Figura 36), como es un menor tamaño, una coloración del conxivo más oscuro y una forma del cuerpo menos ovalada, lo que la hace pasar menos desapercibida ante el ojo humano.

En resumen, este enfoque que integró la validación estadística y experimental que incluyó métodos tanto analíticos como empíricos, fue muy eficiente. El componente de validación de campo

evidenció la importancia de los registros de ocurrencias de las especies, mostrando que el sesgo (vacío) de estos datos puede generar modelos con poca concordancia entre el mapeo y la presencia real de los vectores, dejando como agenda prioritaria la colecta dirigida para refinar los modelos de distribución potencial, y por lo tanto obtener mapas de riesgo de transmisión lo más cercanos a la realidad. Además, la validación permitió demostrar que los modelos de MaxEnt generaron distribuciones potenciales confiables que reflejaron con precisión el área de distribución de cada especie de vector, lo que fortalece la confianza y la utilidad del modelo para guiar la vigilancia entomológica, la planificación de intervenciones y la evaluación del riesgo de transmisión vectorial para respaldar la toma de decisiones sobre estrategias de control basadas en trabajos basados en evidencia. Finalmente, es fundamental un seguimiento entomológico sistemático y serológico continuo y a largo plazo, basado en todos estos análisis espaciales como la distribución de especies (Figura 13), infección de vectores (Figura 21), datos de banco de sangre (Figura 23) y la distribución potencial de los vectores (Figuras 30 – 33). Otro aspecto que será fundamental es la incorporación de condiciones microecológicas dadas en las viviendas que podrían contribuir a los mapas de idoneidad del hábitat de los vectores peridomésticos y la priorización de intervenciones intradomiciliarias, que son importantes para el establecimiento de los vectores dentro del ciclo doméstico (Lorenzo et al., 2000).

Un resultado relevante de la validación experimental fue la validación de la presencia de las especies que fueron primeros registros (de un único espécimen) para el estado de Hidalgo en el análisis histórico. Demostrando que *T. phyllosoma* y *T. pallidipennis* se encuentran bien establecidas en el ciclo doméstico, encontrándolo principalmente en el peridomicilio en la localidad de Guadalupe. Estos resultados concuerdan con un reporte reciente de colectas hechas por parte del PCVSSH en donde se reportó la colecta de mas especímenes de *T. pallidipennis* en la localidad de Guadalupe (Alejandre – Aguilar et al., 2023). Sin embargo, a diferencia de ese trabajo en donde se reportó la presencia de *T. pallidipennis* en el entorno intradoméstico en su mayoría, en nuestro trabajo de campo los especímenes colectados fueron el 100 % del peridomicilio. Esto podría deberse a que una gran cantidad de reportes de las vectores que llegan al PCVSSH, está dada por la colecta comunitaria y los datos de los sitios de colecta de los especímenes podrían estar sesgados. En este sentido una parte importante de los especímenes que se reportan en este trabajo de *T. pallidipennis* y *T. phyllosoma* se obtuvieron por colecta comunitaria (Figura 40 B), de los cuales se nos refirió que esos especímenes fueron colectados en el peridomicilio (en tecorrales). Con base en esta información y las observaciones de las características de las viviendas de esta localidad, se procedió a la búsqueda de estas especies en estos lugares, por medio del desmantelamiento de las bardas de piedra apiladas (Figura 40 A). Se obtuvo un número importante de ejemplares en estadio ninfal y adulto, lo que concuerda con algunos trabajos previos que reportan la ocupación de *T. pallidipennis* principalmente en el peridomicilio (López – Vivas et al., 2018) y el uso de los tecorrales como refugios por diferentes especies de vectores de la ECh, incluyendo a *T. pallidipennis* (Rodríguez-Bataz et al., 2011; Salazar - Schettino et al., 2005). Otro aspecto importante fue la captura de esta especie por medio del uso de trampas adhesivas con cebo vivo (Figura 40 D y E). Lo que demuestra la eficiencia de estos métodos de colecta para especies de hábitos nocturnos como los triatominos y puede brindar información sobre la ocupación de los vectores en el ciclo doméstico, como también

se ha reportado para diferentes especies de vectores de la ECh (Angulo et al., 2013). La aplicación de este método de captura en futuros estudios como coadyuvante al método hora-hombre, puede contribuir al mejoramiento en el monitoreo y registro de estas especies de vectores. En el caso de *T. longipennis* (Figura 41) este hallazgo corrobora lo reportado por parte del PCVSSH en el año 2022 en la localidad de Guadalupe, mismo año en el que nuestro grupo de investigación realizó el trabajo de campo. En este caso la ocupación de esta especie en el peridomicilio coincide con lo reportado en la literatura (Rivas et al., 2023). Si bien en México no se ha reportado *T. phyllosoma* en los estados aledaños a Hidalgo (GBIF, 2024 A), con base en registros de datos abiertos la presencia de esta especie podría sugerir un transporte pasivo, desde estados más alejados con registros como Michoacán, Estado de México (sur) o Morelos. Mientras, que para *T. pallidipennis* el transporte pasivo podría haberse dado por su introducción desde estados como San Luis Potosí, Estado de México (norte) o Morelos (GBIF, 2024 B). Mientras que en el caso de *T. longipennis* pudo ser desde el estado de Guanajuato o Michoacán (GBIF, 2024 C). Aunque también, será importante considerar la posibilidad de que estas especies siempre hayan estado presentes en la localidad, a través de encuestas a la población que permitan recoger esta información. De igual forma, la aplicación de pruebas genéticas que permitan formular hipótesis de la procedencia de estas especies en esta región del estado de Hidalgo será necesario. También, será relevante la aplicación del enfoque de modelización para identificar sitios potenciales de presencia, y validarlos como se hizo para las otras especies de triatomíneos en este trabajo. Finalmente, la validación de la presencia y establecimiento de estas especies (con un registro único en el análisis histórico), pone a la luz la falta de registro sistemático de las especies de vectores de la ECh en Hidalgo. Acentuando la importancia de no asumir la ausencia de las especies derivado del no registro u observación. De igual manera, muestra la necesidad de realizar estudios moleculares para evaluar la infección en las especies de vectores que pueda ayudar a explicar alta seropositividad observada en el estado (Figura 23) y caracterizar su domiciliación a nivel local, permitiendo identificar sitios de alto riesgo de transmisión en el estado.

El análisis de las condiciones sociodemográficas de las viviendas muestreadas durante la validación experimental mostró algunas características relevantes. Éstas incluyeron pisos de tierra o concreto, presencia de basura/cacharros, materiales de construcción, leña o madera, así como perros y gatos en el peridomicilio (Figuras 46 y 47). Estas condiciones han sido reportadas previamente como factores de riesgo, dado que se han asociado con la presencia de los vectores de la enfermedad de Chagas (Hurtado et al., 2014; Valdez-Tah et al., 2015). En este trabajo se encontraron diferencias entre las viviendas que podrían estar asociadas a las especies y su ocupación al interior de éstas. En el caso de *T. dimidiata*, cuya domiciliación en la región de la Huasteca se corroboró, las condiciones en esta zona fueron de mayor pobreza y coincidieron con aquellas reportadas en la literatura como idóneas para la domiciliación de triatomíneos (Figuras 42 B, 44 y 47), tales como paredes de adobe/barro con grietas, techos de palma o carrizo, y pisos de tierra (Sanmartino y Crocco et al., 2000). Por lo tanto, en esta región se podría implementar un tipo de mejoramiento de viviendas que elimine grietas y fisuras dentro del domicilio para limitar su domiciliación (Monroy, 2022). En el caso de *T. mexicana* validada como especie visitante, se la encontró presente en viviendas sin barreras

físicas como falta de mosquiteros (Figuras 42 A, 43 y 47), considerando esta característica un factor de riesgo debido a que, por las altas temperaturas en abril-mayo cuando aumentaron sus poblaciones (Figuras 17 y 18 A), la población suele dejar las ventanas abiertas careciendo de protección, lo que permite el contacto vector-humano. Por lo tanto, en esta zona se podría implementar la instalación de mosquiteros que eviten el acceso de los vectores (Waleckx et al., 2015). En el caso de la localidad de Guadalupe, con mejores condiciones sociodemográficas, las características del intradomicilio (Figuras 42 C y 45) aparentemente no favorecen la domiciliación de las especies colectadas (*T. pallidipennis*, *T. phyllosoma* y *T. longipennis*). En este caso, fue en el peridomicilio donde se encontraron los principales factores de riesgo, en particular el uso de tecorales para delimitar los terrenos (Figuras 46 C, 45, 47), que como se discutió previamente son hábitats donde suelen refugiarse estas especies (Rodríguez-Bataz et al., 2011; Salazar - Schettino et al., 2005), además de la cercanía de corrales con ganado (Figura 47 J y L) y las zonas de descanso de los perros amarrados (Figura 47 K) que les sirven como fuente de alimentación, actuando como barreras biológicas. Contrario al caso de las localidades de la Huasteca donde las especies sinantrópicas fueron menos frecuentes (Figura 46 B), pudiendo ser otro factor de la alta domiciliación de *T. dimidiata* en estas viviendas. En este sentido, estas hipótesis solo podrán validarse con el análisis molecular que permita conocer las fuentes de alimentación sanguínea de los especímenes recolectados durante la validación experimental. En resumen, con base en estos hallazgos se puede afirmar que las condiciones de las viviendas son fundamentales en la dinámica de ocupación de las especies de vectores de la ECh en el entorno doméstico y en el consecuente riesgo de transmisión vectorial de *T. cruzi* a los humanos. Finalmente, otro aspecto relevante a incorporar en el futuro asociado a las condiciones socioculturales son los conocimientos, actitudes y prácticas de las comunidades, lo cual permitiría diseñar estrategias de control que puedan ser adoptadas y bien recibidas, siendo este uno de los principales retos para el éxito de las estrategias de control de esta enfermedad, como se ha demostrado en estudios previos de factores de riesgo (Ramírez-López et al., 2021).

En el modelo de integración para la identificación de zonas de riesgo de transmisión, la significancia obtenida entre las variables explicativas y la seroprevalencia resultó tener mucha variabilidad entre los municipios, y se concentra principalmente en la zona norte del estado (Figura 48 A). Esto podría explicarse debido al sesgo en el registro de los vectores como se mencionó anteriormente (Figuras 13, 19 y 21) o a la falta de registros serológicos en el norte (Figura 23), es decir a la discrepancia observada entre la distribución de vectores y la seroprevalencia (Figura 26). Lo que podría explicar que la mayoría de los municipios del sur del estado no tuvieron significancia (Figura 48 A). En el caso del porcentaje de vectores infectados que tuvo el menor número de municipios con significancia estadística respecto a los seropositivos (Figura 48 A), que se esperaría que estuvieran altamente correlacionadas, podría deberse a la baja cantidad de vectores con registro con la prueba coproparasitoscópica (Figura 21). Esto demuestra la necesidad de implementar estrategias más sensibles en la detección de la infección en vectores de Chagas, para que resulte un mejor indicador de la infección en la población humana (seroprevalencia). En el caso de la pobreza extrema, que tuvo la mayor cantidad de municipios con significancia estadística (Figura 48 A), podría estar relacionado a que esta base de datos se obtuvo de datos abiertos (CONABIO, 2014) de información a nivel municipal, la cual es recogida de forma sistemática y homogénea para cada municipio, lo que

tiene un sesgo menor en comparación a los datos de los vectores y de banco de sangre utilizados en este trabajo. En el caso del mapa de riesgo a nivel municipal (Figura 48 B) los sitios con mayor riesgo (Huejutla, Molango y Tlanchinol) se debe a la cantidad de seropositivos en banco de sangre (Figura 23) y las variables explicativas asociadas al vector como son alta cantidad de vectores (Figura 13) y alta proporción de vectores intradomiciliados (Figura 19). Por lo que estos municipios son de gran relevancia epidemiológica, por las condiciones que incluyen a las tres piezas fundamentales de la ECh (vector, parásito y población humana). Otra zona importante que se identificó en este análisis fue el sur del estado en particular los municipios de Tezontepec, Tula de Allende y Tepeji del Río (Figura 48 B) que si bien en cuanto a las variables asociadas al vector como la riqueza de especies (Figura 13), la abundancia de vectores (Figura 48 A), vectores intradomiciliados (Figura 19) y vectores infectados (Figura 21) no tuvieron registros. Sin embargo, este nivel de riesgo podría explicarse gracias a que los casos seropositivos son altos para estos municipios (Figura 23) y a que la correlación de estos fue alta con la pobreza extrema (Figura 48 A). Por lo que son sitios prioritarios para la búsqueda de los vectores, ya que estos resultados sugieren la presencia de triatomíneos más que a la posibilidad de otras vías de transmisión. Otro grupo importante de municipios de relevancia epidemiológica son aquellas que tuvieron valores de R^2 ajustada entre el 0 y 0.25 (Figura 48 B), que si bien no tienen reportes en banco de sangre ni de vectores (Figura 48 A), se encuentran en zonas asociadas con pobreza extrema (Figura 48 A), además de que se encuentran adyacentes a municipios con altas tasas de infección como son Tepeji del Río, Tula de Allende y Tezontepec, Huichapan e Ixmiquilpan (Figura 23). Otro aspecto relevante son los sitios que tuvieron los valores más bajos de R ajustada, es decir el menor riesgo, que podrían estar reflejando el sesgo en las bases de datos de vectores y los datos de banco de sangre que no representan a la población total infectada. Lo que sugiere que los municipios del norte con el menor riesgo, podría estar indicando municipios con una falta de registros serológicos más que población no infectada, o municipios con riesgo de transmisión bajo. Mientras que, en el caso de los municipios al sur, el vacío del registro de vectores tiene un impacto en la clasificación del riesgo epidemiológico. Esto muestra que, en este tipo de estudios, la falta de información puede indicar zonas prioritarias para la toma de datos que pueden completar y enriquecer el panorama epidemiológico. Un ejemplo de esto es el municipio de Yahualica, que el modelo a nivel municipal indicó que tiene un riesgo muy bajo (Figura 48 B), pero que en la validación experimental se encontró a *T. dimidiata* (Figuras 36 y 48 C; Tabla 10) y se documentaron condiciones de viviendas que favorecen la instalación de esta especie (Figuras 44 y 48 D). Por lo que este mapa tendría que validarse como se hizo con los mapas de distribución potencial, para conocer cuáles son las condiciones que se cumplen en los municipios que favorezcan a la transmisión vectorial de la ECh.

Finalmente, la incorporación de los datos a nivel local nos permitió entender que condiciones de las viviendas favorecen a la transmisión vectorial eficiente en el ámbito doméstico, que con la información a nivel municipal no se podría llegar a estas conclusiones. Un ejemplo de esto es el municipio de Tecozautla que en el mapa a nivel municipal no tuvo un nivel de riesgo alto, sin

embargo, durante la validación experimental se corroboró la presencia e instalación de tres nuevas especies de vectores de la ECh (Figuras 36 y 48 C), a pesar de que las condiciones de vivienda fueron muy buenas y del uso de tecorrales como un factor de riesgo (Figuras 45, 46, 47 y 48 C). Por lo que, consideramos que las escalas de análisis a nivel municipal, aunque brindan información importante, la información a nivel local obtenida en el trabajo de campo, sin duda enriquece el entendimiento de la complejidad de ecoepidemiología y sienta bases más detalladas y robustas para el diseño de estrategias de estudio de control de la ECh.

Resumen de resultados

- 1) Se reportó la presencia de siete especies de vectores de *T. cruzi* en el estado de Hidalgo, siendo las más dominantes *Triatoma dimidiata*, *T. mexicana*, *T. gerstaeckeri* y *T. barberi*. Se encontraron patrones de distribución diferenciales entre las especies, asociados a características climáticas.
- 2) Las validaciones experimentales de los modelos de distribución potencial de los vectores corroboraron variaciones temporales, asociadas con la domiciliación en el caso de *T. dimidiata* y el comportamiento visitante para *T. mexicana*.
- 3) Se confirmó la presencia y establecimiento de tres nuevas especies de vectores para Hidalgo: *T. pallidipennis*, *T. phyllosoma* y *T. longipennis*.
- 4) El enfoque de modelamiento de máxima entropía resultó ser eficiente para el diseño de muestreo y la colecta de las especies de vectores de la ECh.
- 5) La tasa global de infección de los vectores y la seroprevalencia en banco de sangre resultaron ser mayores a lo reportado previamente para el estado, sugiriendo además una transmisión activa del parásito.
- 6) El riesgo de transmisión vectorial del ciclo doméstico de *T. cruzi* en Hidalgo se estratificó espacialmente, identificando sitios con riesgo asociados a condiciones socio-demográficas y factores que proveen nichos favorables para los vectores.
- 7) Se identificaron áreas prioritarias para la búsqueda de vectores y casos seropositivos que contribuyan a diseñar estrategias de control orientadas a disminuir el riesgo de transmisión de la ECh en el estado.

Conclusiones

El estudio integral de los componentes que participan en el ciclo de transmisión vectorial doméstico de la ECh en el estado de Hidalgo mediante un enfoque espacio-temporal y el modelamiento de la distribución potencial de especies, permitió caracterizar de manera actualizada la situación epidemiológica de esta enfermedad en la región. Se logró estratificar el riesgo de transmisión vectorial a nivel local, identificando zonas focalizadas con condiciones apropiadas para la instalación y actividad de los principales vectores. Asimismo, se establecieron áreas prioritarias para enfocar

acciones de control, seguimiento y vigilancia epidemiológica, que contribuirán a disminuir la carga de morbilidad causada por esta patología desatendida en el estado de Hidalgo. Los resultados obtenidos aportan información relevante para el diseño de estrategias de intervención orientadas a la reducción sostenida de la transmisión de *T. cruzi* a nivel local. Por último, nuestros hallazgos demuestran el potencial de los SIG para aplicaciones concretas en el análisis de enfermedades transmitidas por vectores y problemas relacionados con la salud pública.

Bibliografía

- Alaniz A J, Bacigalupo A y Cattán P E. (2017). Zika: Probabilidad de establecimiento de su vector, *Aedes aegypti*, en Chile. *Rev Chilena Infectol.* 34 (6): 553-556. Disponible en: <https://www.scielo.cl/pdf/rci/v34n6/0716-1018-rci-34-06-0553.pdf> [Último acceso 10.08.2024]
- Alejandro-Aguilar R, Antonio-Campos A, Noguez-García J, Rivas N. (2023). *Triatoma pallidipennis* (Stål, 1872) (Hemiptera: Reduviidae) and its potential for infestation in Tecozautla, Hidalgo state, Mexico. *J Vector Ecol.* 48(1):1-6. <https://doi.org/10.52707/1081-1710-48.1.1>
- Angulo, V M., Esteban, L, Urbano, P, Hincapié, E, & Núñez, L A. (2013). Comparación de métodos para la captura de triatominos (Hemiptera: Reduviidae) en palmas *Attalea butyracea* en los Llanos Orientales de Colombia. *Biomédica*, 33(4), 653-659. <https://doi.org/10.7705/biomedica.v33i4.835>
- Anonymous. (1999). Recommendations from a satellite meeting. *Mem. Inst. Oswaldo Cruz* 94, 429–432. <https://doi.org/10.1590/S0074-02761999000700085>
- Antonio C A, Rubio O M, Martínez C T, Hernández O L, Martínez C S y Manning C R. (2017). Enfermedad de Chagas: Vectores. *Ciencia.* 68 (1): 30-33. Disponible en: <https://www.revistaciencia.amc.edu.mx/index.php/vol-68-numero-1/451-enfermedad-de-chagas-vectores> . [Último acceso 10.12.2023]
- Antonio-Campos, A, Cuatepotzo-Jiménez, V, Noguez-García, J, Alejandro-Aguilar, R and Rivas, N. (2019). Distribution of triatomine (Hemiptera: Reduviidae) vectors of Chagas disease in the state of Hidalgo, Mexico. *Journal of Vector Ecology*, 44: 179-186. <https://doi.org/10.1111/jvec.12342>
- Araújo, M B y Guisan, A. (2006). Five (or so) challenges for species distribution modelling. *Journal of Biogeography*, 33(10), 1677–1688. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2699.2006.01584.x>
- Arnal A, Waleckx E, Rico-Chávez O, Herrera C, Dumonteil E. (2019). Estimating the current burden of Chagas disease in Mexico: A systematic review and meta-analysis of epidemiological surveys from 2006 to 2017. *PLoS Negl Trop Dis* 13(4): e0006859. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0006859>
- Azambuja, P, Garcia, E, Ratcliffe, N Gut microbiota and parasite transmission by insect vectors. *Trends in Parasitology.* 2005, Vol. 21, Issue 12: 568-572. <https://doi.org/10.1016/j.pt.2005.09.011>.
- Basile L, Jansa J M, Carlier Y, Salamanca D D, Angheben A, Bartoloni A, Seixas J, Van Gool T, Canavate C, Flores-Chavez M, Jackson Y, Chiodini PL, Albajar-Vinas P. (2011). Chagas disease in

European countries: the challenge of a surveillance system. *Euro Surveill.* 15, 16(37):19968. Disponible en: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/21944556/> [Último acceso 10.08.2024]

- Basile L, Oliveira I, Ciruela P, Plasencia A. (2011 a). The current screening programme for congenital transmission of Chagas disease in Catalonia, Spain. Spain. *Euro Surveill.* 16 (38). Disponible en: <https://www.eurosurveillance.org/content/10.2807/ese.16.38.19972-en> [Último acceso 10.08.2024]
- Becerril, M A, Angeles-Pérez, V, Noguez-García, J, Imbert-Palafox, J. (2010). Riesgo de Transmisión de *Trypanosoma cruzi* en el Municipio de Metztlán, Estado de Hidalgo, México, Mediante la Caracterización de Unidades Domiciliarias y sus Índices Entomológicos. *Neotropical Entomology* 39(5): 8. <https://doi.org/10.1590/S1519-566X2010000500021>
- Becerril-Flores, M A, Rangel-Flores, E, Imbert-Palafox, J L, Gómez-Gómez, J V y Figueroa- Gutiérrez, A H. (2007). Human infection and risk of transmission of Chagas disease in Hidalgo State, Mexico. *Am J Trop Med Hyg* 76(2): 318- 323. Disponible en: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/17297042/> [Último acceso 10.08.2024]
- Becerril-Flores M A, Benítez-Hernández, A K, Santos-Castañeda, A, Tovar-Tomás, M R y Molina-Trinidad, E M. (2024). Development and survival of *Triatoma barberi* and *Triatoma longipennis* (Hemiptera: Reduviidae) is affected by *Trypanosoma cruzi* colonization. *Revista Colombiana de Entomología*, 50(1), e12874. <https://doi.org/10.25100/socolen.v50i1.12874>
- Bender A, Python A, Lindsay S W, Golding N y Moyes C L. (2020). Modelling geospatial distributions of the triatomine vectors of *Trypanosoma cruzi* in Latin America. *PLoS Negl Trop Dis* 14(8): e0008411. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0008411>
- Bern C, Montgomery S P, Katz L, Caglioti S, Stramer S L. (2009). Chagas disease and the US blood supply. *Curr Opin Infect Dis.* 21:476–82. <https://doi.org/10.1097/qco.0b013e32830ef5b6>
- Brenière SF, Waleckx E y Barnabé C. (2016). Over Six Thousand *Trypanosoma cruzi* Strains Classified into Discrete Typing Units (DTUs): Attempt at an Inventory. *PLoS Negl Trop Dis.* 10(8):e0004792. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0004792>
- Brisse S, Barnabé C y Tibayrenc M. (2000). Identification of six *Trypanosoma cruzi* phylogenetic lineages by random amplified polymorphic DNA and multilocus enzyme electrophoresis. *Int J Parasitol.* 30 (1): 35-44. [https://doi.org/10.1016/S0020-7519\(99\)00168-x](https://doi.org/10.1016/S0020-7519(99)00168-x)
- Brisse S, Verhoef J y Tibayrenc M. (2001). Characterisation of large and small subunit rRNA and mini-exon genes further supports the distinction of six *Trypanosoma cruzi* lineages. *Int J Parasitol.* 31 (11): 1218-26. [https://doi.org/10.1016/S0020-7519\(01\)00238-7](https://doi.org/10.1016/S0020-7519(01)00238-7)
- Buarque D S, Gomes C M, Araújo R N, Pereira M H, Ferreira R C, Guarneri A, Tanaka A S. (2016). A new antimicrobial protein from the anterior midgut of *Triatoma infestans* mediates *Trypanosoma cruzi* establishment by controlling the microbiota. *Biochimie.* 123:138-43. <https://doi.org/10.1016/j.biochi.2016.02.009>
- Bustamante, D M, Monroy, M C, Rodas, A G, Juárez, J A, y Malone, J B. (2007). Environmental determinants of the distribution of Chagas disease vectors in south-eastern Guatemala. *Geospatial Health*, 2, 199–211. Disponible en: <https://www.geospatialhealth.net/index.php/gh/article/view/268/268> [Último acceso 10.08.2024]
- Carabarin L A, González V M, Baylon P L y Rosales E J. (2011). Enfermedad de Chagas: una enfermedad olvidada. *Elementos.* 84: 5-11. Disponible en:

- <https://www.researchgate.net/publication/258279366> Enfermedad de Chagas una enfermedad olvidada [Último acceso 10.08.2024]
- Cabezas L, Cabanzo W, Santa F, Olano V A, Sarmiento D, Vargas S, Jaramillo J F, Stenstrom T-A, Overgaard H J y Matiz M I. (2017). Distribución espacial de *Aedes aegypti* (Diptera: Culicidae) en el área rural de dos municipios de Cundinamarca, Colombia. *Biomédica*. 37(Supl.2):41-49. Disponible en: <https://www.redalyc.org/journal/843/84356911005/html/> [Último acceso 10.08.2024]
- Carcavallo, R U, Casas, S, Sherlock, I, Girón, I, Jurberg, J, Galvão, C, Segura, C, Noireau, F. (1999). Geographical distribution and alti-latitudinal dispersion. In: Carcavallo R U et al. (Org.). Atlas of Chagas' disease Vectors in the Americas. Vol. 3, Rio de Janeiro, FIOCRUZ. 1999: 747-792. Disponible en: <https://doi.org/10.1590/s0074-02761998000100007> [Último acceso 10.08.2024]
- Carlier Y, Torrico F, Sosa-Estani S, Russomando G, Luquetti A, Freilij H, Albajar Vinas P. (2011). Congenital Chagas disease: recommendations for diagnosis, treatment and control of newborns, siblings and pregnant women. *PLoS Negl Trop Dis*. 5(10):e1250. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0001250>
- Carlier Y, Sosa-Estani, S, Luquetti, A O, Buekens, P. (2015). Congenital Chagas disease: an update. *Mem Inst Oswaldo Cruz, Rio de Janeiro*. 110(3): 363-368. <https://doi.org/10.1590/0074-02760140405>
- Castillo D y Wolff M. (2000). Aspectos del comportamiento de los triatomos (Hemiptera: Reduviidae), vectores de la enfermedad de Chagas. *Biomédica*. 20: 59 – 64. Disponible en: <https://www.redalyc.org/pdf/843/84320110.pdf> [Último acceso 10.08.2024]
- Caranha L, Gurgel – Gonçalves R, Ramalho R, Galvão C. (2011). New records and geographic distribution map of *Triatoma petrocchiae* Pinto and Barreto, 1925 (Hemiptera: Reduviidae: Triatominae). *Check List* 7 (4): 508 – 509. <https://doi.org/10.15560/7.4.508>
- Carranza J C, Valadares H M, D'Avila D A, Baptista R P, Moreno M, Galvão L M, Chiari E, Sturm N R, Gontijo E D, Macedo A M, Zingales B. (2009). *Trypanosoma cruzi* maxicircle heterogeneity in Chagas disease patients from Brazil. *Int J Parasitol*. 39(9):963-73. <https://doi.org/10.1016/j.ijpara.2009.01.009>
- Center for Food Security and Public Health (CFSPH). (2009). Enfermedad de Chagas. Disponible en: https://www.cfsph.iastate.edu/Factsheets/es/trypanosomiasis_american-es.pdf [Último acceso 10.08.2024]
- Chico-Avelino, M. (2019). Efecto de variables socio-ambientales en la distribución y riesgo potencial de *Triatoma* (Hemiptera: Reduviidae) en el Estado de Guanajuato, México. *Revista Médica de la Universidad Veracruzana*. 2019: Vol.19, no. 1. Disponible en: https://www.uv.mx/rm/num_anteriores/revmedica_vol19_num1/articulos/efecto.pdf [Último acceso 10.08.2024]
- Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONIET). (2015). Hablamos de Chagas: aportes para re-pensar la problemática con una mirada integral. Buenos Aires, Argentina. CONICET. ISBN: 978-950-692-121-7. Disponible en: <https://libros.unlp.edu.ar/index.php/unlp/catalog/book/1758> [Último acceso 10.08.2024]
- CONABIO, (2014). 'Población en condición de pobreza extrema por municipio, 2010', escala: 1:250000. Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad. Disponible en: http://www.conabio.gob.mx/informacion/gis/?vns=gis_root/pobla/indsol/pexmun10gw [Último acceso 10.08.2024]

- Coura J R. (2015). The main sceneries of Chagas disease transmission. The vectors, blood and oral transmissions--a comprehensive review. *Mem Inst Oswaldo Cruz* 2015; 110:277-82. <https://doi.org/10.1590/0074-0276140362>
- Crocco L, Catalá S y Martínez M. (2002). Enfermedad de Chagas: Módulo de actualización. Córdoba, Argentina. Universitas. Editorial Científica Universitaria. ISBN 987-9406-34-6. Disponible en: https://ele.chaco.gob.ar/pluginfile.php/237891/mod_folder/content/0/Enfermedad-de-chagas-moduloactualizacion.pdf?forcedownload=1 [Último acceso 10.08.2024]
- Cruz-Reyes, A y Pickering-López, J M. (2006). Chagas disease in Mexico: an analysis of geographical distribution during the past 76 years - A review. *Memórias do Instituto Oswaldo Cruz*. 101 (4), 345-354. <https://doi.org/10.1590/S0074-02762006000400001>
- Cuervo-Robayo A P, Ureta C, Gómez-Albores M A, Meneses-Mosquera A K, Téllez-Valdés O, Martínez-Meyer E. (2020). One hundred years of climate change in Mexico. *PLoS ONE* 15(7): e0209808. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0209808>
- Curtis-Robles R, Auckland L, Snowden K, Hamer G, Hamer S. (2018). Analysis of over 1500 triatomine vectors from across the US, predominantly Texas, for *Trypanosoma cruzi* infection and discrete typing units. *Infection, Genetics and Evolution*. 58: 171–180. <https://doi.org/10.1016/j.meegid.2017.12.016>
- De Fuentes-Vicente, J A, Cabrera-Bravo, M, Enríquez-Vara, J N, Bucio-Torres, M I, Gutiérrez-Cabrera, A E, Vidal-López, D G, Martínez-Ibarra, J A, Salazar- Schettino, P M, Córdoba-Aguilar, A. (2017). Relationships between altitude, triatomine (*Triatoma dimidiata*) immune response and virulence of *Trypanosoma cruzi*, the causal agent of Chagas' disease. *Med. Vet. Entomol*. 31 (1), 63–71. <https://doi.org/10.1111/mve.12198>
- de Freitas J M, Augusto-Pinto L, Pimenta J R, Bastos-Rodrigues L, Gonçalves V F, Teixeira S M, Chiari E, Junqueira A C, Fernandes O, Macedo A M, Machado C R, Pena S D. (2006). Ancestral genomes, sex, and the population structure of *Trypanosoma cruzi*. *PLoS Pathog*. 2(3):e24. <https://doi.org/10.1371/journal.ppat.0020024>
- Delmelle, E, Hagenlocher, M, Kienberger, S, Casas, I. (2016). A spatial model of socioeconomic and environmental determinants of dengue fever in Cali, Colombia. *Acta Tropica*. 164: 169-176. <https://doi.org/10.1016/j.actatropica.2016.08.028>
- De Souza, W. (2002). Basic cell biology of *Trypanosoma cruzi*. *Curr Pharm Des*. 8(4): 269-285. <https://doi.org/10.2174/1381612023396276>
- Díaz S, Villavicencio B, Correia N, Costa J, Haag K L. (2016). Triatomine bugs, their microbiota and *Trypanosoma cruzi*: asymmetric responses of bacteria to an infected blood meal. *Parasit Vectors*. 9(1):636. <https://doi.org/10.1186/s13071-016-1926-2>
- Diniz-Filho, J A, Ceccarelli, S, Hasperué, W, Rabinovich, J. (2013). Geographical patterns of Triatominae (Heteroptera: Reduviidae) richness and distribution in the Western Hemisphere. *Insect Conserv Divers*. 6: 704-714. <https://doi.org/10.1111/icad.12025>
- Dorn, P L, Monroy, C, Curtis, A. (2007). *Triatoma dimidiata* (Latreille, 1811): a review of its diversity across its geographic range and the relationship among populations. *Infect. Genet. Evol*. 7 (2), 343–352. <https://doi.org/10.1016/j.meegid.2006.10.001>
- Dumonteil, E, Gourbiere, S, Barrera-Pérez, M, Rodríguez-Félix, E, Ruiz-Piña, H, Baños-Lopez, O, Ramirez-Sierra, M J, Menu, F, Rabinovich, J E. (2002). Geographic distribution of *Triatoma dimidiata* and transmission dynamics of *Trypanosoma cruzi* in the Yucatan peninsula of Mexico. *Am. J. Trop. Med. Hyg*. 67 (2), 176–183. <https://doi.org/10.4269/ajtmh.2002.67.176>

- Dumonteil E y Gourbiere S. (2004). Predicting *Triatoma dimidiata* abundance and infection rate: a risk map for natural transmission of Chagas' disease in the Yucatan peninsula of Mexico. *Am J of Trop Med and Hygien.* 70: 514-519. Disponible en: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/15155983/> [Último acceso 10.08.2024]
- Dumonteil, E, Ramirez-Sierra, M J, Pérez-Carrillo, S, Teh-Poot, C, Herrera, C, Gourbière, S, Waleckx, E. (2018). Detailed ecological associations of triatomines revealed by metabarcoding and next-generation sequencing: implications for triatomine behavior and *Trypanosoma cruzi* transmission cycles. *Scientific reports*, 8(1), 4140. <https://doi.org/10.1038/s41598-018-22455-x>
- Dvorak J A, Hall T E, Crane M S, Engel J C, McDaniel J P, Uriegas R. (1982). *Trypanosoma cruzi*: flow cytometric analysis. I. Analysis of total DNA/organism by means of mithramycin-induced fluorescence. *J. Protozool.* 29(3):430-7. <https://doi.org/10.1111/j.1550-7408.1982.tb05427.x>
- Eastman, J, R. (2012). IDRISI selva® Guía para SIG y Procesamiento de Imágenes®. Disponible en: <https://clarklabs.org/wp-content/uploads/2016/10/IDRISI-Selva-Spanish-Manual.pdf> [Último acceso 10.08.2024]
- Eberhard F E, Cunze S, Kochmann J, Klimpel S. (2020). Modelling the climatic suitability of Chagas disease vectors on a global scale. *eLife* 9: e52072. <https://doi.org/10.7554/eLife.52072>
- El Universal Hidalgo. 2024. Disponible en: <https://www.eluniversalhidalgo.com.mx/estado/hidalgo-por-debajo-de-la-media-nacional-en-donacion-de-sangre-altruista-solo-el-3-opta-por-donar/> [Último acceso 10.08.2024]
- ESRI, 2019. Disponible en: <https://resources.arcgis.com/es/help/getting-started/articles/026n000000t000000.htm> [Último acceso 10.08.2024]
- Fernandes O, Souto R P, Castro J A, Pereira J B, Fernandes N C, Junqueira A C, Naiff R D, Barrett T V, Degraive W, Zingales B, Campbell D A, Coura J R. (1998). Brazilian isolates of *Trypanosoma cruzi* from humans and triatomines classified into two lineages using mini-exon and ribosomal RNA sequences. *Am J Trop Med Hyg.* 58(6):807-11. <https://doi.org/10.4269/ajtmh.1998.58.807>
- Ferreira C S, Martinho P C, Amato Neto V, Cruz R R. (2001). Pasteurization of human milk to prevent transmission of Chagas disease. *Rev Inst Med Trop Sao Paulo.* 43(3):161-2. <https://doi.org/10.1590/s0036-46652001000300008>
- Fiesterra. (2010). Medidas de concordancia: el índice Kappa. Disponible en: <https://www.fiesterra.com/formacion/metodologia-investigacion/medidas-concordancia-indice-kappa/#sec0> [Último acceso 10.08.2024]
- Florencio-Martínez L, Márquez-Dueñas C, Ballesteros-Rodea G, Martínez-Calvillo S, Manning-Cela R. (2010). Cellular analysis of host cell infection by different developmental stages of *Trypanosoma cruzi*. *Exp Parasitol.* 126(3):332-6. <https://doi.org/10.1016/j.exppara.2010.04.015>
- Flores-López C A, Moo-Llanes D A, Romero-Figueroa G, Guevara-Carrizales A, López-Ordoñez T, Casas-Martínez M, Samy A M. (2022). Potential distributions of the parasite *Trypanosoma cruzi* and its vector *Dipetalogaster maxima* highlight areas at risk of Chagas disease transmission in Baja California Sur, Mexico, under climate change. *Med Vet Entomol.* 36(4):469-479. <https://doi.org/10.1111/mve.12591>
- Fotheringham, A, Brunsdon, C y Charlton, M. (2002). Geographically Weighted Regression: The Analysis of Spatially Varying Relationships. Ed. Wiley. ISBN: 978-0-471-49616-8 p. 288.

- Galaviz-Silva, L, Mercado-Hernández, R, Zárate-Ramos, J J, Molina-Garza, Z J. (2017). Prevalence of *Trypanosoma cruzi* infection in dogs and small mammals in Nuevo León, Mexico. *Revista Argentina de Microbiología*. 49 (3): 216- 223. <http://doi.org/10.1016/j.ram.2016.11.006>
- GBIF. 2023. GBIF.org (20 Feb 2023) GBIF Occurrence Download. Descarga: <https://doi.org/10.15468/dl.bkk8hg>
- GBIF. 2024 A. GBIF.org (25 June 2024) GBIF Occurrence Download. Descarga: <https://doi.org/10.15468/dl.9hpegh>
- GBIF. 2024 B. GBIF.org (25 June 2024) GBIF Occurrence Download. Descarga: <https://doi.org/10.15468/dl.j6uyvd>
- GBIF. 2024 C. GBIF.org (25 June 2024) GBIF Occurrence Download. Descarga: <https://doi.org/10.15468/dl.ybq2mp>
- Garzón E A, Barnabé C, Córdova X, Bowen C, Paredes W, Gómez E, Ouaiissi A, Tibayrenc M, Guevara AG. (2002). *Trypanosoma cruzi* isoenzyme variability in Ecuador: first observation of zymodeme III genotypes in chronic chagasic patients. *Trans R Soc Trop Med Hyg*. 96(4):378-82. [https://doi.org/10.1016/s0035-9203\(02\)90367-6](https://doi.org/10.1016/s0035-9203(02)90367-6)
- Gómez, J V, Muñoz J S y Ortiz E R. (2006). Prevalencia de seropositividad a *T. cruzi* en Hidalgo: algunas características de las viviendas y la convivencia con animales domésticos. *Rev Fac Med UNAM*. 2006; 49(5): 4. Disponible en: <https://www.medigraphic.com/cgi-bin/new/resumen.cgi?IDARTICULO=9171> [Último acceso 10.08.2024]
- Gomes, C, Almeida, A B, Rosa, A C, Araujo, P F, Teixeira, A R. (2019). American trypanosomiasis and Chagas disease: Sexual transmission. *International Journal of Infectious Diseases*. 81: 81–84. <https://doi.org/10.1016/j.ijid.2019.01.021>
- González-Guzmán, S, Paredes-Cervantes, V, Tshima Edward, B, Crescencio-Trujillo, J A, Guerra-Marquez, A, Rivas, N, Alejandre-Aguilar, R, Bermúdez-Torres, E, González-Cano, P. (2019). Seroprevalence and geographical distribution of sero-positive blood donors to *Trypanosoma cruzi* at the central blood bank of the National Medical Center “La Raza”. *Transfusion*. 59; 639–647. <https://doi.org/10.1111/trf.15074>
- Guhl, F. (2007). Epidemiología de la enfermedad de Chagas en Latinoamérica y Colombia. En Rosas, F, Vanegas D, Cabrales, M. (Eds), *Enfermedad de Chagas* (pp. 7 - 14). Colombia: Obra independiente: ISBN 978-958-97065-9-6. Disponible en: http://www.scielo.org.co/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0120-56332011000500001 [Último acceso 10.08.2024]
- Guhl, F. (2009). Enfermedad de Chagas: Realidad y perspectivas. *Rev Biomed*. 20:228-234. Disponible en: <https://www.revistabiomedica.mx/index.php/revbiomed/article/view/139> [Último acceso 10.08.2024]
- Guhl, F. (2013). Epidemiología molecular de *Trypanosoma cruzi*. *Revista Española de Salud Pública*. 1-8. ISSN: 1135-5727. Disponible en: <https://www.redalyc.org/pdf/170/17027695001.pdf> [Último acceso 10.08.2024]
- Guhl, F y Ramírez J D. (2013). Retrospective molecular integrated epidemiology of Chagas disease in Colombia. *Infect Genet Evol*. 20:148-54. <https://doi.org/10.1016/j.meegid.2013.08.028>
- Guisan, A y Zimmermann, N E. (2000). Predictive habitat distribution models in ecology. *Ecological Modelling*. 135: 147-186. [https://doi.org/10.1016/S0304-3800\(00\)00354-9](https://doi.org/10.1016/S0304-3800(00)00354-9)
- Gurgel-Gonçalves, R, Ferreira, J B, Rosa, A F, Bar, M E, Galvão, C. (2011). Geometric morphometrics and ecological niche modelling for delimitation of near-sibling triatomine species. *Med Vet Entomol* 25(1):84-93. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2915.2010.00920.x>

- Gutiérrez, R M. (2009). Geosalud, desarrollo y aplicación de Sistemas de Información Geográfica en Salud Pública. *Este País*. 2009. 220: 44 – 47. Disponible en: <https://biblat.unam.mx/es/revista/este-pais-mexico-d-f/articulo/geosalud-desarrollo-y-aplicacion-de-sistemas-de-informacion-geografica-en-salud-publica> [Último acceso 10.08.2024]
- Guzmán Bracho, C, García García, L, Floriani Verdugo, J, Guerrero Martínez, S, Torres Cosme, M, Ramírez Melgar, C, Velasco Castrejón O. (1998). Riesgo de transmisión de *Trypanosoma cruzi* por transfusión de sangre en México. *Rev Panam Salud Publica*. 4: 94–99. Disponible en: <https://iris.paho.org/handle/10665.2/7813> [Último acceso 10.08.2024]
- Guzmán-Bracho, C. (2001). Epidemiology of Chagas disease in Mexico: an update. *TRENDS Parasitol* 17: 372-376. [https://doi.org/10.1016/S1471-4922\(01\)01952-3](https://doi.org/10.1016/S1471-4922(01)01952-3)
- Herrera, C, Bagues, M D, Fajardo, A, Montilla, M, Triana, O, Vallejo, G A, Guhl, F. (2007). Identifying four *Trypanosoma cruzi* I isolate haplotypes from different geographic regions in Colombia. *Infect Genet Evol*. 7(4):535-9. <https://doi.org/10.1016/j.meegid.2006.12.003>
- Herrera, C, Guhl, F, Falla, A, Fajardo, A, Montilla, M, Vallejo, A G, Bagues, M D. (2009). Genetic Variability and Phylogenetic Relationships within *Trypanosoma cruzi* I Isolated in Colombia Based on Miniexon Gene Sequences. *J Parasitol Res*. 2009:897364. <https://doi.org/10.1155/2009/897364>
- Herrera, L. (2010). Una revisión sobre reservorios de *Trypanosoma (Schizotrypanum) cruzi* (Chagas, 1909), agente etiológico de la Enfermedad de Chagas. *Boletín de Malariología y Salud Ambiental*. 50(1), 3-15. Disponible en: https://www.researchgate.net/publication/262756387_A_review_of_reservoirs_of_Trypanosoma_Schizotrypanum_cruzi_Chagas_1909_the_etiologic_agent_of_Chagas_Disease [Último acceso 10.08.2024]
- Hernández, C, Cucunubá, Z, Flórez, C, Olivera, M, Valencia, C, Zambrano, P, León, C, Ramírez, J D. (2016). Molecular Diagnosis of Chagas Disease in Colombia: Parasitic Loads and Discrete Typing Units in Patients from Acute and Chronic Phases. *PLoS Negl Trop Dis*. 10(9):e0004997. Erratum in: *PLoS Negl Trop Dis*. 10 (10): e0005112. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0005112>
- Hernández, L J, Espinosa, C F, Peñaloza, T M, Rodríguez, J, Chacón, R J, Toloza, S C, Arenas, T M, Carrillo, S S y Bermúdez, P V. (2018). Sobre el uso adecuado del coeficiente de correlación de Pearson: definición, propiedades y suposiciones. *Archivos Venezolanos de Farmacología y Terapéutica*, 37(5). Disponible en: https://www.revistaavft.com/images/revistas/2018/avft_5_2018/25sobre_uso_adecuado_coeficiente.pdf [Último acceso 10.08.2024]
- Hernández-Becerril N, Mejía A M, Ballinas-Verdugo M A, Garza-Murillo V, Manilla-Toquero E, López R, Trevethan S, Cardenas M, Reyes P A, Hirayama K, Monteón V M. (2005). Blood transfusion and iatrogenic risks in Mexico City. Anti-*Trypanosoma cruzi* seroprevalence in 43,048 blood donors, evaluation of parasitemia, and electrocardiogram findings in seropositive. *Mem Inst Oswaldo Cruz*. 100(2):111-6. <https://doi.org/10.1590/s0074-02762005000200002>
- Howard E J, Xiong X, Carlier Y, Sosa-Estani S, Buekens P. (2014). Frequency of the congenital transmission of *Trypanosoma cruzi*: a systematic review and meta-analysis. *BJOG*. 121(1):22-33. <https://doi.org/10.1111/1471-0528.12396>

- Huerta, J H. (2015). Actualización de la Colección de Artrópodos con importancia médica (CAIM), Laboratorio de Entomología, InDRE. In *Proyecto HA006 - INDRE y CONABIO*. Disponible en: <https://www.snib.mx/iptconabio/resource?r=SNIB-HA006> [Último acceso 06.01.2024]
- Hurtado, L A, Calzada, J E, Pineda, V, González, K, Santamaría, A M, Cáceres, L. (2014). Conocimientos y factores de riesgo relacionados con la enfermedad de Chagas en dos comunidades panameñas donde *Rhodnius pallescens* es el vector principal. *Biomédica*. 34(2):260-70. Disponible en: <https://revistabiomedica.org/index.php/biomedica/article/view/2133> [Último acceso 10.08.2024]
- Imai, K, Maeda, T, Sayama, Y, Osa, M, Mikita, K, Kurane, I. (2015). Chronic Chagas disease with advanced cardiac complications in Japan: case report and literature review. *Parasitol Int*. 64:240–2. <https://doi.org/10.1016/j.parint.2015.02.005>
- INAFED, 2021. Enciclopedia de los municipios y delegaciones de México – Hidalgo, regionalización. Disponible en: <https://sig.culturahidalgo.gob.mx/RGEH/> [Último acceso 10.08.2024]
- INEGI. 2001. Conjunto de datos vectoriales Fisiográficos. Continuo Nacional serie I. Provincias fisiográficas. Escala 1: 100 000 000. Disponible en: <https://www.inegi.org.mx/app/biblioteca/ficha.html?upc=702825267575> [Último acceso 10.08.2024]
- INEGI. 2008. Conjunto de datos vectoriales escala 1:1 000 000. Unidades climáticas. Escala 1: 100 000 000. Disponible en: <https://www.inegi.org.mx/app/biblioteca/ficha.html?upc=702825267568> [Último acceso 10.08.2024]
- INEGI. 2010. Localidades de la República Mexicana, 2010. Escala: 1:1. Obtenido de Principales resultados por localidad (ITER). Censo de Población y Vivienda 2010. Editado por Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad (CONABIO). Disponible en: http://www.conabio.gob.mx/informacion/gis/?vns=gis_root/pobla/asgral/loc2010gw [Último acceso 10.08.2024]
- INEGI. 2018. Áreas Geoestadísticas Municipales, 2018. Escala: 1:250000. Edición: 1. Disponible en: http://www.conabio.gob.mx/informacion/gis/?vns=gis_root/dipol/mupal/muni_2018gw [Último acceso 10.08.2024]
- INEGI, 2021a. Información por entidad. Disponible en: <https://cuentame.inegi.org.mx/monografias/informacion/hgo/territorio/clima.aspx?tema=me&e=13> [Último acceso 10.08.2024]
- INEGI, 2021b. Información por entidad. Disponible en: <https://cuentame.inegi.org.mx/monografias/informacion/yuc/territorio/clima.aspx> [Último acceso 10.08.2024]
- INEGI. 2023. Disponible en: <https://www.inegi.org.mx/investigacion/ndvi/> [Último acceso 10.08.2024]
- ISGlobal. Instituto de Salud Global Barcelona. 2023. Chagas: 5 problemas y una serie de soluciones. Disponible en: https://www.isglobal.org/enfermedad-de-chagas?gclid=EAlaIQobChMljqv8rZmj_gIVky-tBh3O0gUfEAAAYASAAEgJMf_D_BwE [Último acceso 10.08.2024]
- Jackson, Y, Pinto, A y Pett, S. (2014). Chagas disease in Australia and New Zealand: risks and needs for public health interventions. *Trop Med Int Health*. 19:212–8. <https://doi.org/10.1111/tmi.12235>

- Kieran, T J, Arnold, K M, Thomas, J C, Varian, C P, Saldaña, A, Calzada, J E, Glenn, T C, Gottdenker, N L. (2019). Regional biogeography of microbiota composition in the Chagas disease vector *Rhodnius pallescens*. *Parasit Vectors*. 12(1):504. <https://doi.org/10.1186/s13071-019-3761-8>
- La Jornada. 2024. Consultado: Disponible en: <https://www.jornada.com.mx/2024/06/15/sociedad/027n3soc#:~:text=La%20especialista%20resalt%C3%B3%20que%20de,de%2025%20a%2044%20a%C3%B1os%20> [Último acceso 20.06.2024]
- Lent, H y Wygodzinsky, P. (1979). Revision of the Triatominae (Hemiptera, Reduviidae), and their significance as vector of Chagas disease. *Bull Am Mus Nat History*, 163(3): 123-520. Disponible en: <https://digitallibrary.amnh.org/items/bd3753d6-52a5-40bb-9911-f4330439547d> [Último acceso 10.08.2024]
- Lewis, M D, Llewellyn, M S, Gaunt, M W, Yeo, M, Carrasco, H J, Miles, M A. (2009). Flow cytometric analysis and microsatellite genotyping reveal extensive DNA content variation in *Trypanosoma cruzi* populations and expose contrasts between natural and experimental hybrids. *Int. J Parasitol*. 39 (12): 1305–17. <https://doi.org/10.1016/j.ijpara.2009.04.001>
- Lewis, M D, Llewellyn, M S, Yeo, M, Acosta, N, Gaunt, M W, Miles, M A. (2011). Recent, independent and anthropogenic origins of *Trypanosoma cruzi* hybrids. *PLoS Negl Trop Dis*. 5(10): e1363. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0001363>
- Lidani, K C, Andrade, F A, Bavia, L, Damasceno, F S, Beltrame, M H, Messias-Reason, I J, Sandri T L. (2019). Chagas Disease: From Discovery to a Worldwide Health Problem. *Front. Public Health* 7:166. <https://doi.org/10.3389/fpubh.2019.00166>
- Lima, L, Espinosa-Álvarez, O, Ortiz, P A, Trejo-Varón, J A, Carranza, J C, Pinto, C M, Serrano, M G, Buck, G A, Camargo, E P, Teixeira, M M. (2015). Genetic diversity of *Trypanosoma cruzi* in bats, and multilocus phylogenetic and phylogeographical analyses supporting Tcbat as an independent DTU (discrete typing unit). *Acta Trop*. 151:166-77. <https://doi.org/10.1016/j.actatropica.2015.07.015>
- Liu, M, Clarke, L J, Baker, S C, Jordan, G J, BurrIDGE, C P. (2020). A practical guide to DNA metabarcoding for entomological ecologists. *Ecol Entomol*. 45: 373-385. <https://doi.org/10.1111/een.12831>
- Londoño, C L, Horfan, A D, Arroyave, Z J, Longas, A D. (2007). Sistemas de Información Geográfica (SIG) y Teoría de Percolación Aplicados al Estudio de Fenómenos de Propagación en Epidemiología. *Revista Avances en Sistemas e Informática*. 2007; 4 (1): 23 – 31. ISSN 16577663. Disponible en: <https://www.redalyc.org/pdf/1331/133116856005.pdf> [Último acceso 10.08.2024]
- Londoño, L A, Restrepo, C y Marulanda, E. (2014). Distribución espacial del dengue basado en herramientas del Sistema de Información Geográfica, Valle de Aburrá, Colombia. *Rev. Fac. Nac. Salud Pública*. 32(1): 7-15. <https://doi.org/10.17533/udea.rfnsp.15464>
- López-Cancino, S A, Tun-Ku, E, De la Cruz-Felix, H K, Ibarra-Cerdena, C N, Izeta-Alberdi, A, Pech-May, A, Mazariegos-Hidalgo, C J, Valdez-Tah, A, Ramsey, J M. (2015). Landscape ecology of *Trypanosoma cruzi* in the southern Yucatan Peninsula. *J. Acta Tropical*. pp. 58-72. <https://doi.org/10.1016/j.actatropica.2015.07.021>
- López-Cárdenas, J, González-Bravo, F E, Salazar-Schettino, P M, Gallaga-Solórzano, J C, Ramírez-Barba, E, Martínez-Méndez, J, Sánchez-Cordero, V, Peterson, T, Ramsey, J M. (2005). Fine-

- scale predictions of distribution of Chagas disease vectors in the state of Guanajuato, Mexico. *J. Med. Entomol.* 42: 1068-1081. <https://doi.org/10.1093/jmedent/42.6.1068>
- López-Vivas, F, Vázquez-Chagoyán, J C, Acosta-Dibarrat, J, Medina-Torres, I. Molecular Characterization of *Trypanosoma cruzi* in Infected *Meccus pallidipennis* in the Southern Region of the State of Mexico, Mexico. *Vector-Borne and Zoonotic Diseases*; 2018, 18 (12): 683-689. <https://doi.org/10.1089/vbz.2018.2287>
- Lorenzo, M G, Guarneri, A A, Pires, H R, Diotaiuti, L, Lazzari, C R. (2000). Aspectos microclimáticos del hábitat de *Triatoma brasiliensis*. *Cad. Saúde Pública, Rio de Janeiro*, 16 (Sup. 2):69-74. <https://doi.org/10.1590/S0102-311X200000800007>
- Lugo-Caballero, C, Sánchez-Cruz, D, Ballesteros-Rodea, G, Hernández-Osorio, Noris-Saravia, G, Martínez-Calvillo, S, Manning-Cela, R. (2016). Tripanosomiasis americana. En: *Parasitosis más comunes en la población mexicana* Morales Montor J., Landa A., Terrazas I y Hernández Bello R. (Eds). Casa del libro. Monterrey, México. ISBN 978-607-27-0110-6. Disponible en: [https://www.researchgate.net/publication/317542485 Tripanosomiasis americana](https://www.researchgate.net/publication/317542485_Tripanosomiasis_americana) [Último acceso 10.08.2024]
- Mann, A E, Mitchell, E A, Zhang, Y, Curtis-Robles, R, Thapa, S, Hamer, S A, Allen, M S. (2020). Comparison of the Bacterial Gut Microbiome of North American *Triatoma* spp. With and Without *Trypanosoma cruzi*. *Frontiers in Microbiology.* 11: 364. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2020.00364>
- Manning-Cela, R, Rubio-Ortiz, M, Noris-Sarabia, G, Martínez – Calvillo S. (2019). Chagas, una enfermedad olvidada: descubrimiento único en la medicina tropical y un problema actual de salud global. *Revista avance y perspectiva.* Disponible en: <https://avancey perspectiva.cinvestav.mx/chagas-una-enfermedad-olvidada-descubrimiento-unico-en-la-medicina-tropical-y-un-problema-actual-de-salud-global/>. [Último acceso 10.08.2024]
- Manoel-Caetano, F S y Silva, A E. (2007). Implications of genetic variability of *Trypanosoma cruzi* for the pathogenesis of Chagas disease. *Cad Saude Publica.* 23 (10): 2263–74. <https://doi.org/10.1590/s0102-311x2007001000002>
- Marcili, A, Lima, L, Cavazzana, M, Junqueira, A C, Veludo, H H, Maia Da Silva, F, Campaner, M, Paiva, F, Nunes, V L, Teixeira, M M. (2009). A new genotype of *Trypanosoma cruzi* associated with bats evidenced by phylogenetic analyses using SSU rDNA, cytochrome b and Histone H2B genes and genotyping based on ITS1 rDNA. *Parasitology.* 136(6):641-55. <https://doi.org/10.1017/s0031182009005861>
- Martínez-Tovar, J G, Rodríguez-Rojas, J J, Arque-Chunga, W, Ibarra-Juárez, L A, Dávila-Barboza, J A, Fernández-Salas, I, Rebollar-Téllez, E A. (2013). Nuevos registros geográficos y notas de infección de *Triatoma gerstaeckeri* (Stål) y *Triatoma rubida* (Uhler) (Hemiptera: Reduviidae: Triatominae) en Nuevo León y Coahuila, México. *Acta Zoológica Mexicana (n.s.)* 29 (1), 227–233. Disponible en: <https://azm.ojs.incol.mx/index.php/azm/article/download/398/555> [Último acceso 10.08.2024]
- Mateo, R G, Felicísimo, A M y Muñoz, J. (2011). Modelos de distribución de especies: Una revisión sintética. *Revista Chilena de Historia Natural.* 84: 217-240. Disponible en: <https://www.redalyc.org/articulo.oa?id=369944298008> [Último acceso 10.08.2024]
- Melean-Díaz, C J, De Benedictis-Serrano, G A y Rios-González, C M. (2018). Reflexiones sobre la enfermedad de Chagas: Una vista actual. *Rev. Fac. Cien. Med. UNCA.* 1(2)54-56. Disponible

- en:https://www.researchgate.net/publication/334139448_Reflexiones_sobre_la_enfermedad_de_Chagas_Una_vista_actual [Último acceso 10.08.2024]
- Méndez-Cardona, S, Ortiz, M I, Carrasquilla, M C, Fuya, P, Guhl, F, González, C. (2022). Altitudinal distribution and species richness of triatomines (Hemiptera: Reduviidae) in Colombia. *Parasites and Vectors*, 15(450). <https://doi.org/10.1186/s13071-022-05574-3>
- Messenger, L A, Ramirez, J D, Llewellyn, M S, Guhl, F, Miles, M A. (2016). Importation of Hybrid Human-Associated *Trypanosoma cruzi* Strains of Southern South American Origin, Colombia. *Emerg Infect Dis*. 22(8):1452-5. <https://doi.org/10.3201/eid2208.150786>
- Ministerio de Salud de Argentina. 2013. Curso sobre enfermedades vectoriales para agentes comunitarios en ambiente y salud. Módulo V: “Chagas”. Disponible en: https://www.argentina.gob.ar/sites/default/files/9_modulo_v_chagas_curso_de_enfermedades_vectoriales.pdf [Último acceso 06.08.2019]
- Minuzzi-Souza, T C, Nitz, N, Cuba, C A. (2018). Surveillance of vector-borne pathogens under imperfect detection: lessons from Chagas disease risk (mis) measurement. *Sci. Rep.* 8, 151. <https://doi.org/10.1038/s41598-017-18532-2>
- Monje-Rumi, M M, Brandán, C P, Ragone, P G, Tomasini, N, Lauthier, J J, Alberti D'Amato, A M, Cimino, R O, Orellana, V, Basombrío, M A, Diosque, P. (2015). *Trypanosoma cruzi* diversity in the Gran Chaco: mixed infections and differential host distribution of TcV and TcVI. *Infect Genet Evol.* 29:53-9. <https://doi.org/10.1016/j.meegid.2014.11.001>
- Monteiro, W M, Magalhães, L K, Santana, F S, Borborema, M, Silveira, H, Barbosa, M. (2010). *Trypanosoma cruzi* TcIII/Z3 genotype as agent of an outbreak of Chagas disease in the Brazilian Western Amazonia. *Trop Med Int Health.* 15(9):1049-51. <https://doi.org/10.1111/j.1365-3156.2010.02577.x>
- Monteiro, F A, Peretolchina, T, Lazoski, C, Harris, K, Dotson, E M, Abad-Franch, F. (2013). Correction: phylogeographic pattern and extensive mitochondrial DNA divergence disclose a species complex within the chagas disease vector *Triatoma dimidiata*. *PLoS One* 8 (10). <https://doi.org/10.1371/annotation/7881bf8a-21fe-40d1-9e23-3e7edee8b782>
- Morales-Evangelista, C L, Vázquez-Chagoyán, J C, Valladares-Carranza, B, Romero-Cortes, T, Cuervo-Parra, J A, Martínez-Hernández, I, Noguez-García, J C, Aparicio-Burgos, J E. (2019). Caracterización molecular de aislados de *Trypanosoma cruzi* de triatomíneos recolectados en los municipios del Estado de Hidalgo, México. *Nova Sci.* 11 (22), 171–185. Disponible en: https://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S2007-07052019000100171 [Último acceso 10.08.2024]
- Morrone, J J. (2009). Evolutionary biogeography: An integrative approach with case studies. Nueva York: Columbia University Press. 285 pp.
- Morrone, J J y Escalante, T. (2016). Introducción a la biogeografía. Universidad Nacional Autónoma de México. ISBN 978-607-02-7885-3.
- Monroy, C. 2022. Anexo 5. Interrupción de la Transmisión de Chagas en una Región Endémica de Guatemala: El Impacto a Largo Plazo de una Intervención de Ecosalud. En: Final technical report. Disponible en: <https://idl-bnc-idrc.dspacedirect.org/server/api/core/bitstreams/9bab58b5-6493-4345-babc-25ccb7dad8f1/content> [Último acceso 10.08.2024]
- Murillo-Solano, C, Ramos-Ligonio, A, López-Monteon, A, Guzmán-Gómez, D, Torres-Montero, J, Herrera, C, Dumonteil, E. (2021). Diversity of *Trypanosoma cruzi* parasites infecting *Triatoma dimidiata* in Central Veracruz, Mexico, and their One Health ecological

- interactions. *Infection, Genetics and Evolution*, 95. <https://doi.org/10.1016/j.meegid.2021.105050>
- Nagajyothi, F, Machado, F S, Burleigh, B A, Jelicks, L A, Scherer, P E, Mukherjee, S, Lisanti, M P, Weiss, L M, Garg, N J, Tanowitz, H B. (2012). Mechanisms of *Trypanosoma cruzi* persistence in Chagas Disease. *Cell Microbiol.* 14(5):634-43. <https://doi.org/10.1111/j.1462-5822.2012.01764.x>
- Nantes, E A. (2019). El método Analytic Hierarchy Process para la toma de decisiones. Repaso de la metodología y aplicaciones. *Revista De La Escuela De Perfeccionamiento En Investigación Operativa*, 27(46). Disponible en: <https://revistas.unc.edu.ar/index.php/epio/article/view/26474/28219> [Último acceso 10.08.2024]
- Naoki K, Gómez M I, López R P, Meneses R I y Vargas J. (2006). Comparación de modelos de distribución de especies para predecir la distribución potencial de vida silvestre en Bolivia. *Ecología en Bolivia.* 41(1): 65-78. Disponible en: <http://www.scielo.org.bo/pdf/reb/v41n1/v41n1a05.pdf> [Último acceso 10.08.2024]
- Narouei-Khandan, H A, Halbert, S E, Worner, S P, van Bruggen, AH. (2016). Global climate suitability of citrus huanglongbing and its vector, the Asian citrus psyllid, using two correlative species distribution modeling approaches, with emphasis on the USA. *Eur J Plant Pathol.* 144:655–670. <https://doi.org/10.1007/s10658-015-0804-7>
- Navarro, M C, De Lima, A R, Askue, J y Contreras, V T. Morphological comparison of axenic amastigogenesis of trypomastigotes and metacyclic forms of *Trypanosoma cruzi*. *Mem Inst Oswaldo Cruz.* 98(1): 83-91. <https://doi.org/10.1590/s0074-02762003000100012>
- Olaya, V. 2014. Sistemas de Información Geográfica. Disponible en: <https://volaya.github.io/libro-sig/> [Último acceso 10.08.2024]
- Oliveira-Lima, J W, Faria Filho, O F, Vieira, J B, Gadelha, F V, Oliveira, F, Alfredo, M. (2000). Alterações do peridomicílio e suas implicações para o controle do *Triatoma brasiliensis*. *Cadernos de Saúde Pública*, 16 (Supl. 2), S75-S81. <https://doi.org/10.1590/S0102-311X2000000800008>
- OMS-OPS - Organización Mundial de la Salud/Organización Panamericana de la Salud. 2006. Estimación cuantitativa de la enfermedad de Chagas en las Américas, OMS/OPS, Montevideo, 28 pp. Disponible en: <http://ops-uruguay.bvsalud.org/pdf/chagas19.pdf> [Último acceso 10.08.2024]
- OPS. 2020. Organización Panamericana de la Salud. Disponible en: https://www.paho.org/hq/index.php?option=com_content&view=article&id=5856:2011-informacion-general-enfermedad-chagas&Itemid=40370&lang=es [Último acceso 10.08.2024]
- OPS. 2020a. Organización Panamericana de la Salud. Disponible en: https://www.paho.org/hq/index.php?option=com_content&view=article&id=7716:2010-rhodnius-prolixus-centroamerica-un-peligroso-vector-enfermedad-chagas-que-deja-serlo&Itemid=40353&lang=es [Último acceso 10.08.2024]
- Osorio-Olvera, L, Lira-Noriega, A, Soberón, J, Peterson, A T, Falconi, M, Contreras-Díaz, R G, Martínez-Meyer, E, Barve, V, Barve, N. (2020). ntbox: An r package with graphical user interface for modelling and evaluating multidimensional ecological niches. *Methods in Ecology and Evolution*, 11(10), 1199–1206. <https://doi.org/10.1111/2041-210X.13452>
- Padilla, C P, Alvarado, U, Ventura, G, Luna-Caipó, D, Suárez, M, Tuñoque, J R, Ruelas-Llerena, N, Fachin, L A., Huiza, A, Gonzales, L, Carranza, J C, Vallejo, G A, Cáceres, A G. (2017). Detección

- de unidades discretas de tipificación de *Trypanosoma cruzi* en triatominos recolectados en diferentes regiones naturales de Perú. *Biomédica*, 37 (Suppl. 2), 167-179. <https://doi.org/10.7705/biomedica.v37i0.3559>
- Palma-Ordaz, S y Delgadillo-Rodríguez, J. (2014) Distribución potencial de ocho especies exóticas de carácter invasor en el estado de Baja California, México. *Botanical Sciences*. 92(4), 587-597. Disponible en: https://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S2007-42982014000400010 [Último acceso 10.08.2024]
- Palmezano, J M, Plazas, L K, Rivera, K E, Rueda, V P. (2015). Enfermedad de Chagas: realidad de una patología frecuente en Santander, Colombia. *MÉD.UIS*. 28(1):81-90. Disponible en: <https://revistas.uis.edu.co/index.php/revistamedicasuis/article/view/4908> [Último acceso 10.08.2024]
- Parra-Henao, G. (2010). Sistemas de información geográfica y sensores remotos. Aplicaciones en enfermedades transmitidas por vectores. *CES MEDICINA*. 24(2): 75 – 89. Disponible en: <https://www.redalyc.org/pdf/2611/261119512006.pdf> [Último acceso 03.01.2024]
- Parra-Henao, G, Suárez-Escudero, L C, González-Caro, S. (2016). Potential Distribution of Chagas Disease Vectors (Hemiptera, Reduviidae, Triatominae) in Colombia, Based on Ecological Niche Modeling. *J Trop Med*. 2016:1439090. <https://doi.org/10.1155/2016/1439090>
- Patterson, J and Guhl, F. (2010). Geographical Distribution of Chagas Disease. En: American Trypanosomiasis Chagas Disease. *Elsevier Inc*. pp. 83 – 114. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-384876-5.00005-8>
- Pereira, K S, Schmidt, F L, Guaraldo, A M, Franco, R M, Dias, V L, Passos, L A. (2009). Chagas disease a foodborne illness. *J Food Prot*. 72(2): 441-6. <https://doi.org/10.4315/0362-028x-72.2.441>
- Pérez, E V, Morales, E C, Vázquez, C J, Valladares, C B, Romero, C T, Cuervo, P J, Martínez, H I, Noguez, G J y Aparicio, B J. (2019). Caracterización molecular de aislados de *Trypanosoma cruzi* de triatominos recolectados en los municipios del Estado de Hidalgo, México. *Nova Scientia*. 11(22), 171-185. ISSN 2007 – 0705. Disponible en: https://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S2007-07052019000100171 [Último acceso 10.08.2024]
- Pérez-Molina, J,A y Molina, I. (2018). Chagas disease. *Lancet*. 2018; 391: 82–94. [https://doi.org/10.1016/s0140-6736\(17\)31612-4](https://doi.org/10.1016/s0140-6736(17)31612-4)
- Peterson, A T. (2003). Predicting the geography of species' invasions via ecological niche modeling. *Q Rev Biol*. 78(4):419-33. <https://doi.org/10.1086/378926>
- Peterson, T A, Papeş, M y Soberón, J. (2008). Rethinking receiver operating characteristic analysis applications in ecological niche modeling, *Ecological Modelling*. 213: 63-72. ISSN 0304-3800. <https://doi.org/10.1016/j.ecolmodel.2007.11.008>
- Phillips, S J, Anderson, R P y Schapire, R E. (2006). Maximum entropy modeling of species geographic distributions. *Ecological Modelling*. 190: 231–259. <https://doi.org/10.1016/j.ecolmodel.2005.03.026>
- Phillips, S J. y Dudík, M. (2008). Modeling of species distributions with Maxent: new extensions and a comprehensive evaluation. *Ecography*. 31: 161-175. <https://doi.org/10.1111/j.0906-7590.2008.5203.x>
- Pichardo-Zaragoza, E L, Corichi-García, N, Castañeda Ascencio, G, Peña – Nopal, O, Vargas-Reyes, J V. 2008. México multicultural. Apuntes digitales. Universidad Autónoma del Estado de Hidalgo. Centro de Innovación para el Desarrollo y la Capacitación en Materiales Educativos.

- Disponible en: <http://cidecame.uaeh.edu.mx/lcc/mapa/PROYECTO/libro11/index.html> [Último acceso 10.08.2024]
- Polonio R, López-Domínguez J, Herrera C, Dumonteil E. (2021). Molecular ecology of *Triatoma dimidiata* in southern Belize reveals risk for human infection and the local differentiation of *Trypanosoma cruzi* parasites. *Int J Infect Dis.* 108 (2021) 320 – 329 DOI: <https://doi.org/10.1016/j.ijid.2021.05.083>
- QGIS.2023. Disponible en: https://docs.qgis.org/3.28/es/docs/gentle_gis_introduction/spatial_analysis_interpolation.html [Último acceso 10.08.2024]
- Ramírez-López, L X, Monroy-Díaz, A L, Rodríguez-Niño, S P, Bonilla-Arévalo, D G, Suescún-Carrero, S H. (2022). Conocimientos, actitudes y prácticas sobre la enfermedad de Chagas en una zona endémica de Boyacá, Colombia. *Salud UIS*, 55. <https://doi.org/10.18273/saluduis.55.e:23021>
- Ramsey, J M, Gutiérrez-Cabrera, A E, Salgado-Ramírez, L, Peterson, A T, Sánchez-Cordero, V, Ibarra-Cerdeña, C N. (2012). Ecological connectivity of *Trypanosoma cruzi* reservoirs and *Triatoma pallidipennis* hosts in an anthropogenic landscape with endemic Chagas disease. *PLoS one.* 7(9), e46013. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0046013>
- Ramsey, J. M., Peterson, A. T., Carmona-Castro, O., Moo-Llanes, D. A., Nakazawa, Y., Butrick, M., Tun-Ku, E., de la Cruz-Félix, K. & Ibarra-Cerdeña, C. N. (2015). Atlas of Mexican Triatominae (Reduviidae: Hemiptera) and vector transmission of Chagas disease. *Memórias do Instituto Oswaldo Cruz.* 110(3), 339-352. <https://doi.org/10.1590/0074-02760140404>
- Rassi, A Jr, Rassi, A y Marin-Neto, J A. (2010). Chagas disease. *Lancet.* 375(9723):1388-402. [https://doi.org/10.1016/s0140-6736\(10\)60061-x](https://doi.org/10.1016/s0140-6736(10)60061-x)
- Reboreda-Hernández, O A, Ortiz-Butron, R, Hernández-Peña, S, Campos, J L, Romero, J C, Reyes-Maldonado, E, González-Rodríguez, N. Seroprevalencia de *Trypanosoma cruzi* en la zona oriente de la Ciudad de México. *Hematol Méx* 2021; 22 (3): 127-134. Disponible en: <https://www.medigraphic.com/cgi-bin/new/resumen.cgi?IDARTICULO=103108> [Último acceso 10.08.2024]
- Reinel, L, Galvao, C, Pinto, N y Granados, H. (2005). Primer registro de *Triatoma nigromaculata* (Stål, 1859) (Hemiptera, Reduviidae, Triatominae) para Colombia. *Biomedica* 25, 417–421. <https://doi.org/10.7705/biomedica.v25i3.1366>
- Reyes-Novelo, E, Ruiz-Piña, H, Escobedo-Ortegón, J, Barrera-Pérez, M, Manrique-Saide, P, Rodríguez-Vivas, R I. (2013). *Triatoma dimidiata* (Latreille) Abundance and Infection with *Trypanosoma cruzi* in a Rural Community of Yucatan, Mexico. *Neotropical Entomology*, 42(3), 317–324. <https://doi.org/10.1007/s13744-013-0120-x>
- Rivas, N, González-Guzmán, S, Alejandre-Aguilar, R. (2018). Primer registro de *Triatoma barberi* Usinger, 1939 (Hemiptera: Reduviidae) en el norte del Estado de México, México. *J. Vector Ecol.* 43 (2), 337–339. <https://doi.org/10.1111/jvec.12319>
- Rivas, N, Cuatrecotz-Jiménez, V, Nogués-García, J, Alejandre-Aguilar, R. (2022). *Triatoma protracta woodi* Usinger, 1939 (Hemiptera: Reduviidae): new report on the state of Hidalgo, México. *J Vector Ecol.* 47(1):130-132. <https://doi.org/10.52707/1081-1710-47.1.130>
- Rivas, N, Antonio-Campos, A, Noguez-García, J, Alejandre-Aguilar, R. (2023). First record of *Triatoma longipennis*, Usinger, 1939 (Hemiptera: Reduviidae: Triatominae) in Tecozautla, Hidalgo. *Rev Soc Bras Med Trop.* <https://doi.org/10.1590/0037-8682-0078-2023>

- Rodríguez-Bataz, E, Noguera-Torres, B, Rosario-Cruz, R, Martínez Ibarra, J A, Rosas, J L. (2011). Triatominos (Hemiptera: Reduviidae) vectores de *Trypanosoma cruzi* Chagas 1909, en el estado de Guerrero, México. *Biomédica*. Vol. 22 (1). Disponible en: <https://www.revistabiomedica.mx/index.php/revbiomed/article/view/105/117> [Último acceso 10.08.2024]
- Rojo-Medina, J, Ruíz – Matus, C, Salazar-Schettino, P M., González-Roldán, J F. (2018). Enfermedad de Chagas en México. *Gac Med Mex*. 154:605-612. <https://doi.org/10.24875/gmm.18004515>
- Salazar-Schettino, P M, Rosales-Piña, J S, Rojas-Wastavino, G, Cabrera-Bravo, M, Vences-Blanco, M, López-Cárdenas, J. (2007). *Triatoma mexicana* (Hemiptera: Reduviidae) in Guanajuato, Mexico: house infestation and seasonal variation. *Memórias do Instituto Oswaldo Cruz*. 102(7), 803-807. <https://doi.org/10.1590/S0074-02762007005000118>
- Salazar-Schettino, P M, Rojas-Wastavino, G E, Cabrera-Bravo, M, Bucio-Torres M I, Martínez-Ibarra, J A, Monroy-Escobar, M C, Rodas-Retana, A, Guevara-Gómez, Y, Vences-Blanco, M O, Ruiz-Hernández, A L, Torres-Gutiérrez, E. (2010). Revisión de 13 especies de la familia Triatominae (Hemiptera: Reduviidae) vectores de la enfermedad de Chagas, en México. *J Selva Andina Res Soc*. 1(1):57-80. Disponible en: <http://www.scielo.org.bo/pdf/jsars/v1n1/a07.pdf> [Último acceso 10.08.2024]
- Salazar-Schettino, P M, Cabrera-Bravo, M, Vazquez-Antona, C, Zenteno, E, De Alba- Alvarado, M, Torres, E, Guevara, Y, Perera- Salazar, M G, García de la Torre, G, Bucio – Torres, M I. (2016). Chagas disease in Mexico: report of 14 cases of chagasic cardiomyopathy in children. *Tohoku J. Exp. Med*. 240 (3), 243–249. <https://doi.org/10.1620/tjem.240.243>
- Sanmartino, M y Crocco, L. (2000). Conocimientos sobre la enfermedad de Chagas y factores de riesgo en comunidades epidemiológicamente diferentes de Argentina. *Rev Panam Salud Publica*;7(3). Disponible en: <https://www.scielosp.org/pdf/rpsp/v7n3/1409.pdf> [[Último acceso 10.08.2024]
- Santana, G., y Aguilar, A. G. (2020). Sitios candidatos para nuevos servicios médicos en base a técnicas de evaluación multicriterio, en la Zona Metropolitana de Toluca. *GeoFocus. Revista Internacional de Ciencia y Tecnología de la Información Geográfica* (26), 139–162. <https://doi.org/10.21138/GF.602>
- Schmunis, G A. (2007). Epidemiology of Chagas disease in nonendemic countries: the role of international migration. *Mem Inst Oswaldo Cruz*. 102(Suppl 1):75-85. <https://doi.org/10.1590/s0074-02762007005000093>
- Schmunis, G A y Yadon, Z E. (2010). Chagas disease: A Latin American health problem becoming a world health problema. *Acta Tropica*. 115 (2010) 14-21. <https://doi.org/10.1016/j.actatropica.2009.11.003>
- Schofield, C. (1994). Triatominae: biología y control. En: Castillo D y Wolff M. 2000. Aspectos del comportamiento de los triatominos (Hemiptera: Reduviidae), vectores de la enfermedad de Chagas. *Biomédica* 2000; 20: 59 – 64. Disponible en: <https://www.redalyc.org/pdf/843/84320110.pdf> [Último acceso 10.08.2024]
- Strasen, J, Williams, T, Ertl, G, Zoller, T, Stich, A, Ritter, O. (2013). Epidemiology of chagas disease in Europe: many calculations, little knowledge. *Clin Res Cardiol*. 103:1–10. <https://doi.org/10.1007/s00392-013-0613-y>
- Secretaría de Gobernación (SEGOB). 2015. Norma Oficial Mexicana NOM-032-SSA2-2014. para la vigilancia epidemiológica, promoción, prevención y control de las enfermedades

- transmitidas por vectores. Diario Oficial de la Federación. Disponible en: https://www.dof.gob.mx/nota_detalle.php?codigo=5389045&fecha=16/04/2015#gsc.tab=0 [Último acceso 10.08.2024]
- Secretaría de Salud. 2015. Programa de Acción Específico: Prevención y control de la enfermedad de Chagas 2013 – 2018. Programa Sectorial de Salud 2015 Dic 11. Disponible en: <https://www.gob.mx/salud/documentos/programa-de-accion-especifico-prevencion-y-control-de-la-enfermedad-de-chagas-2013-2018> [Último acceso 10.08.2024]
- Sistema Meteorológico Nacional (SMN). 2010. Parámetros climáticos promedio anuales de las normales climatológicas de Hidalgo. Periodo 1971 - 2010. Disponible en: <https://smn.conagua.gob.mx/es/informacion-climatologica-por-estado?estado=hgo> [Último acceso 10.08.2024]
- Soberón, J y Peterson, T A. (2005). Interpretation of models of fundamental ecological niches and species' distributional areas. *Biodiversity Informatics*. (2): 1-10. <https://doi.org/10.17161/bi.v2i0.4>
- Soriano-Arandes, A, Angheben, A, Serre-Delcor, N, Treviño-Maruri, B, Gómez, I, Prat, J, Jackson, Y. (2016). Control and management of congenital Chagas disease in Europe and other non-endemic countries: Current policies and practices. *Trop Med Int Heal*. 2016;21: 590–596. <https://doi.org/10.1111/tmi.12687>
- Tibayrenc, M. (1998). Genetic epidemiology of parasitic protozoa and other infectious agents: the need for an integrated approach. *Int J Parasitol*. 28(1):85-104. [https://doi.org/10.1016/s0020-7519\(97\)00180-x](https://doi.org/10.1016/s0020-7519(97)00180-x)
- Tomasini, N y Diosque, P. (2015). Evolution of *Trypanosoma cruzi*: clarifying hybridisations, mitochondrial introgressions and phylogenetic relationships between major lineages. *Mem Inst Oswaldo Cruz*. 110(3):403-13. <https://doi.org/10.1590/0074-02760140401>
- Torres, M E, Rojas, H L, Alatorre, L C, Bravo, L C, Iván, M, González, M O, Wiebe, L C, Granados, A. (2020). Biogeographical Factors Determining *Triatoma Recurva* Distribution In Chihuahua, México, 2014. *Biomedica*. 40(3), 516–527. <https://doi.org/10.7705/biomedica.5076>
- Toso, M A, Vial, U F y Galanti, N. (2011). Transmisión de la enfermedad de Chagas por vía oral. *Rev Med Chile* 2011; 139 (2): 258-266. <http://dx.doi.org/10.4067/S0034-98872011000200017>
- Triplehorn, C A y Johnson, N F. (2005). Borror and DeLong's Introduction to the study of insects. Seventh Edition. Brooks / Cole. Belmont, CA. USA. ISBN: 0-03-096835-6. pp 864.
- Truyens, C, Dumonteil, E, Alger, J, Cafferata, M L, Ciganda, A, Gibbons, L, Herrera, C, Sosa-Estani, S, Buekens, P. (2021). Geographic variations in test reactivity for the serological diagnosis of *Trypanosoma cruzi* infection. *J Clin Microbiol*. 59:e01062-21. <https://doi.org/10.1128/jcm.01062-21>
- Tyler, K M y Engman, D M. (2001). The life cycle of *Trypanosoma cruzi* revisited. *Int J Parasitol*. 31(5-6): 472-481. [https://doi.org/10.1016/s0020-7519\(01\)00153-9](https://doi.org/10.1016/s0020-7519(01)00153-9)
- Valdez-Tah, A R, Huicochea-Gómez, L, Nazar-Beutelspacher, A, Ortega-Canto, J, Ramsey, J M. (2015). La vulnerabilidad humana a la transmisión vectorial de *Trypanosoma cruzi* a través de los procesos de salud-enfermedad y la apropiación social del territorio. *Salud Colectiva*, 11(2),191-210.ISSN: 1669-2381. Disponible en: <https://www.redalyc.org/articulo.oa?id=73140041004> [Último acceso 10.08.2024]
- Velasco-Castrejón, O, Valdespino, J L, Tapia - Conyer, R, Salvatierra, B, Guzmán-Bracho, C, Magos, C, Llausas A, Gutiérrez, G, Sepúlveda, J. (1992). Seroepidemiología de la enfermedad de chagas en México Salud Pública de México. *Instituto Nacional de Salud Pública México*. (34) 2: 186-

196. ISSN 1606-7916. Disponible en: <http://saludpublica.mx/index.php/spm/article/view/5487/5839> [Último acceso 10.08.2024]
- Velasco-Castrejón, O y Rivas-Sánchez, B. (2008). Apuntes para la historia de la enfermedad de Chagas en México. *Bol Med Hosp Infant Mex.* Vol. 65. Disponible en: <https://www.medigraphic.com/pdfs/bmhim/hi-2008/hi081j.pdf> [Último acceso 10.08.2024]
- Vidal-Acosta, V, Ibáñez-Bernal, S, Martínez-Campos, C. (2000). Infección natural de chinches Triatominae con *Trypanosoma cruzi* asociadas a la vivienda humana en México. *Salud Pública Mex.* 42 (6):496-503. Disponible en: <https://www.saludpublica.mx/index.php/spm/article/view/6271/7499> [Último acceso 10.08.2024]
- Villagrán, M E, Marín, C, Hurtado, A, Sánchez – Moreno, M, De Diego, JA. (2008). Natural Infection and distribution of triatomines (Hemiptera: Reduviidae) in the state of Queretaro, Mexico. *R. Soc. Tropic. Med. Hygiene* 102, 833–838. <https://doi.org/10.1016/j.trstmh.2008.05.005>
- Villalobos, G, Nava-Bolanos, A, De Fuentes-Vicente, J A, Huerta, H, Córdoba – Aguilar, A. (2019). A reduction in ecological niche for *Trypanosoma cruzi*-infected triatomine bugs. *Parasites Vectors* 12, 240. <https://doi.org/10.1186/s13071-019-3489-5>
- Waleckx, E, Camara-Mejía, J, Ramírez-Sierra, M J, Cruz-Chan, V, Rosado- Vallado, M, Vázquez-Narvaez, S, Nájera – Vázquez, R, Gourbiere, S, Dumonteil, E. (2015). Una intervención innovadora de ecosalud para el control vectorial de la enfermedad de Chagas en Yucatán, México. *Rev. Biomed.* 26 (2), 75–86. Disponible en: <https://www.revistabiomedica.mx/index.php/revbiomed/article/view/34> [Último acceso 10.08.2024]
- Westenberger, S J, Barnabé, C, Campbell, D A, Sturm, N R. (2005). Two hybridization events define the population structure of *Trypanosoma cruzi*. *Genetics.* 171(2):527-43. Disponible en: <https://academic.oup.com/genetics/article/171/2/527/6060677> [Último acceso 10.08.2024]
- WHO. 2002. Control of Chagas disease: second report of the WHO expert committee. ISBN 9241209054. Disponible: https://iris.who.int/bitstream/handle/10665/42443/WHO_TRS_905.pdf?isAllowed=y&sequence=1 [Último acceso 10.08.2024]
- WHO. 2007. Reporte del grupo de trabajo científico sobre la enfermedad de Chagas. Guhl, F y Lazdins-Helds, J.K (Eds). Disponible en: https://iris.who.int/bitstream/handle/10665/69724/TDR_SWG_09_spa.pdf;jsessionid=B6F3DA34743F1758E03B9622589561FB?sequence=1 [Último acceso 10.08.2024]
- WHO. 2020. Organización Mundial de la Salud. Disponible en: [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)) [Último acceso 10.08.2024]
- Wisn, M S, Hijmans, R J, Li, J, Peterson, A T, Graham, C H, Guisan, A, NCEAS Predicting Species Distributions Working Groups. (2008). Effects of Sample Size on the Performance of Species Distribution Models. *Diversity and Distributions*, 14(5), 763–773. Disponible en: <http://www.jstor.org/stable/20172033> [Último acceso 10.08.2024]
- Yañez-Cajo, D, Moreno, M, Chaguamate, L, Valencia, N, Rueda-Ayala, V. (2016). Aplicación de Modelos de Nicho Ecológico para estudios Epidemiológicos: *Triatoma dimidiata*, vector de

- la Enfermedad de Chagas en Ecuador. *Revista Politécnica*. 37 (1), 88. Disponible en: https://revistapolitecnica.epn.edu.ec/ojs2/index.php/revista_politecnica2/article/view/596 [Último acceso 10.08.2024]
- Zingales, B, Souto, R P, Mangia, R H, Lisboa, C V, Campbell, D A, Coura, J R, Jansen, A, Fernandes, O. (1998). Molecular epidemiology of American trypanosomiasis in Brazil based on dimorphisms of rRNA and mini-exon gene sequences. *Int J Parasitol*. 28(1):105-12. [https://doi.org/10.1016/s0020-7519\(97\)00178-1](https://doi.org/10.1016/s0020-7519(97)00178-1)
- Zingales, B, Andrade, S G, Briones, M R, Campbell, D A, Chiari, E, Fernandes, O, Guhl, F, Lages-Silva, E, Macedo, A M, Machado, C R, Miles, M A, Romanha, A J, Sturm, N R, Tibayrenc, M, Schijman, A G. (2009). Second Satellite Meeting. A new consensus for *Trypanosoma cruzi* intraspecific nomenclature: second revision meeting recommends TcI to TcVI. *Mem Inst Oswaldo Cruz*. 104(7):1051-4. <https://doi.org/10.1590/s0074-02762009000700021>
- Zingales, B, Miles, M A, Campbell, D A, Tibayrenc, M, Macedo, A M, Teixeira, M M, Schijman, A G, Llewellyn, M S, Lages-Silva, E, Machado, C R, Andrade, S G, Sturm, N R. (2012). The revised *Trypanosoma cruzi* subspecific nomenclature: rationale, epidemiological relevance and research applications. *Infect Genet Evol*. 12(2):240-53. <https://doi.org/10.1016/j.meegid.2011.12.009>
- Zingales, B. (2018). *Trypanosoma cruzi* genetic diversity: Something new for something know about Chagas disease manifestations, serodiagnosis and drug sensitivity. *Acta Trop*. 184: 38-52. <https://doi.org/10.1016/j.actatropica.2017.09.017>