

Biodiversidad de reservorios y vectores de zoonosis emergentes de importancia en salud pública

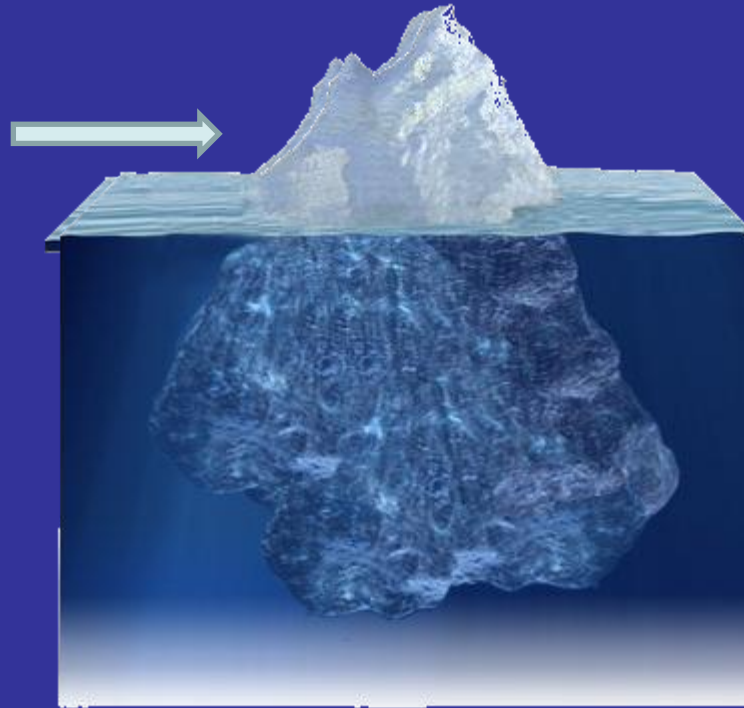
Víctor Sánchez-Cordero
Instituto de Biología, UNAM
victor@ibiologia.unam.mx

El problema



El reto

Reported cases
Known reservoirs
Known vectors



Unknown reservoirs
Unknown vectors
Not reported cases

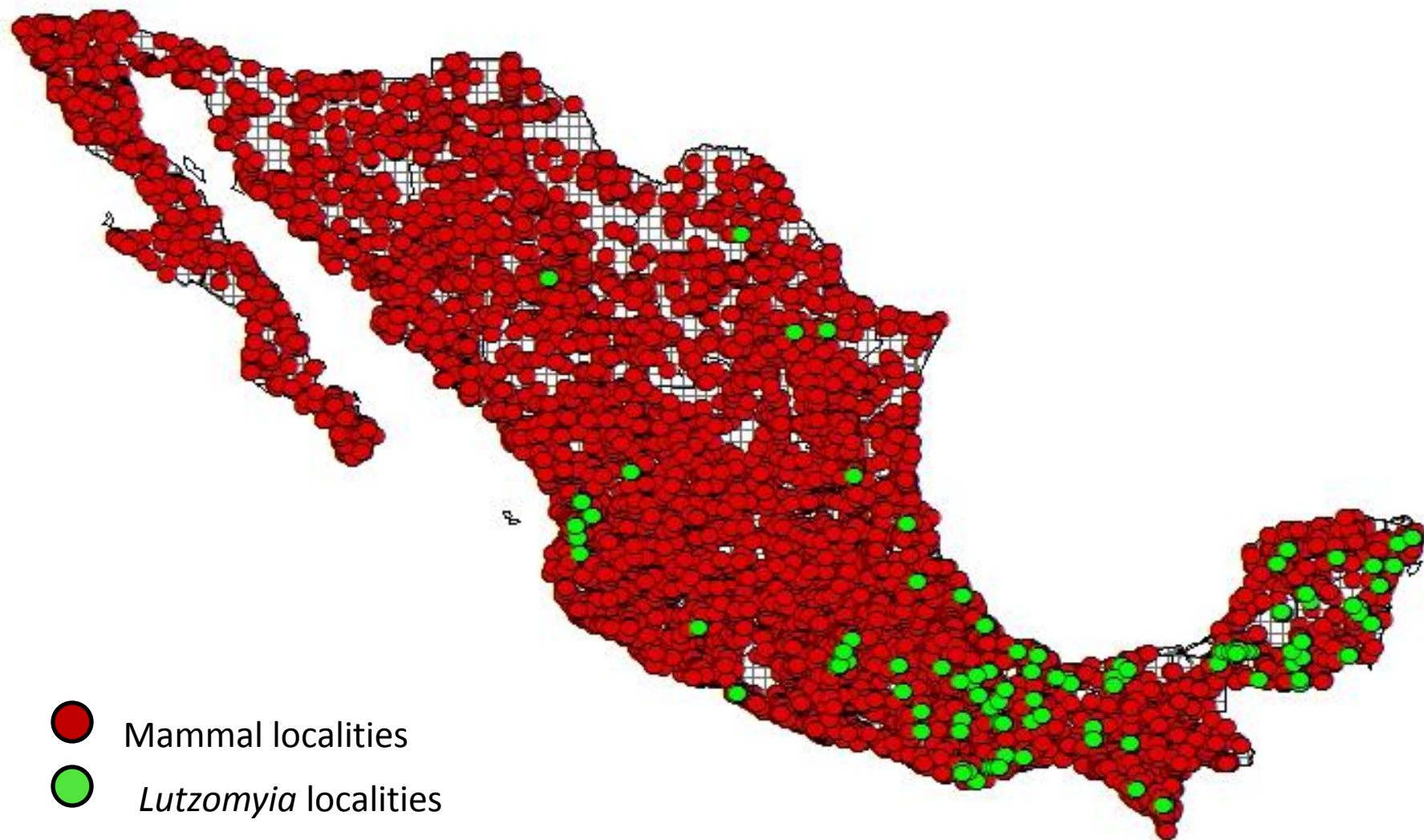
Objetivos

- Identificar reservorios y vectores potenciales de las enfermedades de leishmaniasis y Chagas en México (*Enfoque de minería de datos*).
- Producir áreas potenciales de riesgo actual y bajo escenarios de CC, usando modelos de nicho ecológico de reservorios y vectores potenciales de ambas zoonosis emergentes (*Enfoque de modelado del nicho ecológico de especies*).
- Estudio de caso de interacciones entre reservorios, vectores y humanos.

¿ Qué es minería de datos?

“...la exploración y análisis de datos para detectar tendencias, correlaciones y otras asociaciones (geográficas)...”

Spatial association between mammals and *Lutzomyia* sandflies



Data mining approach

A useful statistical diagnostic:

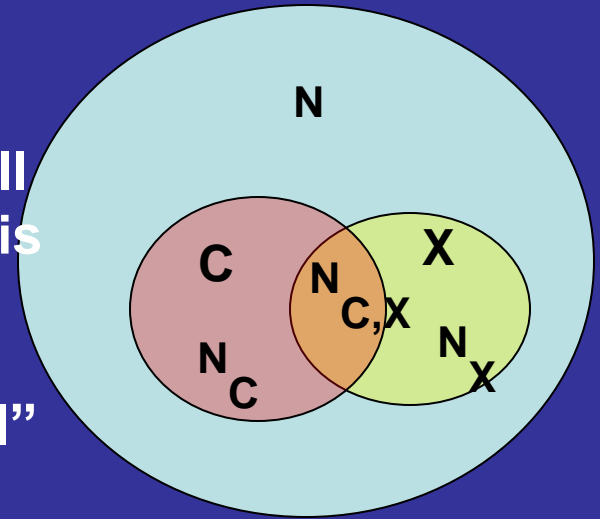
Classifier

$$\varepsilon = \frac{N_X(P(C|X) - P(C))}{(N_X P(C)(1 - P(C)))^{1/2}}$$

Null hypothesis

“Signal”

“Noise”



e.g. X is vector, C is the reservoir $\varepsilon > 2$ implies that there is a strong statistically significant positive correlation (in a geographical context) between this vector and reservoir.

Predicted mammals as potential reservoirs

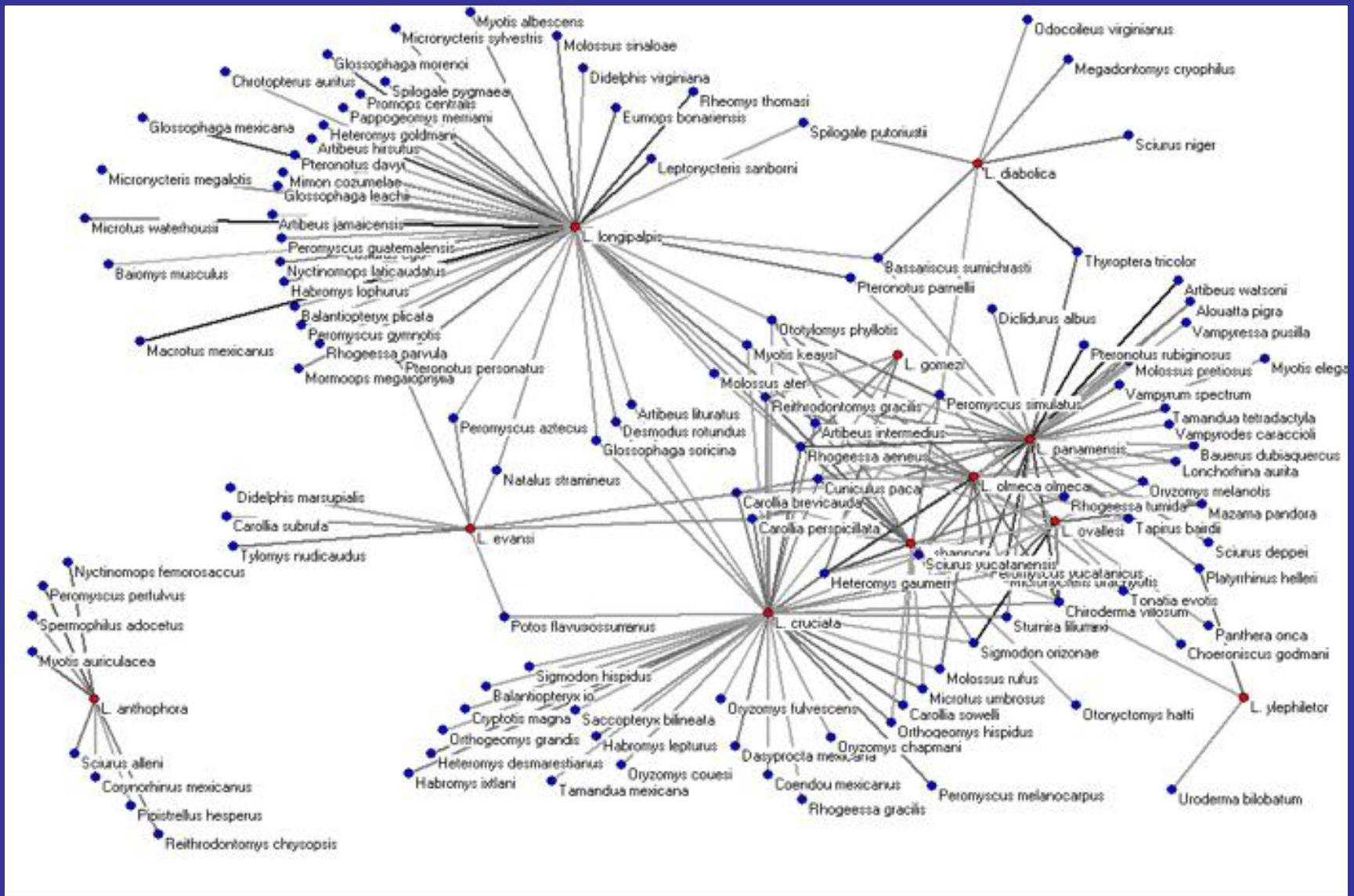
	Mammals	Epsilon	Conf.		Mammals	Epsilon	Conf.
1	Eira barbara	8.0256		51	Myotis keaysi	4.2596	
2	Heteromys gaumeri	7.3806	YES	52	Macrotus mexicanus	4.1863	
3	Rhogeessa aeneus	7.2139		53	Sciurus yucatanensis	4.1373	
4	Dasyprocta punctata	7.1071		54	Alouatta palliata	4.0343	
5	Peromyscus mexicanus	6.8456		55	Reithrodontomys microdon	4.0343	
6	Reithrodontomys gracilis	6.8283		56	Cryptotis magna	4.0218	
7	Heteromys desmarestianus	6.7385		57	Otonyctomys hatti	4.0218	
8	Orthogeomys hispidus	6.6434		58	Tylomys nudicaudus	3.9872	
9	Carollia sowelli	6.6423		59	Rhogeessa tumida	3.9779	
10	Dermanura phaeotis	6.5812		60	Artibeus lituratus	3.9776	
11	Dasyprocta mexicana	6.4628		61	Mormoops megalophylla	3.9317	
12	Carollia perspicillata	6.4421		62	Choeroniscus godmani	3.8806	
13	Molossus ater	6.2416		63	Peropteryx macrotis	3.8806	
14	Artibeus intermedius	6.2252		64	Artibeus jamaicensis	3.7936	
15	Conepatus semistriatus	6.0551		65	Centurio senex	3.7933	
16	Micronycteris brachyotis	5.8553		66	Sorex veraeapacis	3.7926	
17	Glossophaga soricina	5.7809		67	Oryzomys rostratus	3.7926	
18	Carollia brevicauda	5.7534		68	Tamandua mexicana	3.6461	
19	Ateles geoffroyi	5.7310		69	Saccopteryx bilineata	3.6413	
20	Glossophaga morenoi	5.7310		70	Pteronotus personatus	3.6300	
21	Microtus umbrosus	5.6363		71	Sylvilagus brasiliensis	3.5882	
22	Thyroptera tricolor	5.6363		72	Pteronotus davyi	3.4724	
23	Potos flavus	5.6220		73	Baiomys musculus	3.4138	
24	Peromyscus melanocarpus	5.5843		74	Peromyscus simulatus	3.4040	
25	Peromyscus yucatanicus	5.4991	YES	75	Rhogeessa gracilis	3.4040	
26	Pteronotus parnellii	5.4433		76	Bassariscus sumichrasti	3.3864	
27	Oryzomys couesi	5.3761		77	Leptonycteris sanborni	3.3864	
28	Sturnira lilium	5.2763		78	Glossophaga mexicana	3.3864	
29	Desmodus rotundus	5.2550		79	Oryzomys fulvescens	3.3864	
30	Sigmodon hispidus	5.1338	YES	80	Rheomys thomasi	3.3806	
31	Habromys ixtlani	4.9816		81	Heteromys goldmani	3.3806	
32	Microtus waterhousii	4.9816		82	Molossus rufus	3.3806	
33	Pteronotus rubiginosus	4.9816		83	Sigmodon orizonae	3.3806	
34	Artibeus watsoni	4.9816		84	Mimon cozumelae	3.3596	
35	Balantiopteryx balantiopteryx	4.9816		85	Glossophaga leachii	3.3235	
36	Ototylomys phyllotis	4.9569	YES	86	Herpailurus yagouaroundi	3.2893	
37	Nasua narica	4.9294		87	Sciurus aureogaster	3.2661	
38	Megadontomys cryophilus	4.9289		88	Lontra longicaudis	3.2487	
39	Cuniculus paca	4.8416		89	Mazama americana	3.2367	
40	Chiroderma villosum	4.7304		90	Balantiopteryx io	3.2367	
41	Oryzomys chapmani	4.6930		91	Hodomys alleni	3.2231	
42	Didelphis marsupialis	4.6508	YES	92	Myotis elegans	3.1422	
43	Philander opossum	4.6294		93	Diphylia ecaudata	3.0973	
44	Habromys lepturus	4.5801		94	Micronycteris megalotis	3.0973	
45	Coendou mexicanus	4.5175		95	Nyctinomops laticaudatus	3.0838	
46	Molossus sinaloae	4.4670		96	Sciurus deppoi	3.0690	
47	Orthogeomys grandis	4.4437		97	Sigmodon alleni	3.0368	
48	Oryzomys alfaroi	4.4041		98	Uroderma bilobatum	3.0368	
49	Didelphis virginiana	4.3131		99	Oryzomys melanotis	3.0265	YES
50	Peromyscus aztecus	4.2975		100	Odocoileus virginianus	2.8956	

Highest Épsilon values of spatial correlations between mammals and *Lutzomyia* sandflies.

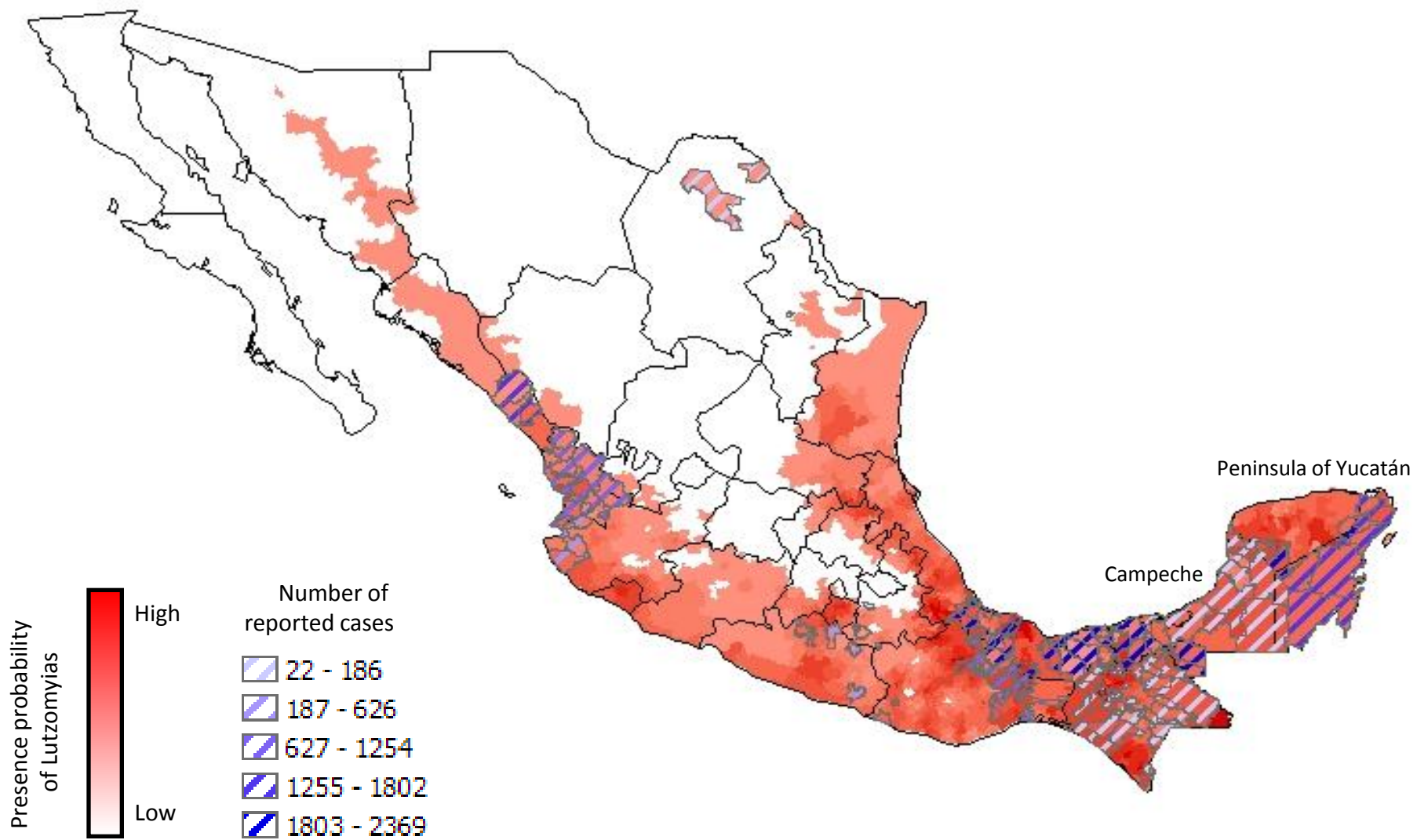
The probability of randomly finding 5 confirmed mammal reservoirs in the first column is 10^{-8}

Mammals (reservoirs) and *Lutzomyia* sandflies (vectors) interaction network.

(*PLoS ONE* 2009; *PLoS NTD* 2009, 2010a,b)



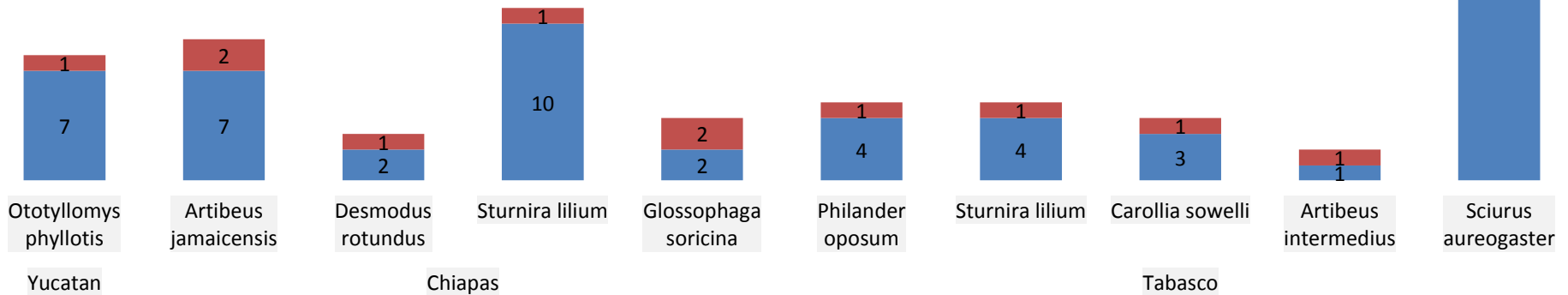
● *Lutzomyias* **+** **ε** **-**
● Mammals



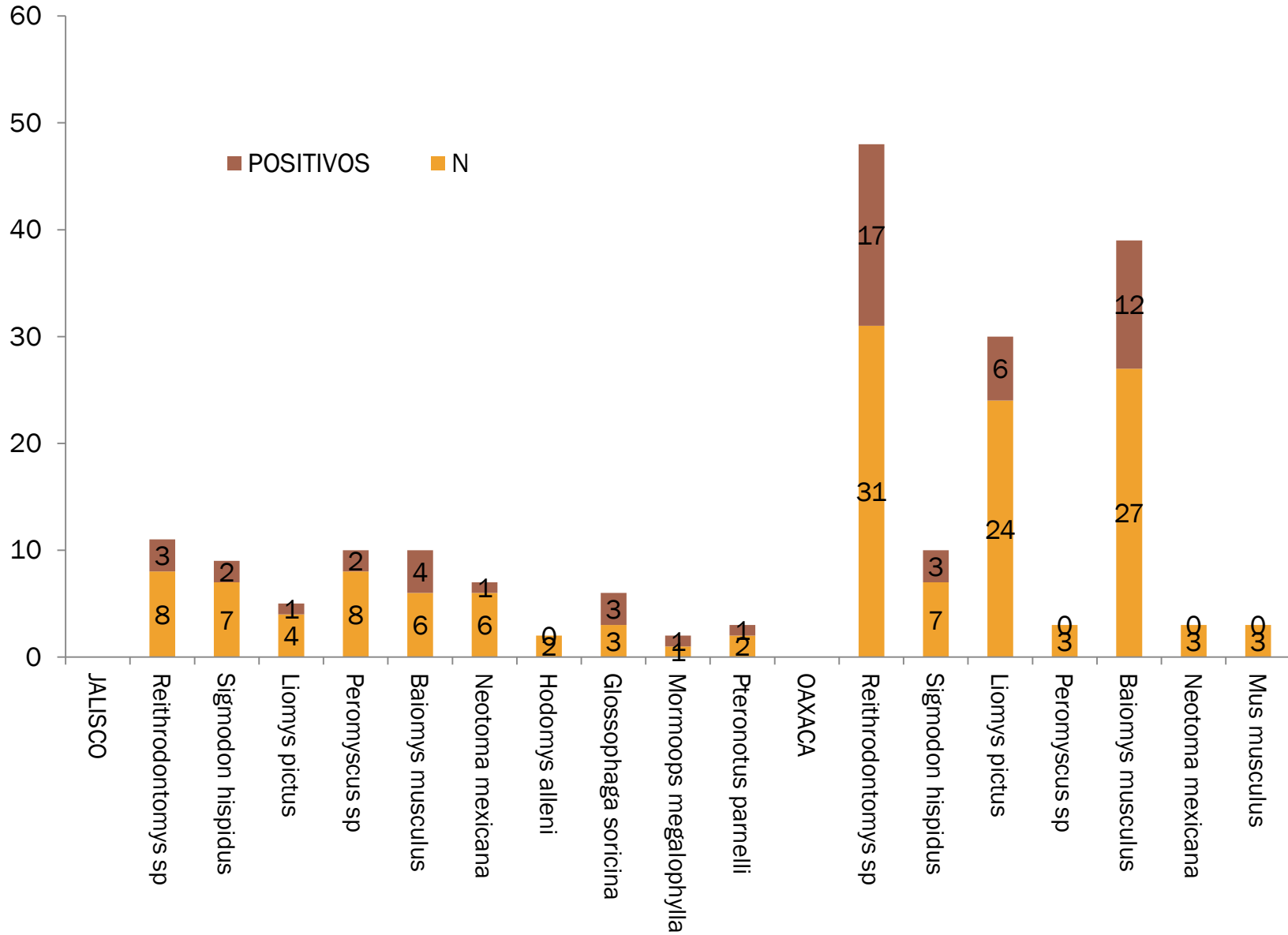


Organismos positivos a Leshmanisis.

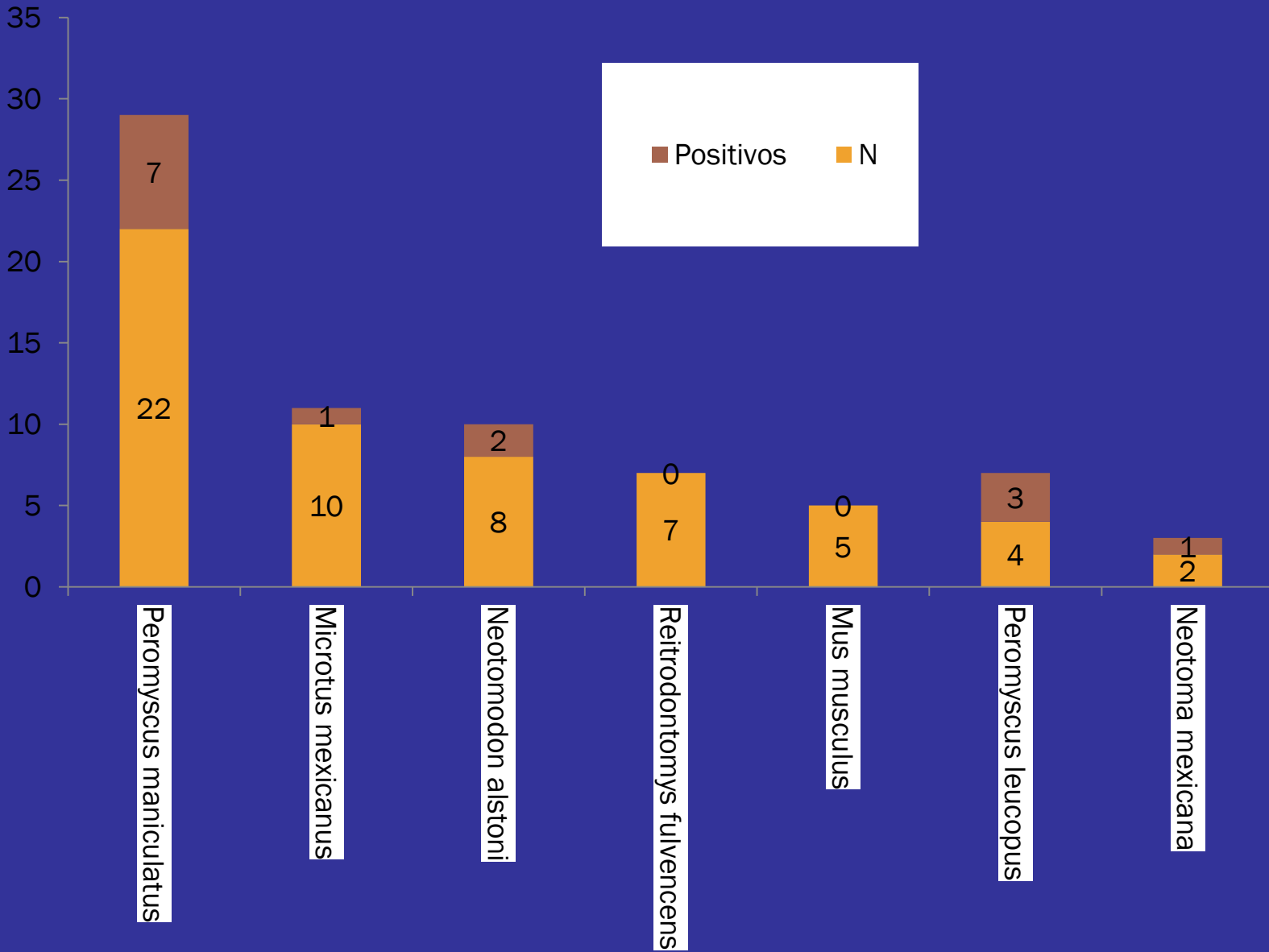
■ N ■ Positivos



Reservorios potenciales positivos a *Tripanosoma cruzi*



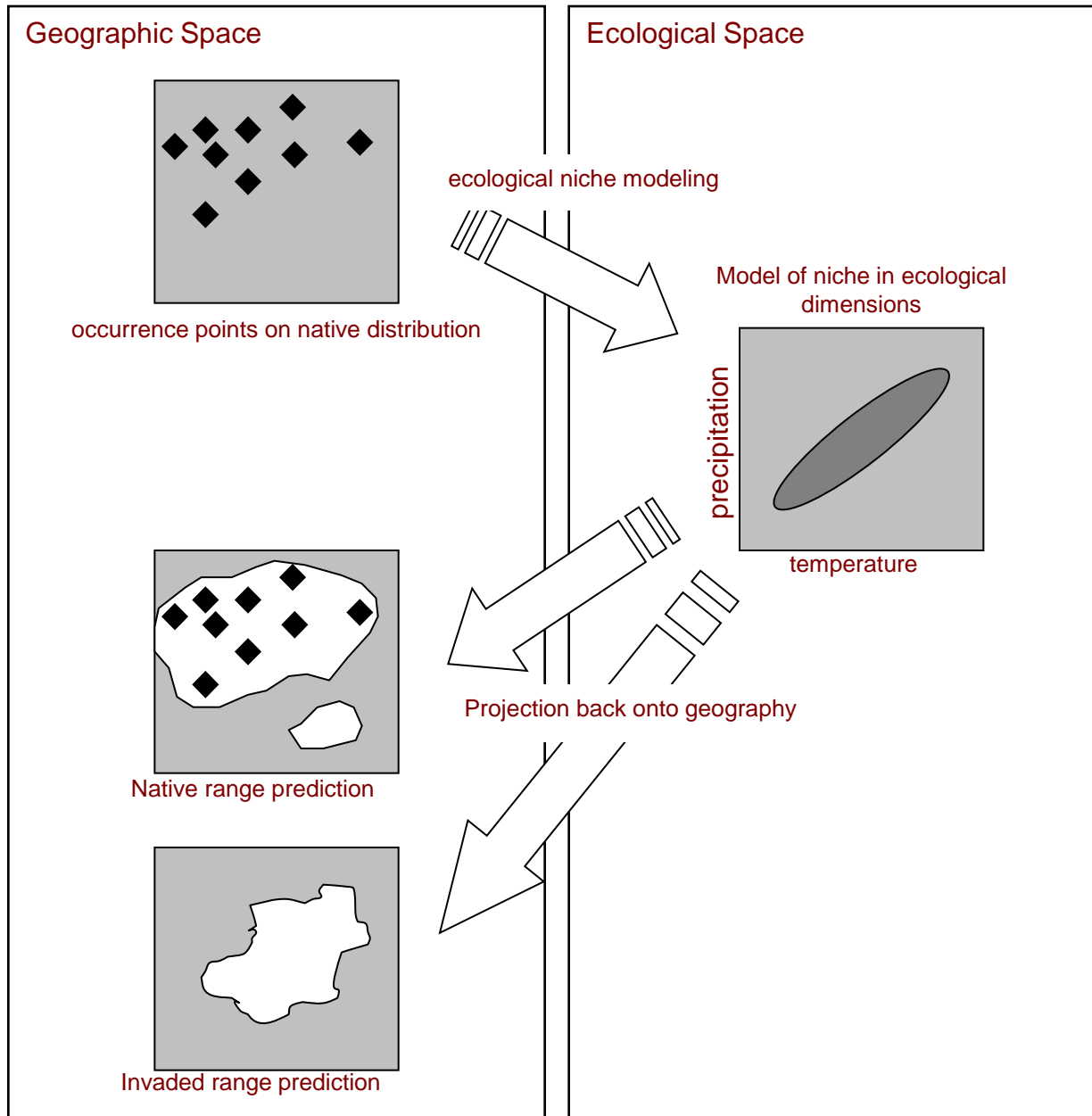
Organismos positivos a *Borrelia budgorferi*



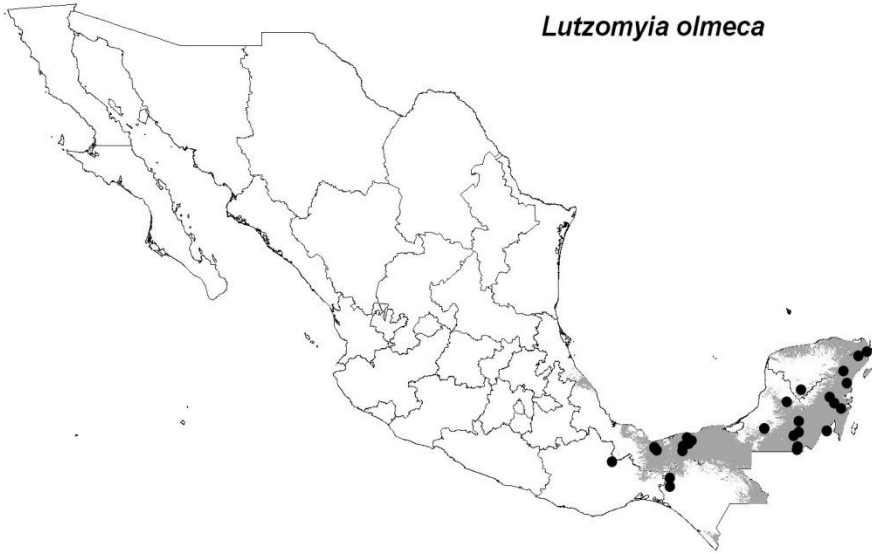
Objetivos

- Identificar reservorios y vectores potenciales de las enfermedades de leishmaniasis y Chagas en México (*Enfoque de minería de datos*).
- **Producir áreas potenciales de riesgo actual y bajo escenarios de CC, usando modelos de nicho ecológico de reservorios y vectores potenciales de ambas zoonosis emergentes (*Enfoque de modelado del nicho ecológico de especies*).**
- Estudio de caso de interacciones entre reservorios, vectores y humanos.

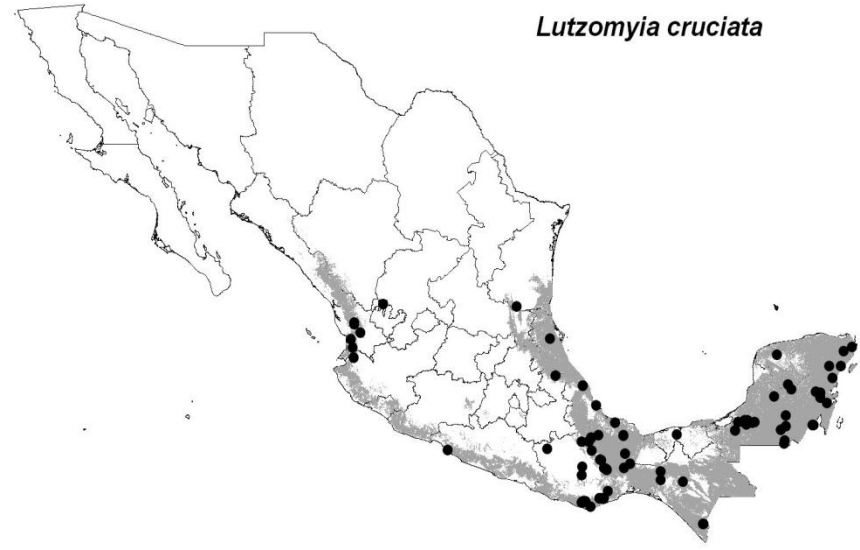
Modelado del nicho ecológico de especies (MNE)



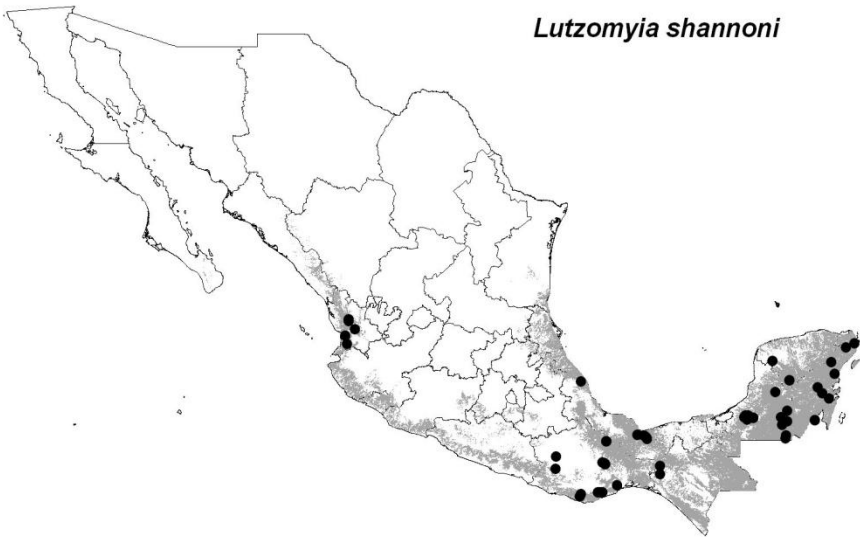
Lutzomyia olmeca



Lutzomyia cruciata



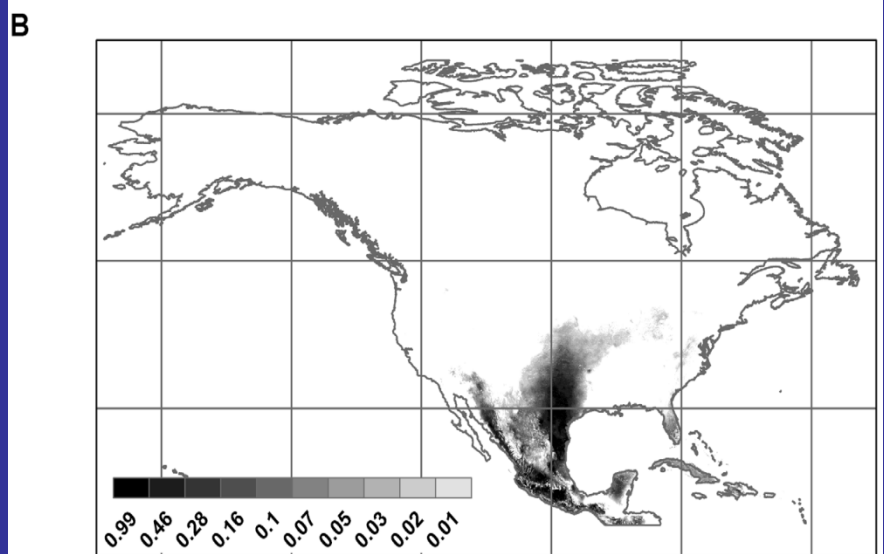
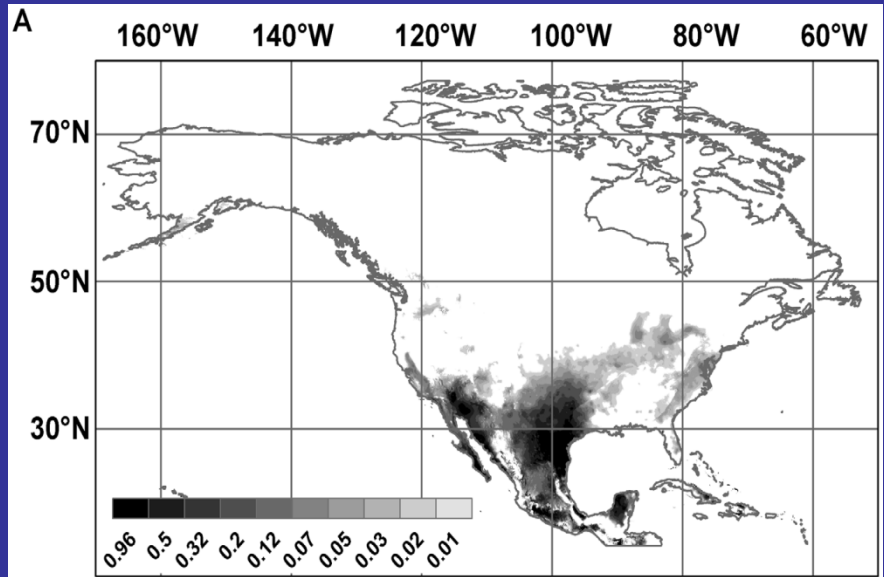
Lutzomyia shannoni



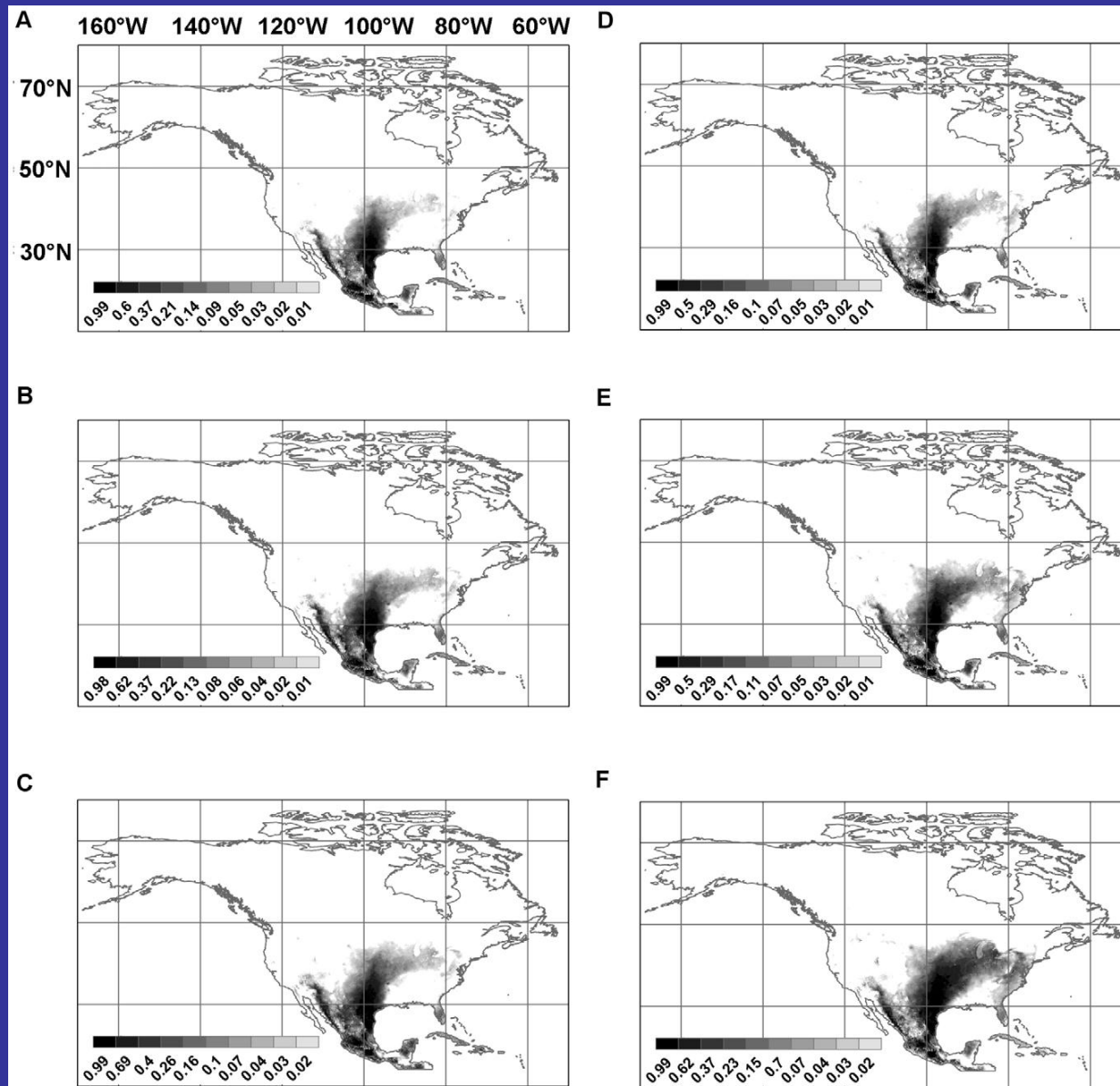
Lutzomyia panamensis



Species distribution models of *Lutzomyia anthrophora* (up),
and *Lutzomyia diabolica* (bottom)

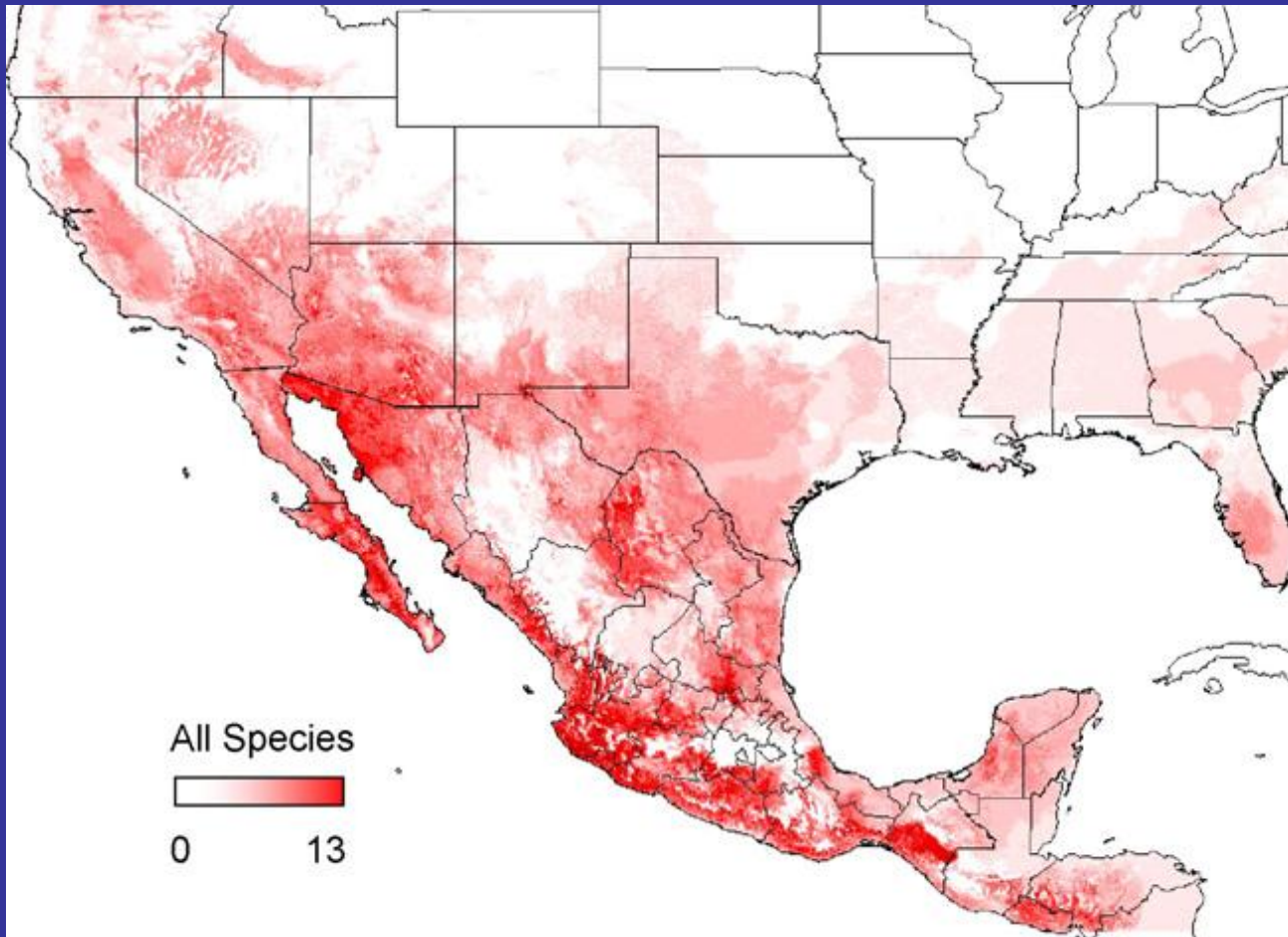


Predicted distribution of *Lutzomyia diabolica* for 2020, 2050 and 2080, using the International Panel for Climate Change environmental layers (PLoS NTD 2010)

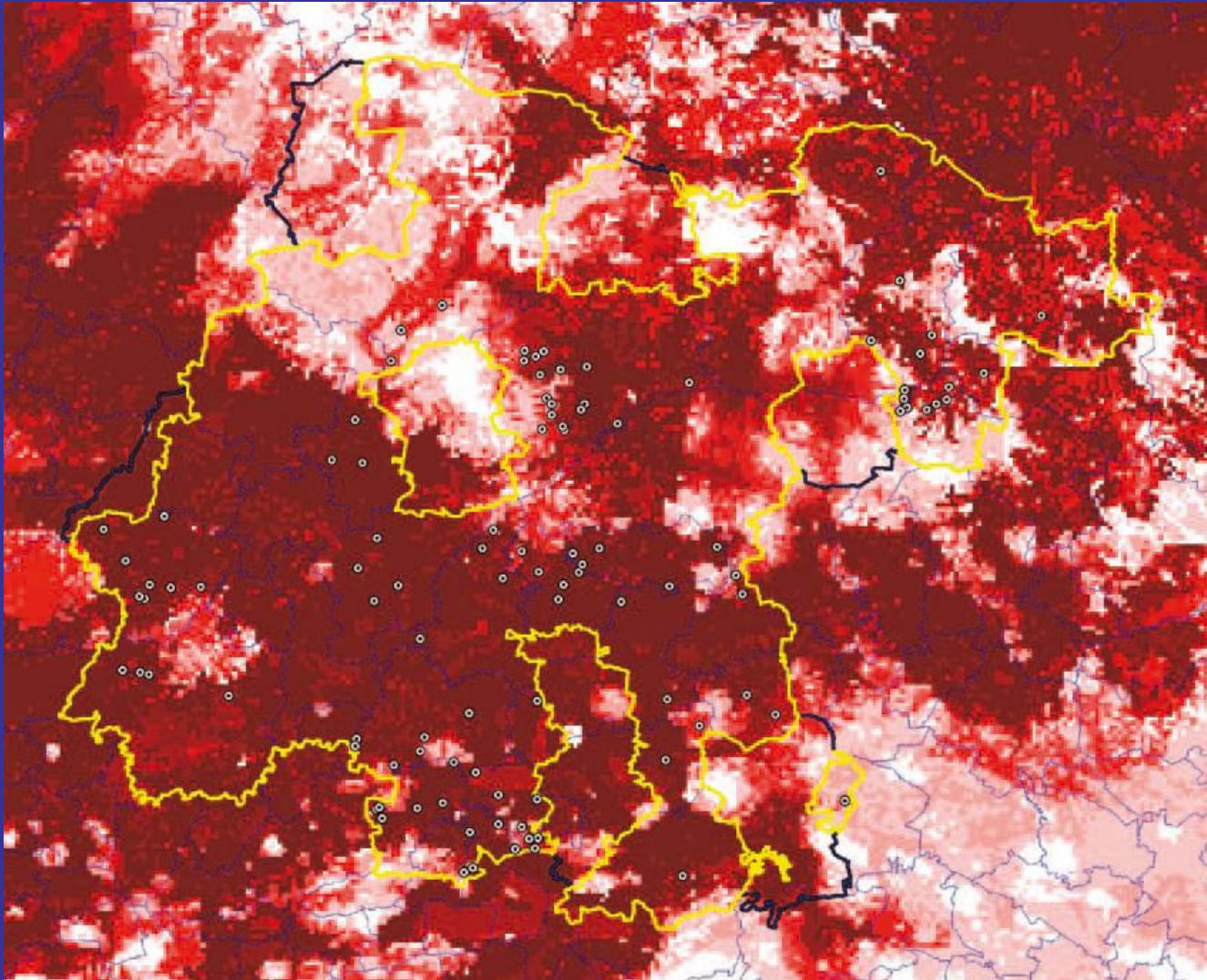


Species distribution models of North American triatomines

(*Acta Tropica* 2009)



Niche prediction area for *T. barberi* in the state of Guanajuato. Highest risk is indicated in dark red and lowest in white; collection sites are marked by open circles in the map.
J Med. Ent. 2005.



Objetivos

- Identificar reservorios y vectores potenciales de las enfermedades de leishmaniasis y Chagas en México (*Enfoque de minería de datos*).
- Producir áreas potenciales de riesgo actual y bajo escenarios de CC, usando modelos de nicho ecológico de reservorios y vectores potenciales de ambas zoonosis emergentes (*Enfoque de modelado del nicho ecológico de especies*).
- **Estudio de caso de interacciones entre reservorios, vectores y humanos.** (*PLoS ONE 2012*)

Contexto Económico

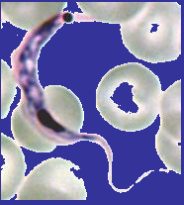
Enfermedad de Chagas

En América Latina existen aproximadamente entre 16 y 18 millones de pacientes infectados de Chagas.

En México existen entre 1'200,000 y 2'000,000 de pacientes infectados

Si estos casos hubieran sido detectados y tratados oportunamente, los recursos ahorrados serian más de 1,258 millones de US\$.





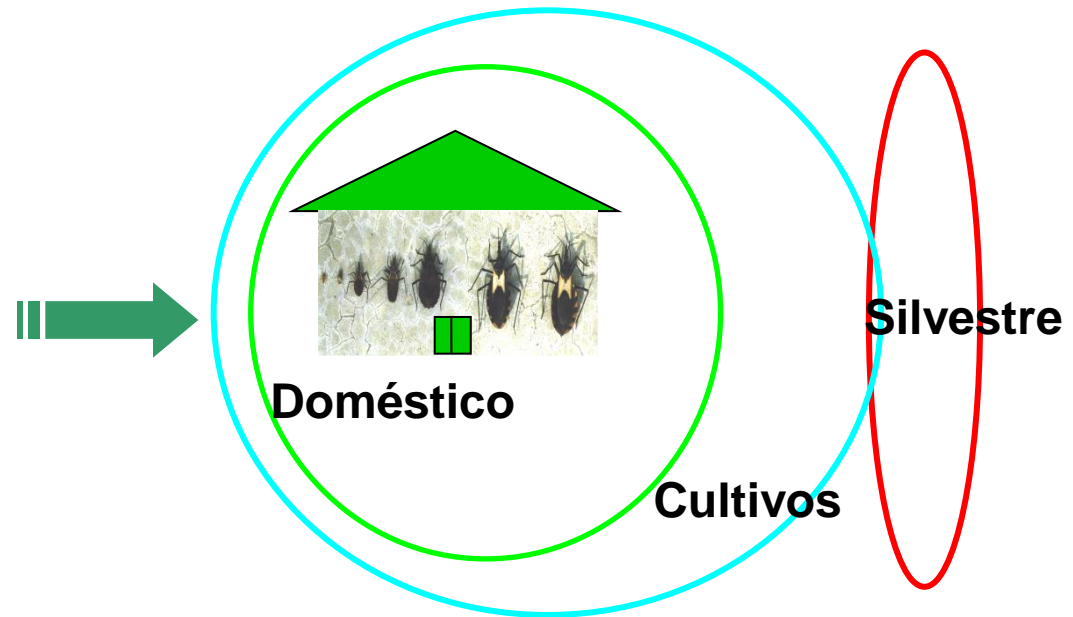
Antecedentes

- **96% de la transmisión de la enfermedad de Chagas ocurre por el vector**
- **Todo programa de control de la EC prioriza control de la presencia de los vectores en el ámbito domestico**
- **Control de las densidades domesticas del vector es factible por medio de la limpieza (remoción) de la vivienda y/o uso de insecticidas**
- **Eficacia de insecticidas para abatir 98% de la infestación de vector doméstico en México ya comprobado en estudios previos (en Chalcatzingo)**
- **La evidencia indica que el factor de riesgo principal para infestación doméstica, es la infestación del ámbito peridomiciliar y la persistencia de madrigueras infestadas**



¿De dónde vienen las chinches que infestan viviendas y transmiten *Trypanosoma cruzi* al humano?
(paradigma compartido con todas las zoonosis)

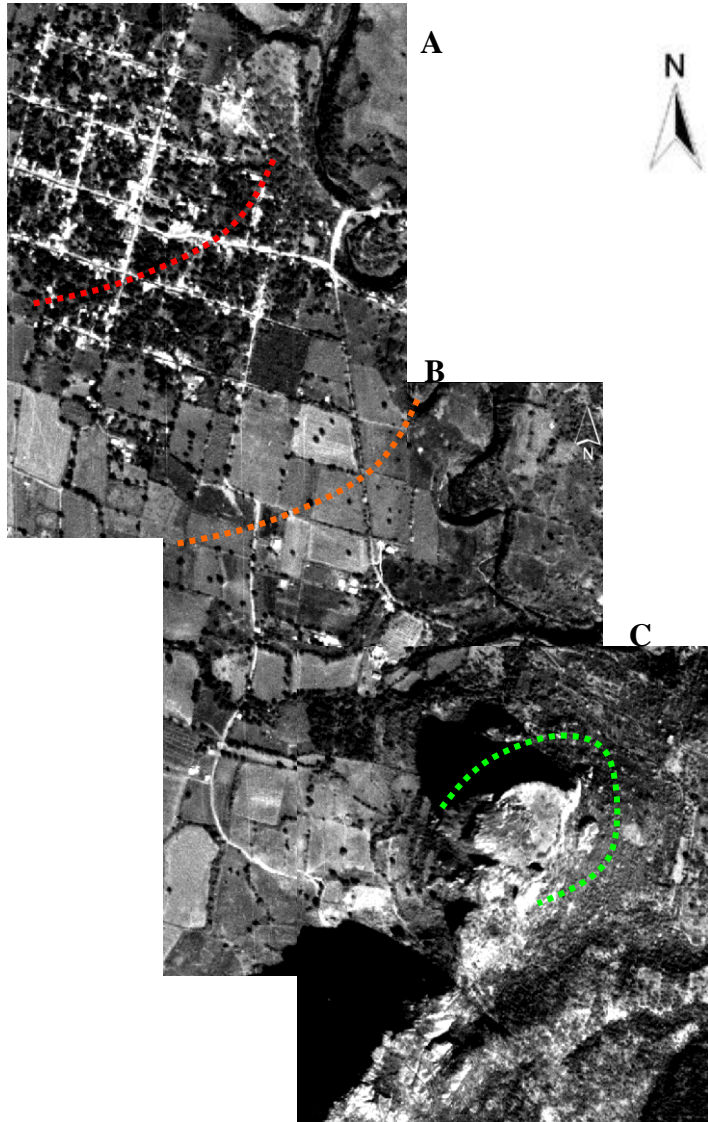
Hipótesis: La conectividad ecológica es un factor determinante para el riesgo de exposición del hombre a las ZE, incluyendo la transmisión de *Trypanosoma cruzi* y la E. Chagas.



Objetivo

Aportar evidencias sobre la conectividad ecológica entre todos los hábitat del paisaje, desde la perspectiva del control de la domesticación de *Triatoma pallidipennis* y *Trypanosoma cruzi* (y de la transmisión de la EC).

Metodología



Análisis de conectividad entre hábitat:

**A: Comunidad de Chalcatzingo,
Jantetelco,**

Morelos ($18^{\circ} 43' 22''$ N, $98^{\circ} 42' 39''$ W)

**B: zona de cultivos y vegetación
perturbada.**

**C: bosque tropical caducifolio
(BTC)**



Methods

- Biological samples

Chiroptera



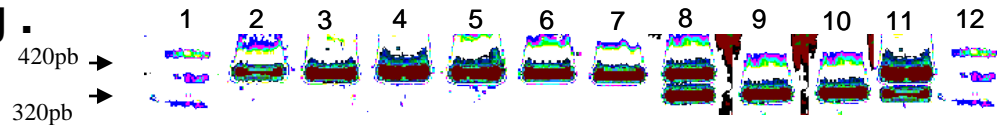
Rodentia



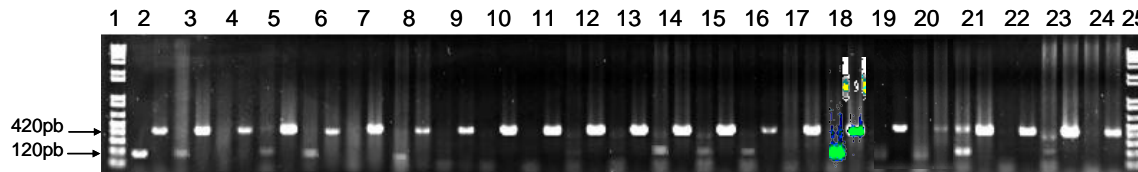
T. pallidipennis



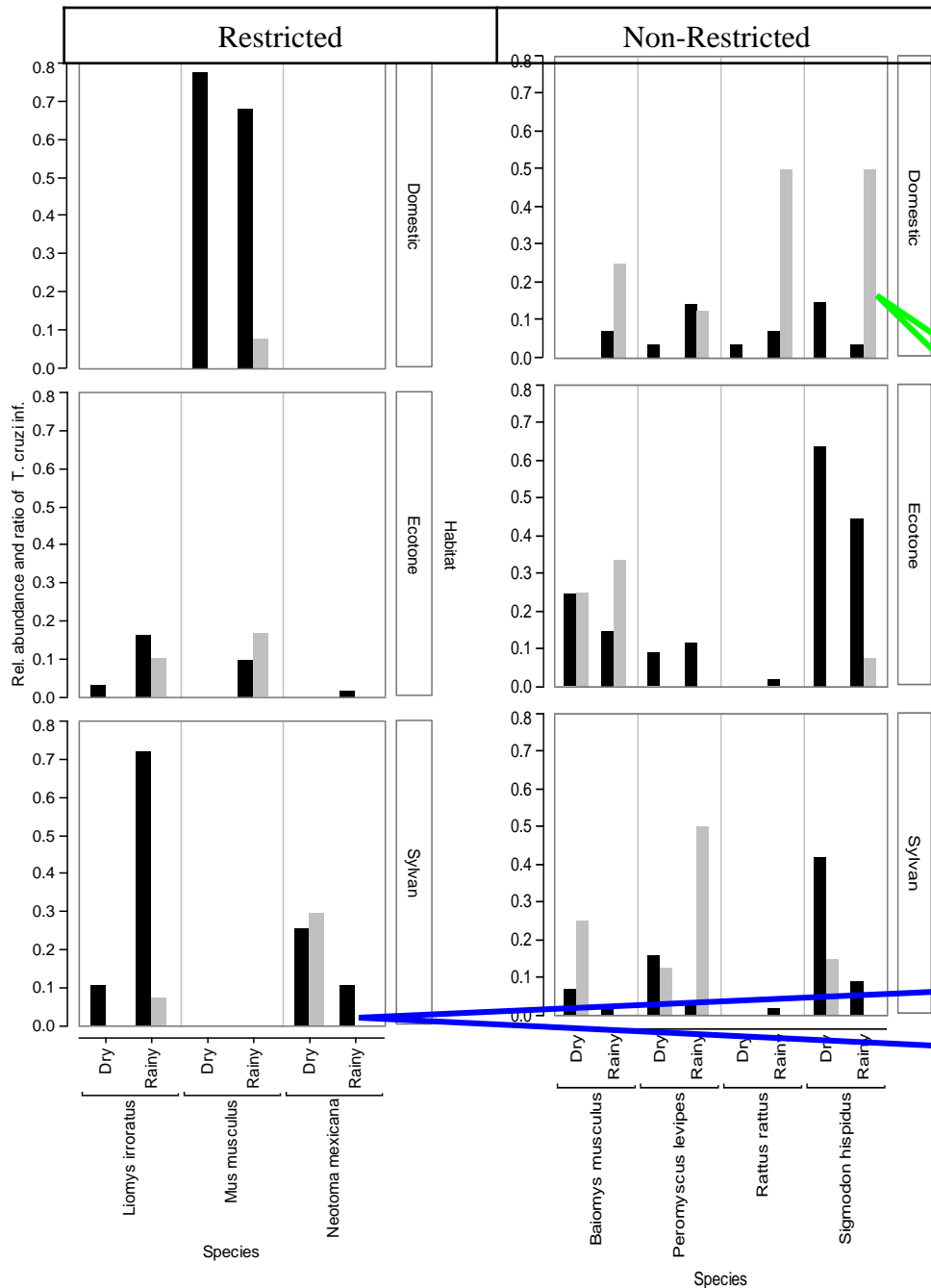
- *Triatoma pallidipennis* bloodmeal identification using cyt b sequencing



- Identification of *Trypanosoma cruzi* con oligos S67 y S34 (120pb) in rodent tissue and *T. pallidipennis*



Resultados

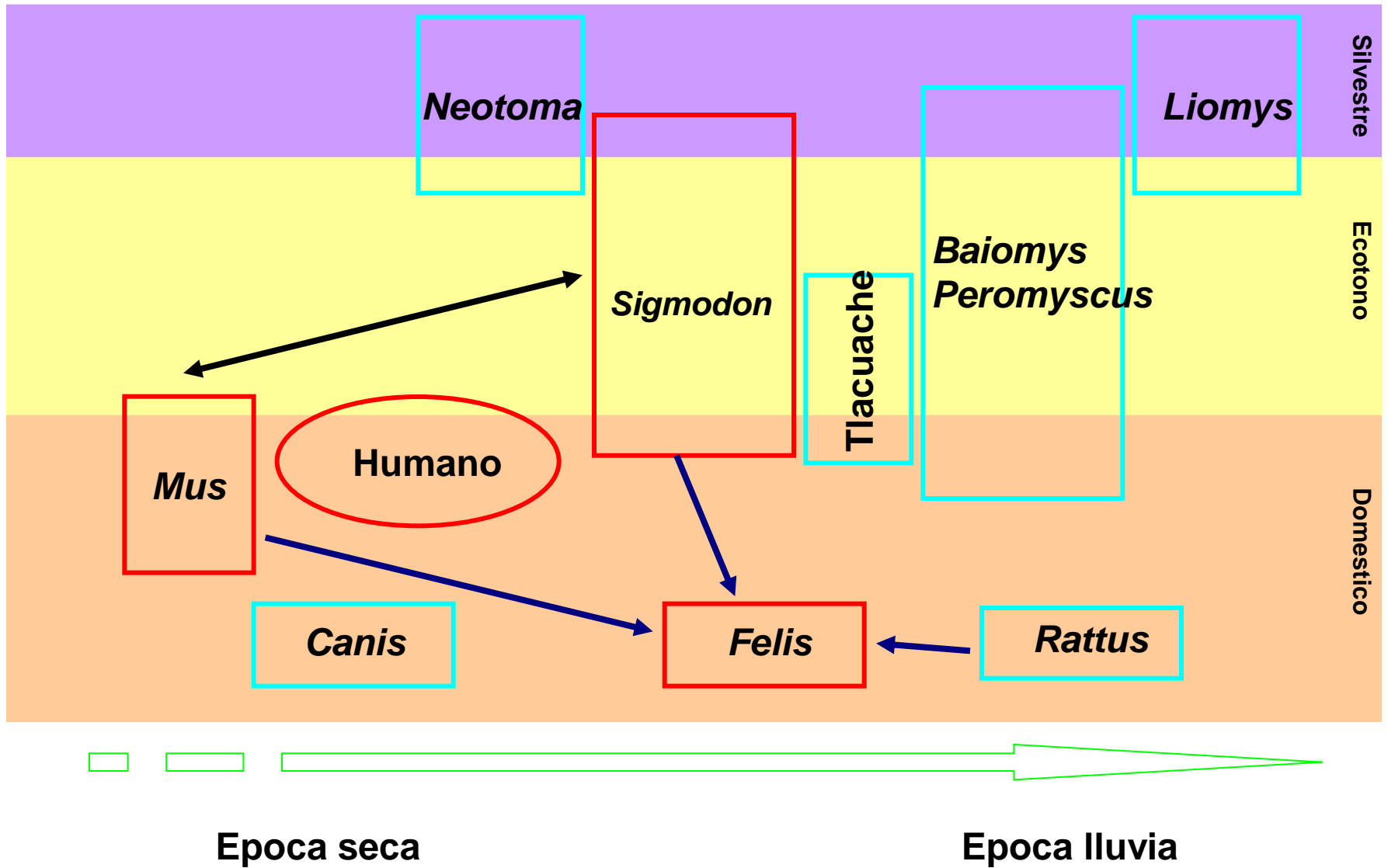


Abundancia relativa (sólido) e infección con *Trypanosoma cruzi* (gris)/ especie/habitat

Especies con nicho no restringidos tienen alta prevalencia en la época de lluvia: transmisión vertical de *T. cruzi*

La dinámica poblacional de Tc en especies silvestres es acorde con el ciclo reproductor: transmisión vertical

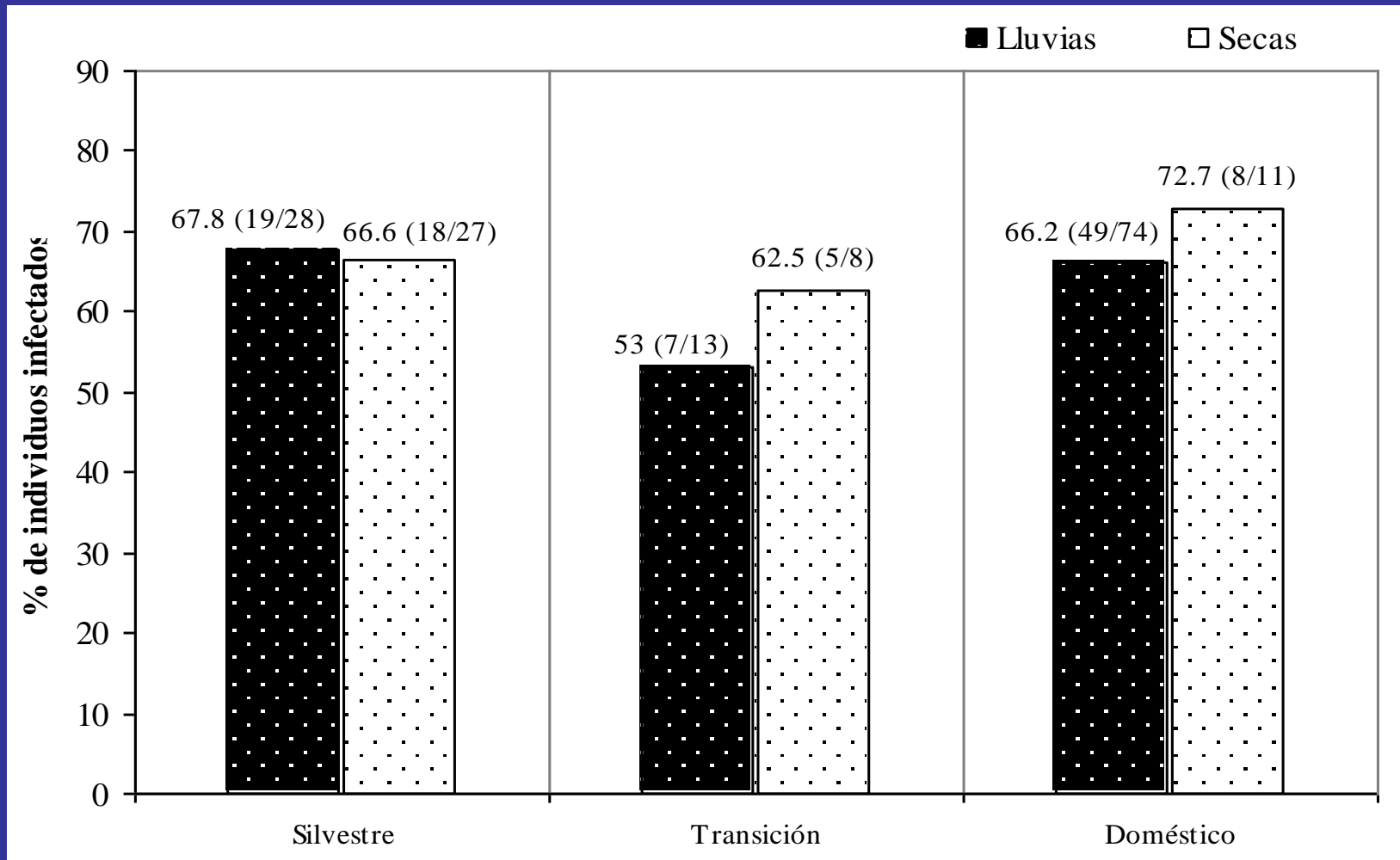
Modelo de la transmisión de *T. cruzi* al humano: interacciones entre *T. pallidipennis*, reservorios y hábitat.



Triatoma pallidipennis



Prevalencia de infección de *T. cruzi* en *Triatoma pallidipennis* dentro del ambiente silvestre, cultivos y doméstico durante la temporada de lluvias y secas. Arriba de cada barra se muestra el número de individuos colectados entre el total.



Prevalencia de infección en los diferentes estados de desarrollo de *T. pallidipennis*. N= número total de individuos colectados de ese estado de desarrollo. %= prevalencia de infección por *T. cruzi*. Número entre paréntesis se refiere a números de individuos infectados entre los analizados.

<u>Edos. de desarrollo de <i>T. pallidipennis</i></u>	Lluvias						Secas					
	Silvestre		Trasnición		Doméstico		Silvestre		Trasnición		Doméstico	
	N	%	N	%	N	%	N	%	N	%	N	%
Ninfa I					2	-					1	-
Ninfa II	1	-	1	-	2	-			1	100% (1/1)		
Ninfa III	1	100% (1/1)	2	-	20	66% (12/18)						
Ninfa IV	3	66% (2/3)	1	100% (1/1)	5	75% (3/4)	3	-	1	-	1	100% (1/1)
Ninfa V	7	42% (3/7)	3	66.6% (2/3)	22	60% (12/20)	3	50% (1/2)	1	-	2	50% (1/2)
Machos	11	80% (8/10)	5	75% (3/4)	16	69% (9/13)	10	77.7% (7/9)	2	100% (2/2)	4	50% (2/4)
Hembras	9	71% (5/7)	5	100% (2/2)	18	81.2% (13/16)	17	64.2% (9/14)	4	50% (2/4)	10	83% (5/6)
TP	30		14		61		33		9		17	

Conclusiones

- Minería de datos para identificar vectores y reservorios potenciales de zoonosis emergentes de importancia en salud pública.
- Modelos de nicho ecológico proyectados como distribuciones potenciales actuales y bajo escenario de CC de reservorios y vectores de zoonosis emergentes.
- Identificación de áreas de riesgo en poblaciones humanas.

Nuevos retos

- Reservorios y vectores de la enfermedad de Lyme (Dra. Guadalupe Gordillo, CMN Siglo XXI) .
- Reservorios y hantavirus y arenavirus? (Dr. Carlos Arias, IBT-UNAM).

Vínculo entre conservación de la biodiversidad, ZE y bienestar humano

Muchas gracias!

victor@ibiologia.unam.mx