



Universidad de Concepción
Dirección de Postgrado
Facultad de Arquitectura, Urbanismo y Geografía
Magíster en Análisis Geográfico

**“Identificación de zonas de riesgo al contagio por Hantavirus
en la región de Aysén: Importancia de la matriz urbana y la
biodiversidad en un análisis desde la Geografía de la Salud”**

Proyecto final para optar al grado de
Magíster en Análisis Geográfico

Autor: Carla M. Garrido Cayul
Profesor Guía: Dr. Cristián E. Hernández Ulloa

Concepción, abril de 2021

Reconocimientos y Agradecimientos

A la Universidad de Concepción y al Departamento de Geografía por haber becado mis estudios de Magister.

A la Corporación Nacional Indígena por la beca otorgada en 2020 en el "II Concurso Público Regional de Becas de Capacitación y Especialización para Técnicos y Profesionales Indígenas de la Región del Biobío año 2020".

RESUMEN

Este proyecto de investigación estudió de manera espacial la zoonosis emergente Hantavirus, la cual es de alta importancia epidemiológica debido a que genera en la población humana el Síndrome Cardiopulmonar por Hantavirus (SCPH). Pudieron ser identificadas las zonas que representan una mayor probabilidad de riesgo de contagio en la región de Aysén, Chile, a través del uso de sistemas de información geográfica y estadística bayesiana, específicamente con el modelo binomial jerárquico implementado en el paquete hSDM del *software* R-Project que permitió conocer las variables que eran significativamente determinantes en la presencia de casos, además mediante la función de autocorrelación espacial que posee, se pudo determinar las principales zonas en que podría generarse nuevos casos.

Fueron utilizados en el estudio, el 74% del total de casos positivos registrados entre 1996 y 2019 en la región, debido a que estos tenían coordenadas geográficas del lugar dónde pudo haberse originado el contagio. Como variables para explicar la incidencia de casos, se ocuparon variables geográficas (sociodemográficas), climático-ambientales y biológicas del vector. A pesar de intentar establecer un modelo multivariado que evidenciara las zonas de riesgo, sólo pudo realizarse de manera separada (variable a variable), debido a la complejidad de los modelos e insuficiencia en la capacidad de los recursos computacionales. Pese a todo, fue posible identificar 4 variables significativas que explicaran la incidencia de casos: cobertura vegetal (landcover), altitud (DEM), precipitaciones medias anuales y radiación media anual.

Los resultados y modelo obtenidos ofrecen una herramienta eficaz para la prevención y mitigación en la exposición de la población al riesgo de contagio por Hantavirus en la región de Aysén, ya que, explicando la distribución potencial de los contagios en un contexto de historia natural, se establece una metodología que anticipa eventuales brotes mediante la señalización de áreas con mayor riesgo de incidencia y sus variables predictoras.

ABSTRACT

This research project spatially studied the emerging zoonosis Hantavirus, which is of high epidemiological importance because it generates Hantavirus Cardiopulmonary Syndrome (SCPH) in the human population. The areas that represent a greater probability of contagion risk in the Aysén region, Chile, could be identified using Bayesian statistical and geographic information systems, specifically with the hierarchical binomial model implemented in the hSDM package of the R-project software, that allowed to know the variables that were significantly determinant in the presence of cases, also through the spatial autocorrelation function that it has, it was possible to determine the main areas in which new cases could be generated.

They were used in the study, 74% of the total of positive cases registered between 1996 and 2019 in the region, because these had geographic coordinates of the place where the contagion could have originated. As variables to explain the incidence of cases, geographic (sociodemographic), climatic-environmental and biological variables of the vector were used. Despite trying to establish a multivariate model that showed the risk areas, it could only be done separately (variable by variable), due to the complexity of the models and insufficient capacity of computational resources. Despite everything, it was possible to identify 4 significant variables that explained the incidence of cases: vegetation cover (landcover), altitude (DEM), mean annual rainfall and mean annual radiation.

The results and model obtained offer an effective tool for the prevention and mitigation in the exposure of the population to the risk of contagion by Hantavirus in the Aysén region, since, explaining the potential distribution of contagions in a natural history context, it is establishing a methodology that anticipates eventual outbreaks by signalling areas with a higher risk of incidence and their predictive variables.

ÍNDICE DE CONTENIDOS

CAPITULO 1: INTRODUCCIÓN.....	7
1.1 Motivación y relevancia.....	9
1.2 Planteamiento del Problema.....	11
1.3 Objetivos.....	12
1.3.1 Objetivo General	12
1.3.2 Objetivos Específicos	12
1.4 Metodología	12
1.4.1 Definición del Área de Estudio.	12
1.4.2 Diagrama Metodológico	16
1.4.2.1 Conjunto de datos espaciales	17
1.4.2.2 Variable Respuesta	18
1.4.2.3 Variables Predictoras	19
1.4.2.4 Análisis estadístico.....	29
CAPÍTULO 2. MARCO TEÓRICO Y CONCEPTUAL	32
2.1 Conceptos de Geografía y Salud.....	32
2.1.1 Conceptos Geográficos.....	32
2.1.2 Conceptos de Salud	33
2.2 Geografía de la Salud y Zoonosis.....	34
2.3 Hantavirus y su reservorio viral (<i>Oligoryzomys longicaudatus</i>).....	35
2.4 Inferencia Bayesiana	36
CAPITULO 3. ANALISIS	38
3.1 Base de datos espacial.....	38
3.1.1 Variables Predictoras Geográficas.....	38
3.1.2 Variables Predictoras Climáticas.....	38
3.2 Distribución de <i>O. longicaudatus</i>	38
3.3 Modelos de Regresión MCMC	39
3.4. Mapas de riesgo.	41
CAPITULO 4. CONCLUSIONES.....	54
4.1 Obstáculos.....	57
4.1.1 Tamaño de la base de datos y capacidad de análisis.	57
4.1.2 Calidad y disponibilidad de datos geográficos.	57
4.1.3 Disponibilidad de datos de contagio.....	57
Bibliografía	58

INDICE DE IMÁGENES

Figura 1. División político-administrativa de la Región de Aysén a nivel Provincial y Comunal.....	14
Figura 2. Diagrama metodológico de tratamiento de datos en Gis y R – Project. .	16
Figura 3. Distribución Espacial de casos de Hantavirus en la Región de Aysén...	19
Figura 4. Grado de Urbanización a nivel Manzanas Censales en la Región de Aysén	20
Figura 5. Grado de Ruralización a nivel Manzanas Censales en la Región de Aysén	21
Figura 6. Densidad de población de Manzanas Censales en la Región de Aysén	22
Figura 7. Densidad de población de Entidades Rurales.....	23
Figura 8. Cartografía del área de estudio, con las variables Ambientales: A) NDVI, B) Landcover (coberturas de suelo) y C) Modelo Digital de Elevación	25
Figura 9. Cartografía del área de estudio con las variables climáticas: A) Precipitaciones Medias, B) Radiación Solar Media, C) Temperaturas medias y D) Velocidad del Viento.....	26
Figura 10. Densidad de Kernel del Roedor <i>O. longicaudatus</i>	28
Figura 11. Distribución de la probabilidad posterior del riesgo de contagio por Hantavirus según el predictor de la Distribución de <i>O. longicaudatus</i>	42
Figura 12. Distribución de la probabilidad del riesgo de contagio por Hantavirus según el predictor de Densidad Poblacional en Entidades Rurales (DPER)	43
Figura 13. Distribución de la probabilidad del riesgo de contagio por Hantavirus según el predictor de Densidad Poblacional en Manzanas Censales (DPMC)	44
Figura 14. Distribución de la probabilidad del riesgo de contagio por Hantavirus según el predictor de Grado de Ruralización (GR).....	45
Figura 15. Distribución de la probabilidad del riesgo de contagio por Hantavirus según el predictor de Grado de Urbanización (GU)	46
Figura 16. Distribución de la probabilidad del riesgo de contagio por Hantavirus según el predictor de Landcover	47

Figura 17. Distribución de la probabilidad del riesgo de contagio por Hantavirus según el predictor de SRTM.....	48
Figura 18. Distribución de la probabilidad del riesgo de contagio por Hantavirus según el predictor de NDVI	49
Figura 19. Distribución de la probabilidad del riesgo de contagio por Hantavirus según el predictor de Precipitación	50
Figura 20. Distribución de la probabilidad del riesgo de contagio por Hantavirus según el predictor de Velocidad del Viento	51
Figura 21. Distribución de la probabilidad del riesgo de contagio por Hantavirus según el predictor de temperatura.....	52
Figura 22. Suma de las Distribuciones de probabilidad de riesgo de contagio por Hantavirus según los predictores significativos Landcover, precipitaciones y SRTM	53

ÍNDICE DE TABLAS

Tabla 1. Resumen Casos de Enfermedad por Hantavirus 1996 – 2019, Región de Aysén	18
Tabla 2 Extracto de forma en que fue seteado las muestras de presencia de O. longicaudatus antes del cálculo de densidad de Kernel.....	27
Tabla 3. (Continuación). Extracto de forma en que fue seteado las muestras de presencia de O. longicaudatus antes del cálculo de densidad de Kernel.....	28
Tabla 4. Resumen de modelos aplicados en paquete “hSDM” en R (Vieilledent et al., 2019)	31
Tabla 5. Resumen de la distribución posterior de los coeficientes de las variables testeadas asociadas a los casos de Hantavirus.....	39
Tabla 6. Resumen de la distribución posterior de los coeficientes de las variables testeadas asociadas a los casos de Hantavirus, dentro del modelo multivariado que considera sólo las variables del tipo geográfica	40
Tabla 7. Resumen de la distribución posterior de los coeficientes de las variables climático-ambientales asociadas a los casos de Hantavirus.....	40
Tabla 8. Resumen de la distribución posterior de los coeficientes de las variables climáticas, geográficas y biológicas asociadas a los casos de Hantavirus	41

Tabla 9. Resumen de la distribución posterior de los coeficientes de las variables previamente significativas asociadas a los casos de Hantavirus	41
--	----

CAPITULO 1: INTRODUCCIÓN

1.1 Motivación y relevancia

Desde siempre la humanidad se ha visto afectada por enfermedades infecciosas (EI) transmitidas por animales vertebrados en condiciones naturales, denominadas zoonosis (Weiss, 2001). Estas enfermedades incluyen la transmisión de infecciones de animales domésticos y mascotas (ej. perros, gatos, roedores y conejos, aves y reptiles), brotes epidémicos (ej. triquinosis, leptospirosis) (Dabanch P., 2003) y enfermedades emergentes a través de un reservorio silvestre como Síndrome Cardiopulmonar por Hantavirus (SCPH) (Cabello y Cabello, 2008). Al día de hoy, existen más de 200 zoonosis, las cuales incluyen un gran porcentaje de las enfermedades nuevas y existentes en los humanos (Organización Mundial de la Salud [OMS], 2020). La expansión urbana derivada de una actividad humana sostenible en el tiempo, ha alcanzado regiones previamente naturales con diversidad endémica propia (Medina-Voger, 2010), invadiendo tanto el área de distribución como el nicho de especies potencialmente zoonóticas, aumentando el riesgo de contagio de la población (Tian et al., 2018).

Existen diversas metodologías para afrontar el riesgo de contagio de una enfermedad en particular. Desde el punto de vista epidemiológico, los sistemas de vigilancia, detección temprana, rastreo, seguimiento y prevención han dado importantes ventajas a la hora de controlar y evitar brotes (Liao et al., 2017). Sin embargo, la precisión de estos métodos depende de la calidad y disponibilidad de los datos (Hutwagner et al., 2005), lo que en la práctica se traduce en una imposibilidad de predecir los brotes infecciosos (Liao et al., 2017). Una alternativa a este problema es la incorporación de modelos espaciales explícitos, comúnmente aplicados a la ecología (DeAngelis y Yurek, 2017), que permiten a los investigadores de la salud, predecir y por ende, manejar una enfermedad antes de que ocurra un brote (Riley et al., 2015).

Clásicamente, la evaluación del riesgo de las enfermedades siempre ha sido determinada a través de aproximaciones epidemiológicas, es decir, a través de la biología de la enfermedad (Dummer, 2008). No obstante, la geografía, al estudiar tanto los elementos físicos presentes en el medio, así como las dinámicas entre hombre-medio, es clave para el análisis de la salud, ya que puede definir explícitamente las fuentes de peligro, puntos críticos de exposición y susceptibilidad de la población a sufrir enfermedades (Beale, 2015). Es aquí donde nace la Geografía de la Salud, como una subsidiaria de la Geografía Humana, viendo a la salud como un todo, abarcando la sociedad y el espacio y conceptualizando el rol

de la ubicación espacial en la salud y el efecto que las variables subyacentes a ese espacio en particular tienen sobre una enfermedad (Dummer, 2008).

La Geografía de la Salud ha hecho importantes avances en la prevención de enfermedades y padecimientos, que abordadas desde el punto de vista epidemiológico habían sido incapaces de controlar. Por ejemplo, la epidemia de Cólera en la ciudad de Londres en 1857 (Caplan et al., 2020), el establecimiento del riesgo en brotes de influenza y sarampión (Cliff y Haggett, 1993), mapeo y prevención de la obesidad (Dean y Elliott, 2012), control y trazabilidad del VIH (Sothorn, 2020), la accesibilidad a centros de salud (Rojas et al., 2019) y hasta el conocimiento de patrones de distribución en zoonosis emergentes globales como SARS-coV-2 a través del uso de mapas que mostraban la extensión de la infección en los distintos países afectado, donde el medio de propagación del virus se generó a través de viajes internacionales, extendiéndose rápidamente (*COVID-19 Map*, 2020; Taleghani y Taghipour, 2021)., por lo cual para hacer frente a este tipo de pandemias globales es necesario utilizar herramientas que posee la geografía tanto como para conocer el estado de la población a nivel espacial, como en la movilización de recursos médicos (Umakanthan et al., 2020) o establecimiento de mapas de riesgo en base al conocimiento de enfermedades ya registradas en un territorio específico (Azevedo et al., 2020).

Así como existen zoonosis que afectan a la población global, hay algunas que son de carácter local debido a que su medio de transmisión es de animal-humano y no animal-humano-humano (Taleghani y Taghipour, 2021) (como en el caso de COVID 19). En esta categoría de transmisión animal-humano, existe el caso de los Hantavirus que generan en la población humana el Síndrome Cardiopulmonar por Hantavirus (SCPH). Esta fue catalogada como enfermedad infecciosa nueva, con un crecimiento sostenido en el tiempo, cuya proyección es exponencial para los próximos decenios (Organización Mundial de la Salud [WHO], 1996) y que en Chile alcanza una tasa de letalidad de entre un 60% y 80% (Instituto de Salud Pública Chile [ISPCH], 2020).

A nivel nacional, particularmente en la región de Aysén, se ha visto especialmente golpeada por esta enfermedad, siendo la región con el mayor número de contagio por Hantavirus (Reyes et al., 2019), a pesar de ser la menos poblada a nivel nacional (Instituto Nacional de Estadísticas [INE], 2019), por lo que salta a la vista la importancia de determinar, por una parte, cuáles son los lugares con mayor riesgo, y por otro, evaluar qué causas, es decir, factores ambientales, geográficos o biológicos son los que controlan la probabilidad de contagio.

A continuación, se conceptualizará el problema, descripción del área de estudio, definiciones conceptuales de la disciplina Geografía de la Salud e implicancias de su estudio para finalmente evaluar los objetivos específicos de este trabajo.

1.2 Planteamiento del Problema

El Síndrome Cardiopulmonar por Hantavirus (SCPH) se genera a través del contagio del virus Hanta, donde quien lo transmite es el vector *Oligoryzomys longicaudatus* (Rodentia, Cricetidae), principal reservorio de la cepa Andes de los Hantavirus existentes a nivel global (J. Ortiz et al., 2004); El vector es un roedor nativo con extensa distribución geográfica en el país, desde la región de Valparaíso hasta Tierra del Fuego, con mayor presencia en zonas de matorral y bosque (Cantoni et al., 2001; Murúa et al., 2003; Sotomayor et al., 2009).

El Hantavirus ha sido estudiado en oportunidad de veces, (ej. Cabello y Cabello, 2008; Murúa et al., 2003; Tian et al., 2018). Por ejemplo, Torres-Pérez et al., (2019) a través de la distribución espacial del vector y su aumento explosivo en la abundancia asociada al florecimiento de Quilas (*Chusquea quila*) en el sur de Chile; se ha evaluado la identificación del virus y los efectos que tiene sobre la población humana contagiada (Castillo H. et al., 2000) y también se han realizado estudios de exposición de diversos roedores al virus y superposición con humanos positivos, donde se ha descubierto que los roedores seropositivos pueden representar una manifestación de circulación de hantavirus en el ecosistema mientras que los casos humanos de SCPH serían una manifestación de acontecimientos de contagios pasados, por lo tanto su similitud de nicho sugiere que el contagio se produce en condiciones ambientales específicas (Astorga et al., 2018)

A pesar de las mejoras en los métodos de diagnóstico y vigilancia en América del Sur, la dinámica de transmisión del hantavirus sigue caracterizada incompletamente (Donalisio y Peterson, 2011), debido a que no se han integrado variables de tipo geográficas como la urbanización, crecimiento urbano, huella humana, variables ambientales del paisaje en general y biodiversidad subyacente, como factores determinantes de la enfermedad. Si bien, todas estas variables podrían ser de suma importancia para la prevalencia, infección y expansión del virus, aún no están evaluadas desde un marco estadístico bayesiano, ya que el estudio que más pudo aproximarse al establecimiento de similitud de nicho fue realizado a través de una metodología de máxima entropía interpretada como un índice de idoneidad en lugar de como una probabilidad (Astorga et al., 2018).

En ese aspecto, considerando que a nivel nacional, las regiones con mayor incidencia de contagio corresponden a Ñuble, Los Ríos y Aysén (Reyes et al., 2019),

se consultó con las diferentes Secretarías Regionales Ministeriales de Salud (SEREMI) del país sobre los antecedentes históricos, donde quien respondió de manera favorable en la accesibilidad de la información fue la región de Aysén, quien especifica que entre 1996 y 2019 se cuenta con el registro de 90 casos hantavirus (Tabla 1), de los cuales 65 casos fueron debidamente georreferenciados (Figura 2). No obstante, estos registros, si bien muestran un patrón sostenido en el tiempo, no son suficientes para estimar las zonas con mayor riesgo de contagio año a año de manera aislada, tanto espacial como estacionalmente, a través de las aproximaciones clásicas usadas a la fecha en Chile, en donde la ponderación de variables que podrían determinar la identificación zonas de riesgo de contagio están asociada más a idoneidad que a un factor probabilístico (Muñoz-Pedreros et al., 2007)

1.3 Objetivos

1.3.1 Objetivo General

Identificar las zonas riesgo de contagio por Hantavirus en la Región de Aysén, Chile.

1.3.2 Objetivos Específicos

- Conocer el patrón espacial y distribución de los casos de Hantavirus en la Región de Aysén
- Identificar las variables espaciales que explican la incidencia de contagio
- Proponer un modelo estadístico predictivo de zonas de contagio por Hantavirus en la Región de Aysén
- Categorizar cartográficamente las zonas de la región con mayor riesgo de contagio por Hantavirus

1.4 Metodología

1.4.1 Definición del Área de Estudio.

Debido a que los objetivos se enfocan a la identificación de las causas de la distribución espacial de los casos de hantavirus y determinación de zonas de riesgo, se decide no realizar el estudio en un área restringida a la presencia de casos, sino que el área de estudio comprenderá toda la Región de Aysén para que así, el análisis no quede sesgado.

1.4.1.1 Extensión y Superficie

La Región de Aysén del General Carlos Ibáñez del Campo, se ubica en el extremo austral de Chile, siendo su capital la ciudad de Coyhaique. Se encuentra entre los 43°38' por el Norte y 49°16' en el Sur, y desde los 71°06' Oeste hasta las aguas

territoriales del Océano Pacífico. Posee una superficie de 108.494,40 km², lo que representa al 14,3% de Chile continental e insular (Biblioteca del Congreso Nacional, 2021). Además, pertenece a la gran macrozona del continente sudamericano denominada Patagonia, compartida por Argentina y Chile (Hepp, 2014).

1.4.1.2 División político-administrativa

La Región de Aysén del General Carlos Ibáñez del Campo posee 4 provincias (Figura 1): Provincia de Coyhaique, Provincia de Aysén, Provincia Capitán Prat y Provincia General Carrera (Instituto Nacional de Estadísticas, 2019), y 10 comunas: Guaitecas, Cisnes, Aysén, Lago Verde, Coyhaique, Río Ibáñez, Chile Chico, Cochrane, Tortel y O'Higgins (Dirección General de Aguas [DGA], 2016).

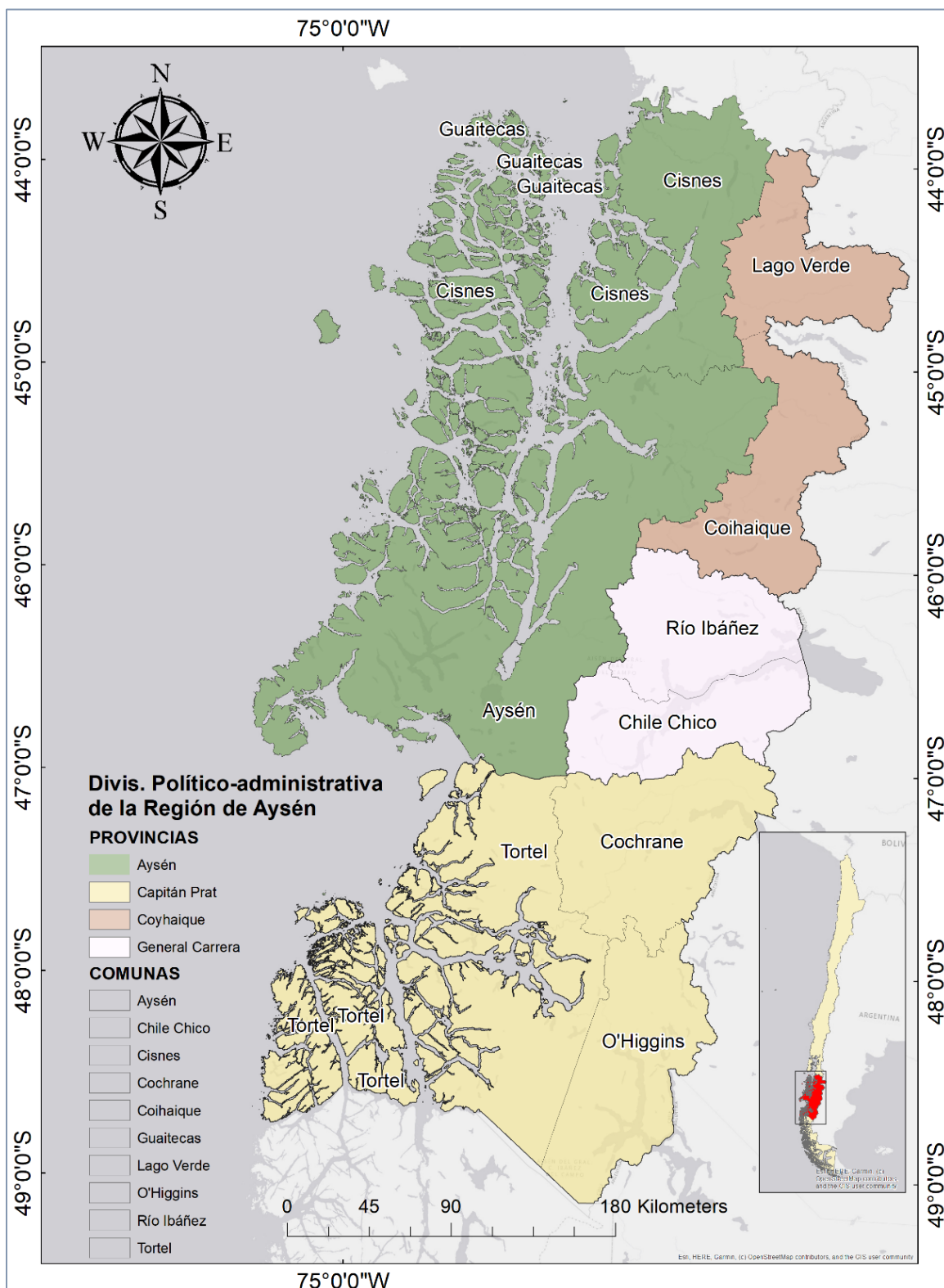
1.4.1.3 Relieve

Esta región posee una conformación geomorfológica producto de la acción combinada de tectónica, volcanismo, acción glaciaria y agentes atmosféricos como precipitaciones nivosas y pluviales, viento y cercanía con el mar. Su clasificación es de 5 fajas longitudinales (DGA, 2016): Cordillera de la Costa (Área de Archipiélagos), Depresión Central (Canal de Moraleda), Cordillera de los Andes Patagónicos (Altas montañas, hielos y glaciares), Cordones Subandinos orientales (Zona de contacto entre cordillera central y estepas) y Relieves Planiformes Orientales (estepas).

1.4.1.4 Clima

Dada su dispersión geográfica, tamaño y orografía, Aysén posee diferentes zonas agroclimáticas con biomas característicos y contrastantes, abarcando desde grandes masas forestales: Bosque Siempreverde en la vertiente occidental de la cordillera de los Andes, Bosque Caducifolio de Lenga en la vertiente oriental y los pastizales de coirón en las llanuras orientales (Hepp K, 2014). El clima está fuertemente influenciado por el frente polar, con características marítimas al occidente del macizo andino y de continuidad en la vertiente oriental. La presencia de grandes lagos configura importantes microclimas, donde los principales son: templado frío lluvioso, trasandino con degeneración esteparia, de estepa fría y de hielo en altura (Gobierno Regional de Aysén, 2021).

Figura 1. División político-administrativa de la Región de Aysén a nivel Provincial y Comunal



Fuente de Información: Censo 2017. Cartografías: Elaboración Propia.

1.4.1.5 Hidrografía

Al poseer una extensa y variada estructura hidrográfica, se subdivide en dos grandes grupos de sistemas hidrográficos (DGA, 2016), el sistema de Litoral, con cursos de corto recorrido que desembocando al mar y el Continente comprendidos por 6 hoya que nacen de la Cordillera de los Andes: Río Palena, Río Cisnes, Río Aysén, Río Baker, Río Bravo y Río Pascua.

1.4.1.6 Población

La población estimada según el último Censo de 2017 en la región de Aysén fue de 103,158 habitantes, con una densidad de población equivalente a 0,95 habitantes por kilómetro cuadrado. De esta población, el 52% equivale a hombres y el 48% a mujeres, con un índice de Masculinidad de 108,4, es decir, hay 108,4 hombres por cada 100 mujeres. El 85% de la población en 2017 se concentra en las comunas de Coyhaique (56%), Aysén (23,2%) y Cisnes (6,3%) (Instituto Nacional de Estadísticas, 2019b). Por otro lado, la población por área urbana-rural, el censo 2017 identificó que un 79,6% de la población reside en áreas urbanas, mientras que un 20,4% vive en zonas rurales.

1.4.1.7 Actividades Económicas

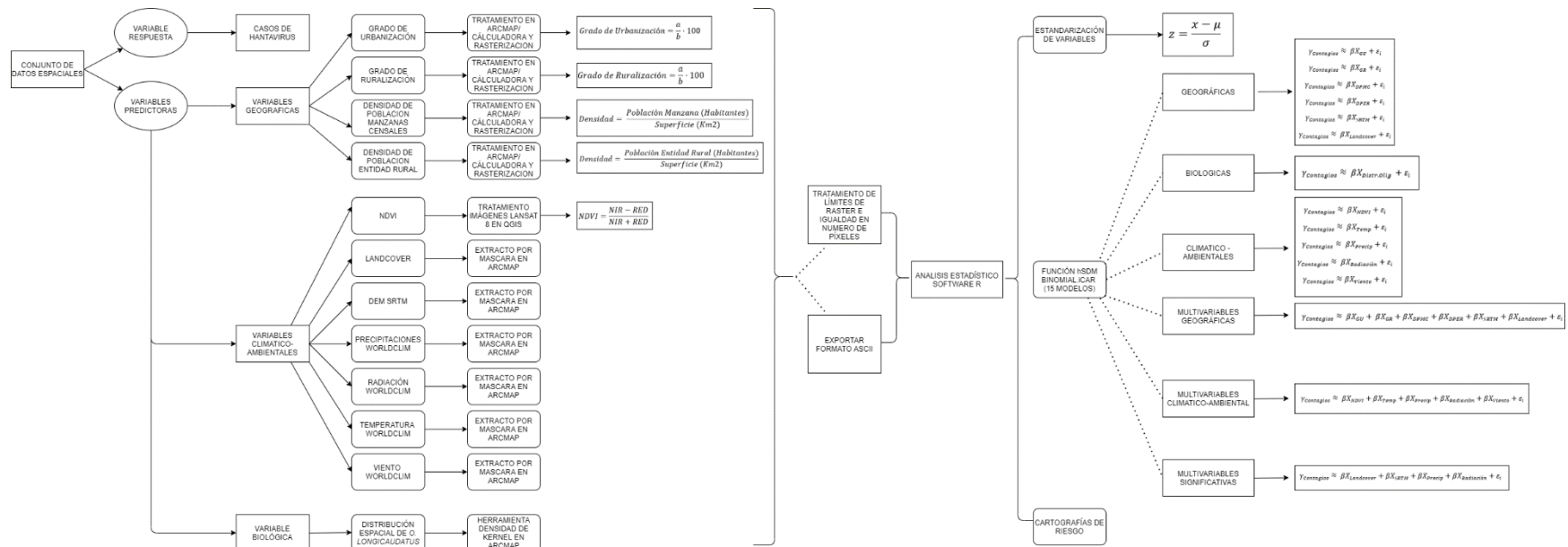
La economía se orienta a actividades primarias de bajo desarrollo y escasa diversificación por el aislamiento geográfico que representa un alto costo en el transporte de carga y de pasajeros. Sin embargo, las potencialidades que posee en Ganadería, Silvicultura, recursos marítimos, turismo e hidroenergéticos y presencia de la carretera austral, hacen factible el desarrollo regional (Gobierno Regional de Aysén, 2021). Por otro lado, el análisis que realiza el INE en relación con la actividad económica en la región genera el índice de actividad económica regional, el cual se subdivide en los ítems de servicios sociales, personales y comunales, transporte, información y comunicaciones, comercio, restaurantes y hoteles, servicios de vivienda, electricidad, agua y gas, servicios financieros, silvoagropecuario, minería, industria manufacturera, construcción y pesca.

En este aspecto, en el último boletín informativo del INE (2019a) destacan incidencias positivas en servicios sociales, personales y comunales; transporte, información y comunicaciones; y comercio, restaurantes y hoteles, mientras que las incidencias negativas fueron identificadas en los servicios financieros y empresariales; y sector silvoagropecuario

1.4.2 Diagrama Metodológico

Una forma de poder expresar de manera ordenada la metodología de trabajo, es a través de diagramas de flujos. En la Figura 2 se muestra la forma en que fueron trabajados los datos a los cuales se tuvo acceso para realizar la investigación.

Figura 2. Diagrama metodológico de tratamiento de datos en Gis y R – Project.



Fuente: Elaboración Propia

1.4.2.1 Conjunto de datos espaciales

Se recopiló una base de datos espacial comprendida por la variable respuesta (casos de hantavirus reportados), y un set de variables que se espera puedan explicar y predecir la incidencia del virus en las distintas áreas geográficas en donde no han sido identificados contagios. La selección fue realizada según lo orientado por estudios referentes al comportamiento de transmisión del virus, su ecología y condiciones de la población que pudiese ser contagiada (Astorga et al., 2018; Tian et al., 2018). Estas fueron grado de urbanización, densidad de población (rural y urbana). Cobertura de suelo (Landcover), índice normalizado de vegetación (ndvi), altimetría a través de un modelo digital de elevación (DEM), presencia del vector *O. longicaudatus* y variables climáticas como precipitación, radiación solar, temperatura y viento.

En este trabajo no se consideró la variable distribución de cañas de coligue quila debido a que, si bien en el estudio de Castillo *et al.*, (2000) se especificó la relación de ratadas con el florecimiento de *Chusquea quila*, el estudio de Guichón et al., (2014) indicó que el florecimiento de otros tipos de caña de coligue, como la *Chusquea culeou*, no generó ratadas en el último florecimiento de esta, a pesar de existir una extraordinaria oferta de alimentos para el roedor vector de hantavirus. Por otro lado, otra razón por la cual no se consideró esta variable es porque su presencia es muy baja, casi nula, en la región de Aysén según lo datado en la guía de campo de plantas trepadoras, epífitas y parásitas nativas de Chile (Marticorena et al., 2010). Por otro lado, a pesar de no tener la capa a nivel espacial para conocer la distribución potencial de la especie, el trabajo de Brignone y Guerreiro, (2016) indicaron que podría realizarse una modelación de la distribución potencial de esta especie, pero podría generarse una sobrepredicción de la especie con la metodología de máxima entropía que ofrece el *software* Maxent.

Debido a que las variables predictoras se encontraban en distintos formatos (vectorial y raster) y los requerimientos de análisis en el *software* estadístico necesitaban que estas estuviesen en formato ASCII para generar la matriz de datos, todas las variables fueron estandarizadas y transformadas a formato raster con una resolución de 200 x 200 metros, en una proyección UTM-WGS84, 18S y finalmente transformada a formato ASCII. Esta primera etapa fue realizada en el *Software* ArcMap. Si bien esta resolución de detalle es muy grande cuando se trabajan áreas pequeñas, se entiende que fue óptima para el área de estudio, además que permitió realizar las regresiones en el *software* estadístico ya que, probando con un grano más pequeño, la capacidad computacional era insuficiente.

1.4.2.2 Variable Respuesta

1.4.2.2.1 Casos reportados de Hanta Virus.

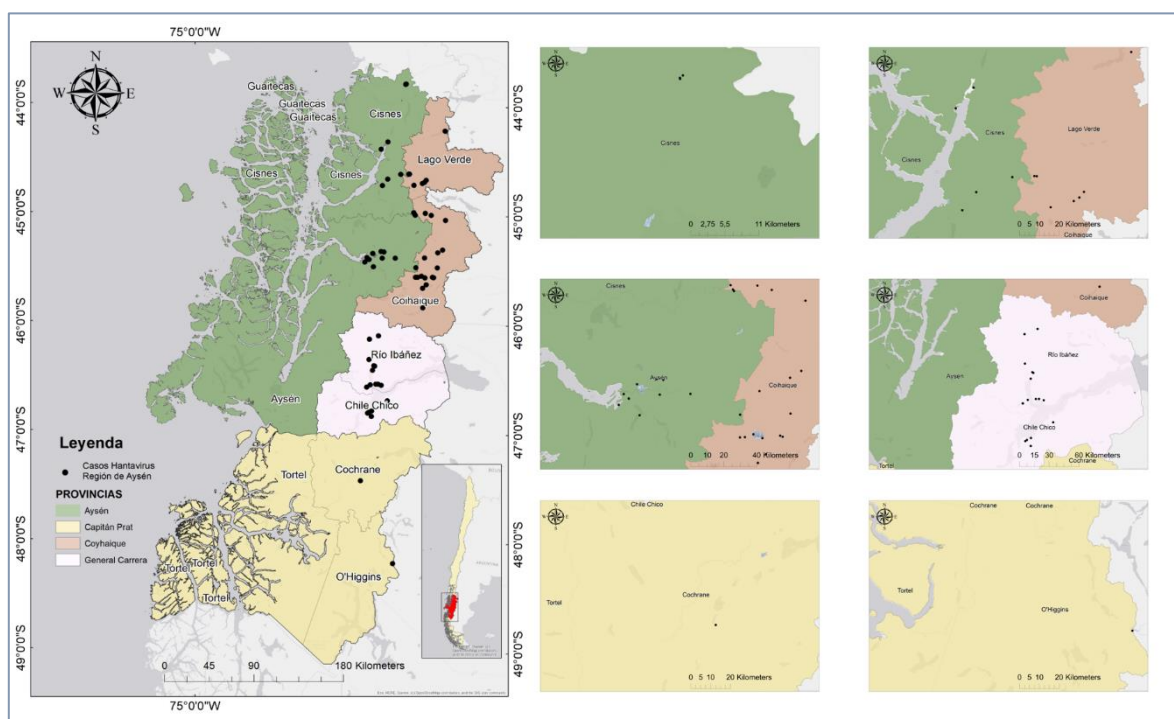
Los puntos geolocalizados (Figura 3) de casos de Hantavirus para la región fueron proporcionados por la Secretaría Ministerial de Salud de la Región de Aysén a través del portal de la transparencia. Los puntos de contagio debidamente georreferenciados correspondieron a 67 de un total de 90, es decir un 74% de la base de datos proporcionada por la SEREMI de Salud (Tabla1).

Tabla 1. Resumen Casos de Enfermedad por Hantavirus 1996 – 2019, Región de Aysén

Año	N Casos	Hombre	%	Mujer	%	Fallecidos	Tasa de Letalidad
1996	1	1	100	0	0	1	100
1997	14	12	85,7	2	14,3	7	50
1998	11	8	72,7	3	27,3	3	27,3
1999	0	0	0	0	0	0	0
2000	0	0	0	0	0	0	0
2001	2	2	100	0	0	1	50
2002	4	4	100	0	0	2	50
2003	0	0	0	1	100	0	0
2004	9	6	66,7	3	33,3	0	0
2005	4	4	100	0	0	1	25
2006	1	1	100	0	0	0	0
2007	1	1	100	0	0	0	0
2008	4	4	100	0	0	0	0
2009	1	1	33,3	2	66,7	1	33,3
2010	2	2	66,7	1	33,3	1	33,3
2011	6	6	50	6	50	3	25
2012	0	0	0	0	0	0	0
2013	2	2	100	0	0	1	50
2014	4	4	100	0	0	1	25
2015	4	4	100	0	0	2	50
2016	2	2	40	3	60	1	20
2017	2	2	100	0	0	1	50
2018	1	1	50	1	50	2	100
2019	1	1	100	0	0	0	0
TOTAL	90	68	75,6	22	24,4	28	31,1

Fuente: Unidad de Vigilancia Epidemiológica, Dpto. de salud pública y Planificación Sanitaria.
(Secretaría Regional Ministerial de Salud, 2019)

Figura 3. Distribución Espacial de casos de Hantavirus en la Región de Aysén



Fuente de Información: Secretaría Regional Ministerial de Salud (2019). Cartografías: Elaboración Propia.

1.4.2.3 Variables Predictoras

1.4.2.3.1 Variables Geográficas

Debido a que la información disponible de datos censales por parte del Instituto Nacional de estadística se encuentra subdivididos a nivel de manzana en el área urbana y entidad en las zonas rurales, y en lo que relativo al área de estudio que comprende localización de casos en zonas rurales, es que se decidió generar 4 índices para ser integrados en el análisis de variables:

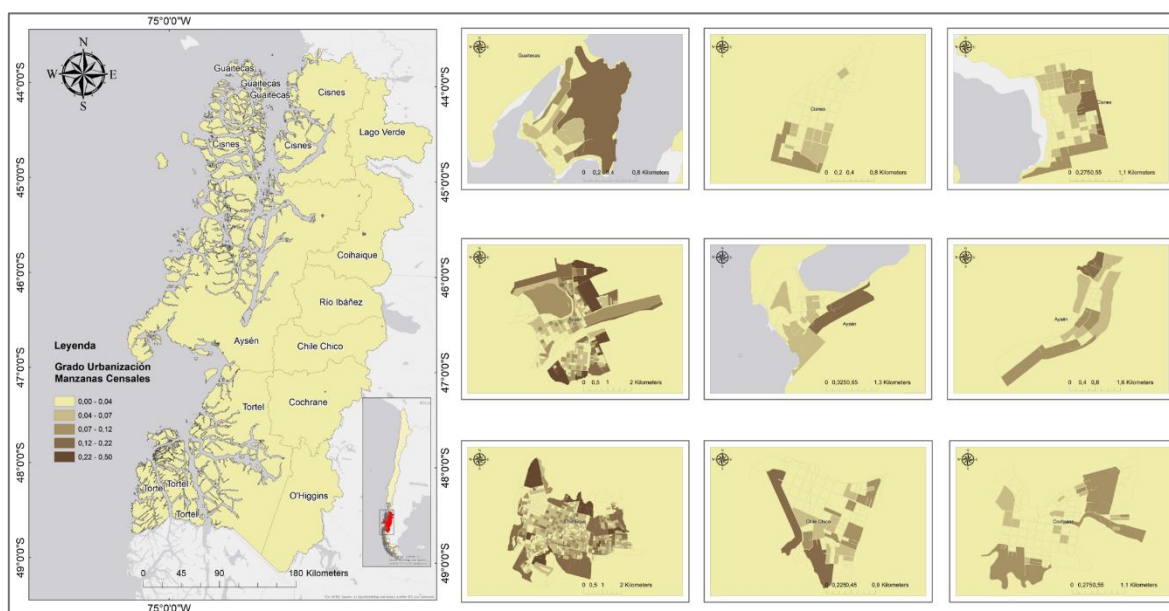
1.4.2.3.1.1 Grado de Urbanización (GU)

El Grado de Urbanización (Figura 4) fue obtenido bajo la definición de la CEPAL: porcentaje de población que reside en áreas urbanas respecto a la población total (CEPAL, 2009). Para ello se utilizaron los datos del Censo de 2017 extraídos desde el Instituto Nacional de Estadística (INE, 2017), a través de la fórmula:

$$\text{Grado de Urbanización} = \frac{a}{b} \cdot 100$$

Donde a es la población urbana en las manzanas censales de la Región de Aysén y b es la población total de la Región de Aysén (103.158 personas).

Figura 4. Grado de Urbanización a nivel Manzanas Censales en la Región de Aysén



Fuente de Información: Censo, 2017. Cartografías: Elaboración Propia

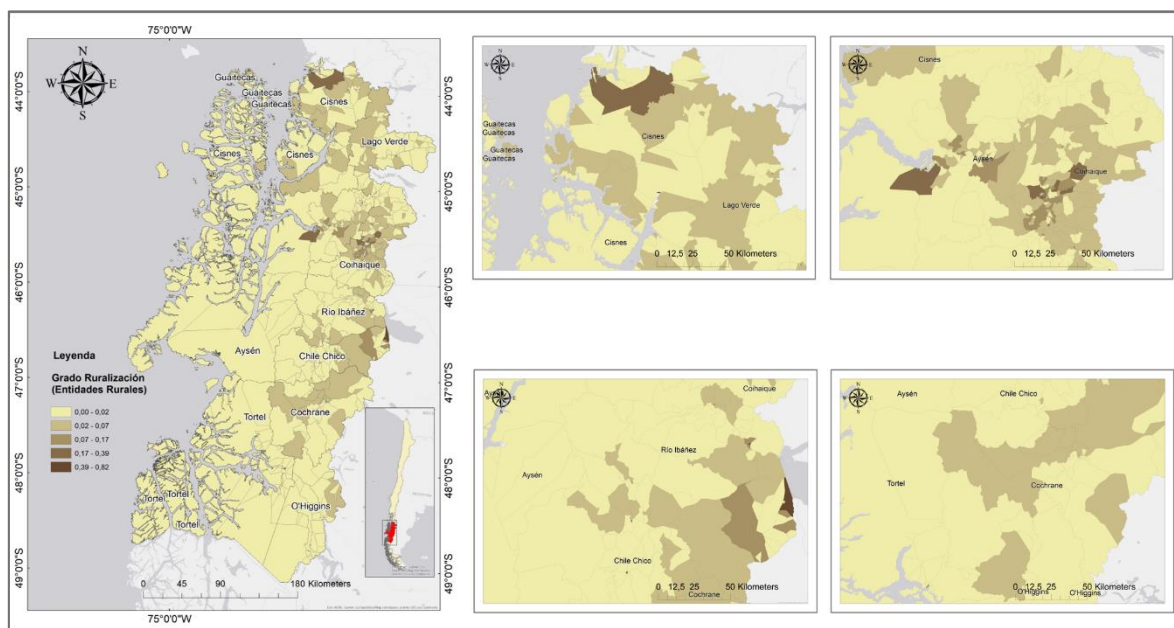
1.4.2.3.1.2 Grado de Ruralización (GR)

Si bien no existe un índice que especifique grado de ruralización, se decide crearlo en base a la misma fórmula de grado de urbanización, pero con los datos de población en las entidades rurales.

$$\text{Grado de Ruralización} = \frac{a}{b} \cdot 100$$

Donde a es la población rural en las entidades rurales censales de la Región de Aysén y b es la población total de la Región de Aysén (103.158 personas).

Figura 5. Grado de Ruralización a nivel Manzanas Censales en la Región de Aysén



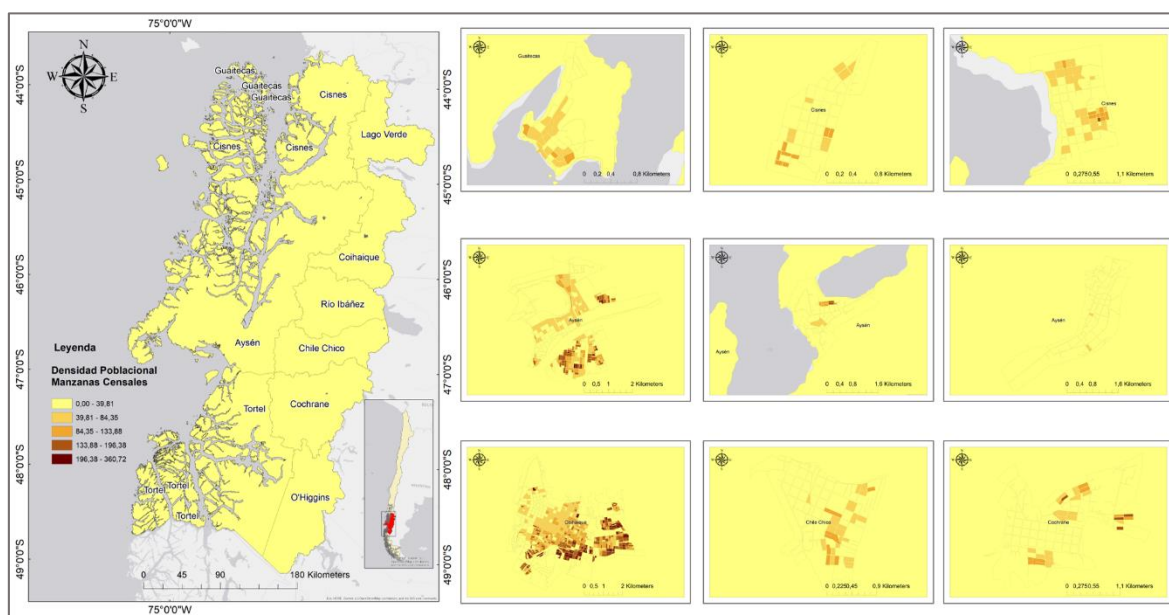
Fuente de Información: Censo, 2017. Cartografías: Elaboración Propia.

1.4.2.3.1.3 Densidad poblacional por manzanas censales (DPMC)

Se realizó el cálculo de densidad de población con datos generados por el Instituto Nacional de Estadísticas a través del Censo año 2017 para la región de Aysén. Es un indicador que permite saber cuánta población habita una zona territorial (INE, 2020). En este caso, la información que se utilizó para el cálculo del índice corresponde al nivel de manzana censal de la región de Aysén, de la forma:

$$Densidad = \frac{Población\ Manzana\ (Habitantes)}{Superficie\ (Km^2)}$$

Figura 6. Densidad de población de Manzanas Censales en la Región de Aysén



Fuente de Información: Censo, 2017. Cartografías: Elaboración Propia.

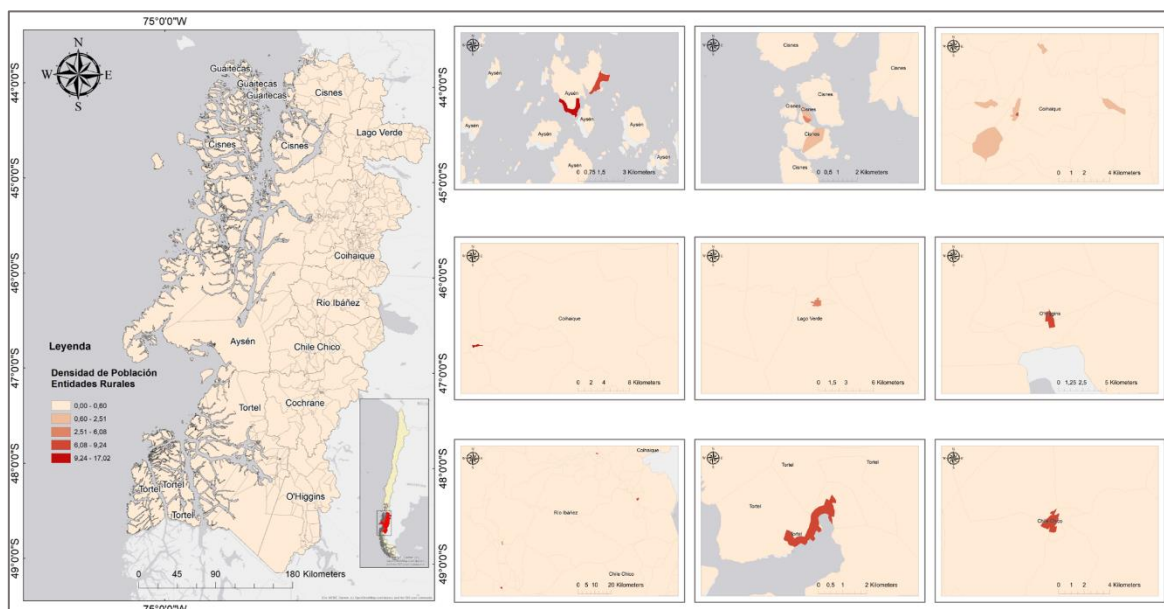
1.4.5.1.4 Densidad de población por entidad rural (DPER).

Se realizó el mismo procedimiento de cálculo de densidad de población que en el índice anterior, pero los datos utilizados correspondieron a los otorgados en el nivel de entidad rural, de la forma:

$$Densidad = \frac{Población\ Entidad\ Rural\ (Habitantes)}{Superficie\ (ha)}$$

A diferencia con la densidad de población en las zonas urbanas que ocupa la superficie en km², en la entidad rural se decide utilizar la hectárea como unidad de superficie. Esto es principalmente para que pueda ser observado de manera gráfica en la cartografía las áreas con mayor densidad ya que, al ser zonas con grandes superficies en comparación a las zonas urbanas, los valores eran muy bajos. Este procedimiento está de acuerdo con las estadísticas del instituto nacional de estadísticas que también muestra la densidad de las entidades rurales en hectáreas y no en km².

Figura 7. *Densidad de población de Entidades Rurales*



Fuente de Información: Censo 2017. Cartografías: Elaboración Propia.

1.4.2.3.2 Variables Climática-Ambientales.

1.4.2.3.2.1 Índice de vegetación de diferencia normalizada NDVI:

El NDVI (Figura 8A) fue calculado como un promedio de las imágenes LANDSAT 7 TOA *Percentile Composite* 1999-2014, resolución 30x30 metros descargadas de la plataforma Google Engine Explorer (USGS & Google, 2020). El cálculo se realizó a través del *software* QGIS 3.10.6., utilizando la fórmula en calculadora Raster:

$$NDVI = \frac{NIR - RED}{NIR + RED}$$

Donde NIR es el infrarrojo cercano, mientras que RED es la banda roja. El índice fluctúa entre los valores de -1 y 1, siendo los valores más bajos en áreas rocosas, arenosas o nevadas, mientras que valores entre 0.2 a 0.3 generalmente corresponden a áreas con alguna vegetación natural (Muñoz, 2013).

1.4.2.3.2.2 Landcover:

La cobertura de suelo (Landcover) fue obtenida a con la herramienta Extract by Mask perteneciente al *software* de ArcMap 10.5, utilizando la propuesta del (Hernández et al., 2016), de coberturas de suelo para Chile, que la define como a

las coberturas biológicas o físicas presentes sobre la superficie de la Tierra, por ejemplo, vegetación arbórea, arbustiva o herbácea (Figura 8B).

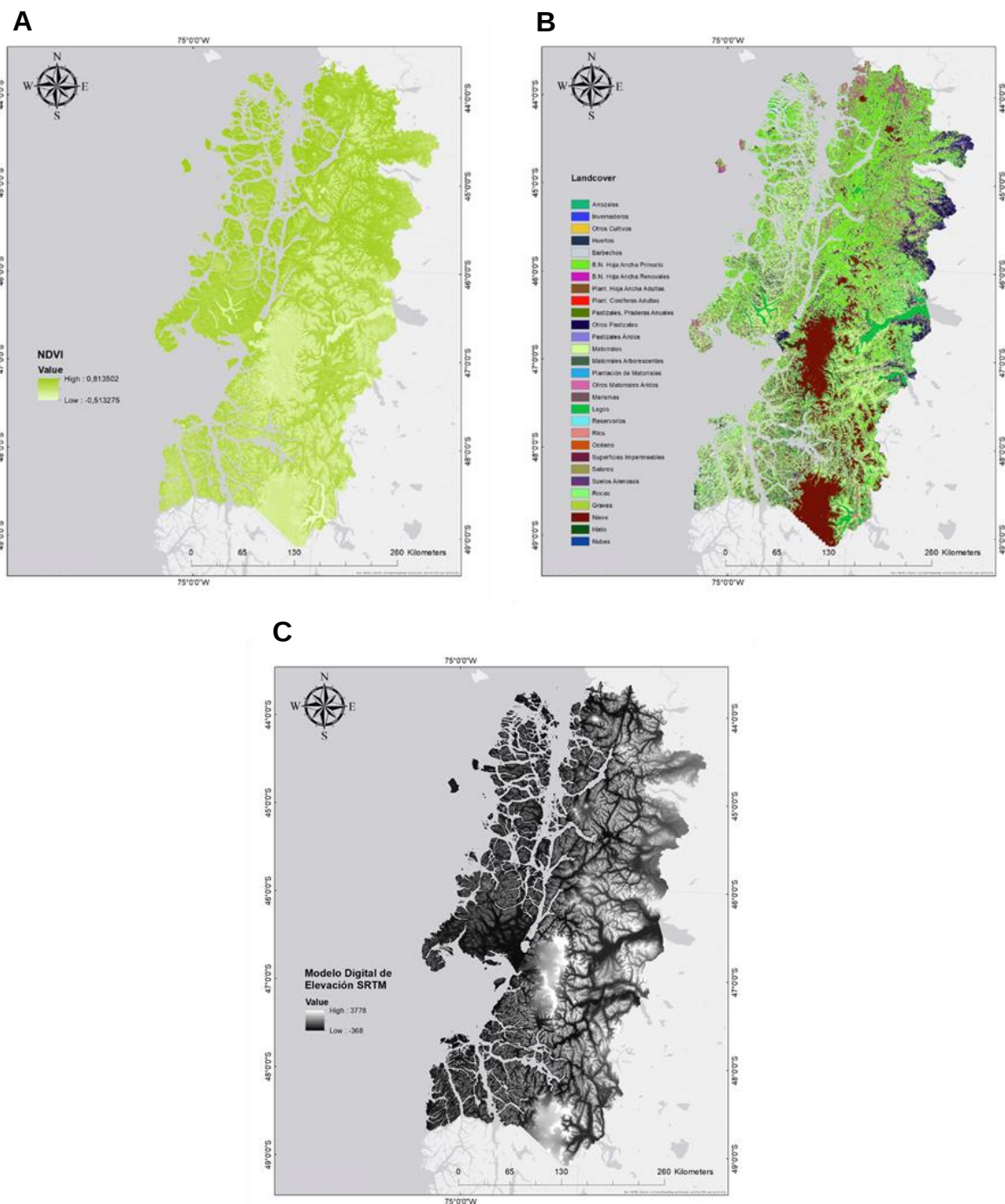
1.4.2.3.2.3 Misión Topográfica Radar Shuttle (SRTM).

Como proxy de altura, se utilizó la topografía de la región a través de los datos del SRTM (Farr et al., 2007). Los datos SRTM son un modelo digital de elevación que explica las características del relieve a una resolución de 30x30 metros (Figura 8C). Los modelos digitales de elevación (MDE), son productos geomáticos manejados por *softwares* específicos, que permiten modelar y analizar la superficie topográfica mediante la proporción del dato altimétrico de las superficies terrestres (Mingorance, 2019). Para acción del estudio, esta fue cortada con la base límite regional de Aysén mediante una máscara a través del *software* Arcmap 10.5.1.

1.4.2.3.2.4 Precipitación, Radiación, Temperatura y Viento.

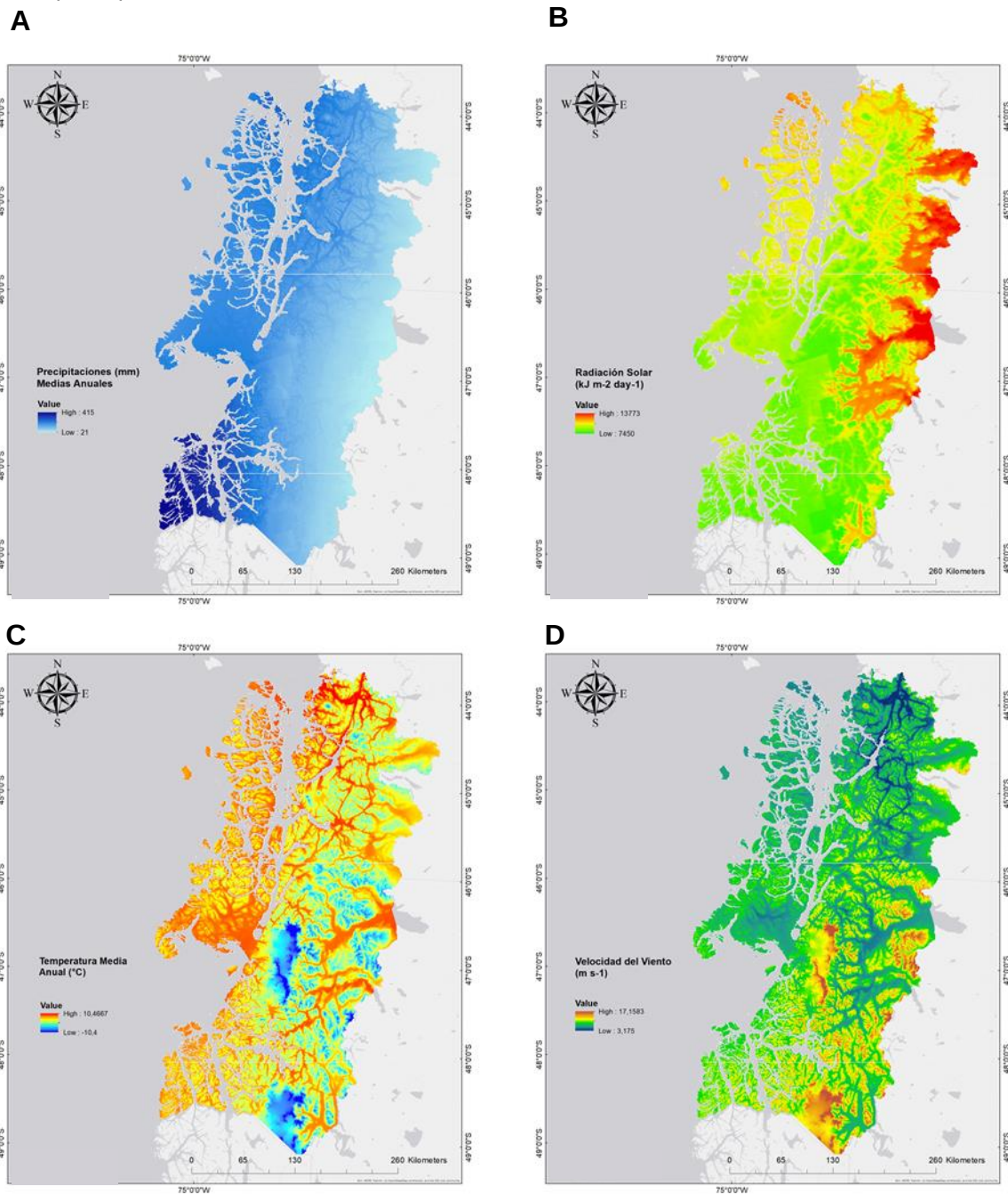
Las variables de Precipitación (Figura 9A), Radiación Solar (Figura 9B), Temperatura (Figura 9C) y Velocidad del Viento (Figura 9D), corresponde a las medias mensuales entre los años 1970 a 2000 pertenecientes a Worldclim (Fick & Hijmans, 2017), con una resolución espacial de 1000x1000 metros. Estas medias fueron obtenidas a través de la Herramienta Calculadora Ráster del *software* ArcMap 10.5.1

Figura 8. Cartografía del área de estudio, con las variables Ambientales: A) NDVI, B) Landcover (coberturas de suelo) y C) Modelo Digital de Elevación SRTM.



Fuente de Información: NDVI: (USGS & Google, 2020), Landcover: (Hernández et al., 2016), SRTM: (Farr et al., 2007). Cartografías: Elaboración Propia

Figura 9. Cartografía del área de estudio con las variables climáticas: A) Precipitaciones Medias (mm), B) Radiación Solar Media ($\text{kJ m}^{-2} \text{ day}^{-1}$), C) Temperaturas medias ($^{\circ}\text{C}$) y D) Velocidad del Viento (m s^{-1}).



Fuente de Información: WorldClim 2.0 (Fick & Hijmans, 2017). Cartografías: Elaboración Propia.

1.4.2.3.3 Variable *Biológica*

Existe evidencia de que el SCPH es provocada por un virus del género Hantavirus (Bunyaviridae), el cual a nivel nacional tiene como huésped a roedores de la familia Muridae, subfamilia Sigmodontinae (J. Ortiz et al., 2004). Pavletic, (2000) especifica en su estudio “Hantavirus: su distribución geográfica entre los roedores silvestres de Chile” que a pesar de haber encontrado seropositividad en las especies *Abrothrix olivaceus* y *Abrothrix longipidis*, el principal reservorio es el *O. longicaudatus*, el cual pudo haber infectado de manera transitoria a las otras especies identificadas. Posteriormente, Torres, et al., (2019) lograron identificar en su estudio “A 19 Year Analysis of Small Mammals Associated with Human Hantavirus Cases in Chile” que el *O. longicaudatus* tenía una probabilidad del 80% de ser seropositivo al virus

En ese aspecto, se conoce la distribución espacial del Roedor *O. longicaudatus*, pero no fue posible encontrar un recurso que expresara la abundancia de este en las diferentes zonas geográficas del país, por lo cual se procedió a generar la estimación de densidad según muestreos de observaciones realizadas por usuarios en GBIF.

1.4.2.3.3.1 Densidad de Kernel de *O. longicaudatus*

La herramienta Densidad de Kernel funciona a través del cálculo de la densidad de las entidades en la vecindad de esas entidades; ajusta una superficie curva uniforme sobre cada punto. El valor de la superficie es más alto en la ubicación del punto y disminuye a medida que aumenta la distancia desde el punto, alcanzando cero en la distancia Radio de búsqueda desde el punto (ESRI, 2021)

Debido a que GBIF posee datos de presencia de especies registradas por usuarios, se decidió generar un mapa de densidades de presencias del roedor *O. longicaudatus* a través de la herramienta Kernel Density. Para ello, se realizó un conteo por medio de la herramienta *summarize* para conocer las coordenadas en las que existía más de un registro. Luego, se generó una columna en la base de datos con la entrada población para finalmente hacer el cálculo de densidad:

Tabla 2 Extracto de forma en que fue seteado las muestras de presencia de *O. longicaudatus* antes del cálculo de densidad de Kernel

Id	X	Y	Población
1	736167,44	4868048,20	13
1	672111,54	4883535,72	38
1	719760,18	4886201,76	7
1	746747,37	4953312,41	3
1	711490,16	4935693,94	8

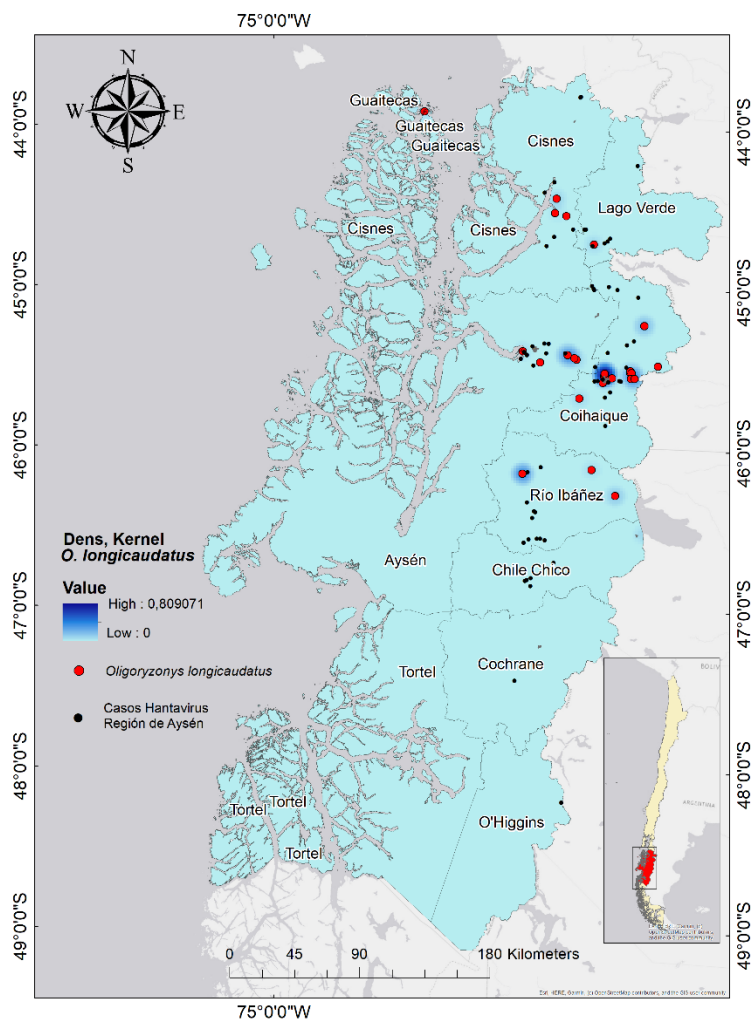
Fuente de Información: GBIF.org, 2021.

Tabla 3. (Continuación). Extracto de forma en que fue seteado las muestras de presencia de *O. longicaudatus* antes del cálculo de densidad de Kernel

Id	X	Y	Población
1	721479,12	5042454,91	8
1	709526,90	4962453,35	8
1	746791,14	4954423,35	7
1	747528,20	4953281,60	5
1	695699,34	5074090,43	9
1	708000,07	4963616,27	1
1	727684,89	4946455,06	2
1	728507,95	4951136,21	3

Fuente de Información: GBIF.org, 2021.

Figura 10. Densidad de Kernel del Roedor *O. longicaudatus*



Fuente de Información: GBIF.org, 2021. Cartografías: Elaboración Propia

1.4.2.4 Análisis estadístico

Una vez preparada la información del conjunto de datos espaciales: variables predictoras y variables respuestas en el software GIS, estas tuvieron un segundo tratamiento de estandarización de variables.

1.4.2.4.1 Tratamiento de las variables predictoras.

Para evitar la interferencia de las diferentes escalas a la que se encontraban las variables predictoras (ejemplo ndvi -1 a 1; densidad de kernel 0 y 1, temperatura en °C, precipitaciones mm., etc), estas fueron estandarizadas a través de la media y su desviación estándar (Boslaugh, 2012) en R. Es muy importante realizar esta estandarización debido a que es un método que permite obtener estimaciones de las tasas, eliminando el efecto de las variables de confusión (las cuales pueden distorsionar la intensidad de los fenómenos de estudios), utilizando las tasas específicas de cada uno de los estratos en que se dividen estas variables (Abellana y Ascaso, 2004). El *software* tiene incorporada la función de estandarización mediante la siguiente fórmula:

$$z = \frac{x - \mu}{\sigma}$$

Donde x es la media, μ es el valor de la muestra y σ corresponde a la desviación estándar.

1.4.2.4.2 Modelo Bayesiano jerárquico Espacialmente Explicito.

Para cumplir los objetivos de investigación, se decide utilizar modelos explícitos, tomando en cuenta la autocorrelación espacial, el cual es un procedimiento intrínsecamente geográfico que explica el comportamiento de la información georreferenciada en las unidades vecinas, permitiendo estudiar cómo y por qué un fenómeno se irradia a través de las unidades espaciales (Celemin, 2009). La autocorrelación espacial implica que una región está condicionada por el riesgo de las regiones vecinas, por lo tanto estas regiones tenderán a presentar riesgos similares (Abellana y Ascaso, 2004).

Así mismo, para evitar la sobredispersión de los datos de conteo (Córdoba et al., 2015), se optó por modelos en base a inferencia bayesiana, en donde la estimación de los parámetros se realiza a través de la distribución posteriori, obtenida de la combinación de la información de la muestra recogida en la función de verosimilitud (Abellana y Ascaso, 2004).

Para determinar las zonas con mayor riesgo de contagio, se utilizó el paquete “hSDM” en R, el cual consiste en estimar parámetros de modelos de regresión logística jerárquicos bayesianas. Si bien el origen de estos modelos fue para

responder a la modelación de distribuciones de especies cuando existe un bajo número de muestreo, se considera pertinente utilizarlo en la modelación de zonas de riesgo de enfermedades ya que permiten interpretar las observaciones (ocurrencias y abundancia) a través de varios procesos binomiales jerárquicos, incluyendo procesos ecológicos (idoneidad del hábitat, dependencia y perturbación antropogénica) y procesos de observación (detectabilidad) (Vieilledent et al., 2019).

La función que se utiliza es “hSDM.binomial.iCAR” el cual estima el parámetro beta de un modelo de regresión bayesiana, incluyendo un proceso de correlación espacial, el cual se modela utilizando un modelo CAR intrínseco. La inferencia de parámetros se realiza mediante un muestreador de Gibbs que incluye un algoritmo de metrópolis (Vieilledent et al., 2019). El muestreador Gibbs es un proceso cadena de Markov vía Monte Carlo (mcmc) (Ortiz, 2014)

1.4.2.4.3 Modelos MCMC

Los modelos fueron generados de la forma:

$$\gamma \approx \beta X_{geo} + \beta X_{bio} + \beta X_{clim_amb} + \varepsilon_i, \text{ donde}$$

γ es la variable respuesta, β es el coeficiente de regresión, X_{geo} son las variables geográficas (GU+GR+DPMC+DPER+SRTM+LANDCOVER), X_{bio} es la distribución del *O. longicaudatus*; X_{amb_clim} corresponden al NDVI y precipitaciones, temperaturas, viento y radiación. Para alcanzar la convergencia de los modelos, estos fueron corridos a 20.000 iteraciones quemando los 1.000 primeros muestreos y muestreando cada 10.

Se realizaron en total quince modelos como se especifica en la tabla 3, uno para cada variable predictoras por separado, seguido de modelo multivariado para cada tipo de variable: geográficas, climático-ambientales y biológica. Además de un modelo que considera todas las variables predictoras y finalmente, uno que considera sólo aquellas que fueron significativas para las regresiones por separado.

Tabla 4. Resumen de modelos aplicados en paquete “hSDM” en R (Vieilledent et al., 2019)

Variablen	Fórmula
Geográficas	$\gamma_{Contagios} \approx \beta X_{GU} + \varepsilon_i$
	$\gamma_{Contagios} \approx \beta X_{GR} + \varepsilon_i$
	$\gamma_{Contagios} \approx \beta X_{DPMC} + \varepsilon_i$
	$\gamma_{Contagios} \approx \beta X_{DPER} + \varepsilon_i$
	$\gamma_{Contagios} \approx \beta X_{SRTM} + \varepsilon_i$
	$\gamma_{Contagios} \approx \beta X_{Landcover} + \varepsilon_i$
Biológicas	$\gamma_{Contagios} \approx \beta X_{Distr.Olig} + \varepsilon_i$
Climático Ambientales	$\gamma_{Contagios} \approx \beta X_{NDVI} + \varepsilon_i$
	$\gamma_{Contagios} \approx \beta X_{Temp} + \varepsilon_i$
	$\gamma_{Contagios} \approx \beta X_{Precip} + \varepsilon_i$
	$\gamma_{Contagios} \approx \beta X_{Radiación} + \varepsilon_i$
	$\gamma_{Contagios} \approx \beta X_{Viento} + \varepsilon_i$
Multivariado Geográficas	$\gamma_{Contagios} \approx \beta X_{GU} + \beta X_{GR} + \beta X_{DPMC} + \beta X_{DPER} + \beta X_{SRTM} + \beta X_{Landcover} + \varepsilon_i$
Multivariado climático-ambiental	$\gamma_{Contagios} \approx \beta X_{NDVI} + \beta X_{Temp} + \beta X_{Precip} + \beta X_{Radiación} + \beta X_{Viento} + \varepsilon_i$
Multivariado significativas	$\gamma_{Contagios} \approx \beta X_{Landcover} + \beta X_{SRTM} + \beta X_{Precip} + \beta X_{Radiación} + \varepsilon_i$

Fuente: Elaboración Propia

1.4.2.4.4 Construcción de mapas de riesgo de contagio.

Para la construcción de los mapas de riesgo de contagio por Hanta virus, se utilizó el parámetro Theta predicho del resultado de los modelos de regresión binomial. Para ello, cada reporte fue transformado a raster utilizando el paquete “raster” en R, junto con la coordenada previamente obtenida (Script disponible en Anexo I). Debido a que la evaluación de las métricas de los modelos y la calidad de los mapas obtenidos pueden no ser congruentes (Domisch et al., 2013), aquellos que presentaron variabilidad de Theta igual a cero fueron omitidos. Para finalizar con los aspectos de gráfica, se trabajaron los resultados en ArcMap 10.5 para generar las cartografías concluyentes.

CAPÍTULO 2. MARCO TEÓRICO Y CONCEPTUAL

2.1 Conceptos de Geografía y Salud

Geografía ha sido definida como la ciencia del lugar y el espacio, y analiza las relaciones entre el hombre y el medio natural que ha sido eventualmente, modificado por la acción humana (Capel, 1973). La geografía se ha dedicado a responder interrogantes asociadas al reconocimiento espacial de los elementos, porque se encuentran ahí y cuál es la diferencia con otros y como es que interactúan con la población y el medio (Mayhew, 2009). De esta forma, la geografía une las ciencias naturales con las humanas, buscando establecer que fenómenos son relevantes para la sociedad en un lugar definido, junto con los fenómenos espaciales subyacentes que surgen de la interacción sociedad-naturaleza (Sociedad Chilena de Ciencias Geográficas, 2016).

Durante los últimos decenios, la geografía se ha ido enriqueciendo de nuevas bases conceptuales y metodológicas más adecuadas y coherentes con el paradigma científico y social actual (García y Muguruza, 1988). De esta forma, ha dejado de lado la comprensión de los elementos aislados, dando paso a la combinación fenómenos o procesos sociales de igual o distinta naturaleza en la esfera material, social y mental del espacio (Sociedad Chilena de Ciencias Geográficas, 2016). Es así como ha incorporado enfoques cuantitativos, a través del análisis de correlaciones y regresiones que permiten describir y expresar los resultados de forma más precisa y con una base estadística sólida (Dollfus, 1976; Estebanez, 1987).

Así mismo, el análisis espacial a través de las representaciones cartográficas, permiten conocer y situar los fenómenos que ocurren en la superficie, esquematizando los componentes del espacio, analizando las distribuciones y la racionalización de asociaciones espaciales puntuales que ocurren en el territorio, permitiendo finalmente, predecir futuros escenarios (Buzai, 2011; Dollfus, 1976; Gatrell y Elliott, 2015).

2.1.1 Conceptos Geográficos

2.1.1.1 Localización, escala espacial y cartográfica.

La localización es un punto fijo o área geográfica en la superficie de la tierra, el cual puede ser señalado a través de coordenadas de ubicación o coordenadas terrestres (Gatrell y Elliott, 2015). En Geografía, la localización como concepto, es el primer paso exploratorio antes de cualquier análisis ya que, por un lado, caracteriza y

define un lugar específico en el planeta, para luego analizar las dependencias con otros lugares (Buzai, 2011; Dollfus, 1976).

Por otra parte, la Escala, es entendida como la base técnica y metodológica de la cartografía, permitiendo analizar y representar los espacios (Silveira, 2004). Tiene un impacto incuantificable ya que al transformar su dimensión, los fenómenos no solo cambian de magnitud, sino también de naturaleza (Dollfus, 1976). Esto implica que elección de una escala es obligatoria, ya que su amplitud dependerá la cantidad de datos que puedan ser graficados (dibujados) o extraídos (Dollfus, 1976; Sousa-Santos, 1991). Mientras que la escala cartográfica permite dibujar, crear límites y establecer modelos de un espacio idealizado (Silveira, 2004), la escala temporal establece el período de tiempo donde el fenómeno será evaluado (Silveira, 2004; Sousa-Santos, 1991).

2.1.2 Conceptos de Salud

El concepto de salud puede ser definido como la disponibilidad de recursos, tanto personales como sociales, que nos ayudan a alcanzar nuestro potencial individual (Gatrell y Elliott, 2015), siendo además un derecho fundamental de todo ser humano, sin distinción de raza, religión, ideología o condición económica o social al estado completo de bienestar físico, mental y social (Organización Mundial de la Salud, 2014). En el proceso salud-enfermedad, Moreno (2008) indica que una persona tiene salud en diferentes grados, variando desde una condición excelente, medianamente bien, con algún malestar o definitivamente mal. Detrás de las diversas condiciones de salud, está el riesgo de alterar esta gradualidad (Moreno, 2008).

Como la situación de salud posee características dinámicas entre sociedades, en temporalidades distintas o dentro de una misma sociedad, no puede ser considerada de manera universal, por lo que su eficacia y eficiencia está fuertemente afectada por su adecuación a situaciones de salud de las sociedades y grupos sociales (Castellanos, 1997). Es un fenómeno multidimensional y multicausal que trasciende las competencias médicas, relacionándose además con la biología, psicología, economía y política, entre otros, por lo que pasa a ser individual y colectivo al unísono (Moreno, 2008).

En ese aspecto, la promoción de la salud consiste en proporcionar a la población los medios necesarios para mejorar su salud y ejercer un mayor control sobre la misma. Para alcanzar un estado adecuado de bienestar físico, mental y social un individuo o grupo debe ser capaz de identificar y realizar sus aspiraciones, satisfacer sus necesidades y de cambiar o adaptarse al medio ambiente. La salud se percibe

no como el objetivo, sino como la fuente de riqueza de la vida cotidiana (Organización Mundial de la salud et al., 1986).

2.2 Geografía de la Salud y Zoonosis.

La Geografía de la Salud (o Geografía Médica) se define como la rama de la geografía humana que estudia la distribución de las enfermedades y las características humanas, con las particularidades geográficas y topográficas de las regiones (Mayhew, 2009), ocupándose de dos preguntas: dónde y cuándo tienden a ocurrir las enfermedades y por qué existen tales patrones (Beale, 2015a). Posee una estrecha relación con la cartografía de enfermedades permitiendo comprender y predecir el riesgo de contagio basado en el recuento de casos observados dentro de un área de estudio (Vranckx et al., 2019), evaluando cómo el entorno físico y social dan forma a la salud y bienestar de los individuos (Beale, 2015b).

La Geografía de la Salud como rama de la Geografía Humana (Dummer, 2009), ha sumado numerosos aportes a la medicina a través de la aplicación de herramientas de análisis espacial sobre crisis sanitarias. El primer registro de la cartografía de enfermedades data de 1792 con Leonhard Ludwig Finke que esperaba que la geografía entregase explicaciones de causa-efecto para entender de mejor manera las enfermedades (Barrett, 1993). Posteriormente, la idea fue replicada en Inglaterra (1845), y Alemania (1850), incorporando en los estudios y análisis de enfermedades a la componente social, con la cual se pudo concluir que el riesgo de contraer enfermedades aumenta con la pobreza (Buzai, 2015). A principios del siglo XX, Max Sorre acuñó el concepto de “complejos patógenos”, definiéndolo como el conjunto de elementos biológicos y ambientales en torno a una patología definida, cuyo paciente es el hombre (Pickenhayn, 2008).

A pesar de los avances históricos, la resolución de problemáticas sanitarias sigue siendo abordada por profesionales ligados a disciplinas biomédicas y epidemiológicas, muchas veces desconociendo los aportes de la aproximación espacial y la incorporación de contextos sociales, culturales y políticos (Dummer, 2009), así como la consideración de procesos de globalización, vulnerabilidad de las poblaciones, degradación ambiental y urbanización (Barcellos et al., 2018). Clásicamente las metodologías espaciales utilizadas para el estudio de la propagación de enfermedades infecciosas, analizan sólo la suma de las poblaciones humanas que viven y mueren dentro de un área (Tunstall et al., 2004), excluyendo los componentes biológicos-ecológicos de las enfermedades, como la asociación a un vector de transmisión, el paisaje y su interacción.

En la última década, geógrafos en asociación con investigadores de diversas disciplinas, han realizado significativos avances en Geografía de la Salud, en especial sobre enfermedades infecciosas (Kwan, 2012). Combinando la geotecnología, estadísticas espaciales y teledetección, han contribuido al entendimiento de los factores que gobierna a las enfermedades (Ursine et al., 2021). Un ejemplo reciente, es la aplicación de estadística multivariada, que con la incorporación del recuento de número de casos de contagio, ha permitido predecir nuevos brotes antes de que ellos ocurran, manejando la enfermedad desde el punto de vista de sus causas no biológicas más que desde el control a nivel hospitalario (Anderson et al., 2017; Liao et al., 2017).

La mayoría de las enfermedades infecciosas se originan de animales principalmente silvestres y su aparición involucra interacciones entre la población silvestre, domésticas y las personas, todo ello, sobre ambientes en constante cambio (Wolfe et al., 2007). Los patógenos compartidos entre los animales domésticos y silvestres representan más del 60% de las enfermedades infecciosas en el hombre (Taylor et al., 2001), constituyendo un riesgo significativo a nivel mundial (Heymann et al., 2015). A pesar del peligro latente, el aumento de las áreas de cultivo, junto con actividades recreativas han logrado invadir áreas naturales cuya fauna es potencialmente vector de enfermedades muchas veces desconocidas (Jones et al., 2013). Allen et al. (2017), demostraron que, si bien las enfermedades infecciosas de origen zoonótico se encontraban predominantemente en áreas tropicales, la alta densidad poblacional de las ciudades sudamericanas, como en Chile y Argentina, son *hotspot* para este tipo de patógenos, entre los que se encuentra el Hantavirus.

2.3 Hantavirus y su reservorio viral (*Oligoryzomys longicaudatus*)

El Hantavirus se distribuye mundialmente y contagia a las personas a través de la inhalación de aerosoles contaminados con el virus en excreciones, saliva y orina de animales infectados (Jiang et al., 2014). En Chile y Argentina, es transmitido a través de su vector natural, el roedor *Oligoryzomys longicaudatus*, principal hospedador de la cepa Andes, la cual es la principal causa del Síndrome Cardiopulmonar por Hantavirus (SCPH) en la región (Andreo et al., 2011; Wang et al., 2012). Particularmente, la distribución del vector depende del grado de saturación de alimento, refugio y territorio de reproducción disponible (Lambin et al., 2001), por lo que las características de sus hábitat deberían influir en la probabilidad de ocurrencia de SCPH.

O. longicaudatus es una de las especies silvestres que no se asocian con hábitats urbanos (Toro et al., 1998), sino en ambientes boscosos, matorrales, lugares húmedos con densa vegetación (González y Jofré, 2000). Se ha demostrado que

grandes brotes de roedores conocidos como “ratadas”, se correlacionan con la producción de diversas especies de bambú, entre ellas la floración y siembra de Quilla (HersHKovitz, 1962). Particularmente, el virus no enferma al vector roedor, pero se transmite de la misma forma que al humano (Pavletic, 2000).

En Chile (año 1993), se confirma la circulación de Hantavirus en las poblaciones de roedores silvestres, con el primer caso de la enfermedad SCPH en la Zona de Segundo Corral, X Región (Pavletic, 2000). Este había sido relacionado con otros hantavirus americanos, debido a que la evolución de los hantavirus asociados con SCPH sugería considerarle en pacientes con fiebre y dificultad respiratoria en toda América (Espinoza et al., 1998), ratificando de esta manera la infección con la cepa Andes del virus que tiene como principal reservorio natural el roedor *O. longicaudatus* (Levis et al., 1998).

2.4 Inferencia Bayesiana

La inferencia Bayesiana es explicada a través del Teorema de Bayes, el cual permite calcular las probabilidades asociadas a la prevención de enfermedades (Ellison, 2004). Es la probabilidad (frecuencia esperada) de que ocurra el evento “a” dado que ha ocurrido el evento “b”, es decir, es igual a la probabilidad de que ocurra el evento “a” multiplicado por la probabilidad de que ocurra el evento “b” dado que ha ocurrido el evento “a”, todo aquello dividido por la probabilidad de que ocurra el evento “b”, es decir, una probabilidad estimada o ponderada en base a los hechos o la evidencia previa (*a priori*):

$$P(A|B) = \frac{P(A) \cdot P(B|A)}{P(B)}$$

Los modelos bayesianos incorporan información inicial por medio de una distribución de probabilidad *a priori*, mediante la cual se puede incluir información subjetiva en la toma de decisiones (Martínez-Sánchez, 2013). Estas aproximaciones son particularmente apropiadas debido a su flexibilidad y capacidad de manejar modelos complejos, incluyendo estructuras jerárquicas o datos perdidos (Simpson et al., 2011). Tradicionalmente, los modelos jerárquicos bayesianos se basan en técnicas de simulación de Cadenas de Markov (MCMC) (Rodríguez de Rivera et al., 2019) para estimar la probabilidad *a posteriori*.

El uso de la inferencia bayesiana en epidemiología no es reciente, de hecho Jewell et al., (2009) desarrollaron un modelo de infección y dispersión que fue exitosamente probado en el brote de Influenza aviar y Glosopeda, obteniendo

patrones de infección prácticamente idénticos entre los modelos y los brotes reales. Más recientemente Ozanne et al., (2019) propusieron un modelo para determinar en qué estado se encuentra una enfermedad infecciosa cualquiera según parámetros poblacionales.

Por otro lado, los modelos Bayesianos pueden ser complementados con los Modelos de Distribución de Especies (MDSs), que han sido ampliamente utilizados por los epidemiólogos para generar mapas de riesgo y evitar brotes antes de que sean incontrolables, a pesar de que no fueron originalmente conceptualizados para reconstruir fenómenos explícitamente biológicos como enfermedades y parasitismo (Johnson et al., 2019). A pesar de ello, los MDSs que incorporan la aproximación bayesiana entregan resultados más fiables y robustos que aquellos que utilizan metodologías clásicas como MAXENT (Redding et al., 2017).

CAPITULO 3. ANALISIS

3.1 Base de datos espacial

3.1.1 Variables Predictoras Geográficas

La densidad poblacional por manzanas (DPMC) mostró rangos que fluctúan entre 0 y 360.72 hab/km². La media es de 91.89 personas con una desviación estándar de 68.74. Por otro lado, la Densidad Poblacional por Entidades Rurales (DPER) arrojó rangos fluctúan entre 0 y 17 hab/ha., siendo la media de 0,44, con una desviación estándar de 1,84. El Grado de Ruralización (GR) fluctuó entre 0 y 0.82 con una media de 0.03. No obstante, el grado de Urbanización (GU) sólo marcó una media de 0.05 con valores fluctuando entre 0 y 0.50.

3.1.2 Variables Predictoras Climático-Ambientales

Los rangos para viento fluctúan entre 3.17 y 17.15 (m s⁻¹), con una media de 6,3 (m s⁻¹), y una desviación estándar de 1,37. Temperatura fluctúa entre -10 y 10 °C, con una media de 5,78 °C y una desviación estándar de 2.43. La radiación fluctúa entre 7450 y 13773 (kJ m⁻² day⁻¹), con una media de 9556 (kJ m⁻² day⁻¹) y una desviación estándar de 1264,21. Las precipitaciones se mueven entre 21 y 415 (mm), con una media de 146.6 (mm) y una desviación estándar de 73.

Para la variable srtm, los valores fueron de -368 la mínima y la altura máxima 3778 metros. La altura media fue de 642 mtrs.

Para el caso de landcover, al ser categórico, las coberturas de menor área correspondían a arrozales, huertos y reservorios, mientras que la cobertura con mayor superficie correspondía a Matorrales, Bosque nativo de Hoja Ancha y otros pastizales.

Con la variable NDVI, los valores fueron de -0,5 las zonas con menor vegetación y las áreas con mayor vegetación, tuvieron 0,8 de índice. La media para la región fue de 0,3.

3.1.3 Distribución de *O. longicaudatus*.

O. longicaudatus en la región de Aysén (Figura 10) se distribuye entre los 45°0'0"S y 46°30'0" S y entre los 71°0'0" W y 72°0'0" W con un patrón aleatorio asociado hacia la zona cordillerana y de valles interiores. Se aglomera en sitios particulares asociados a bosques y centros medianamente poblados como las comunas de Aysén, Coyhaique, Río Ibáñez. El mapa de densidad de Kernel construido muestra pequeños puntos de distribución en islotes de la zona norte de la comuna de Guaitecas. Cabe señalar que la distribución del roedor presentó cercanía con las

zonas en que se generaron contagios, pero no resultó ser significativo a nivel estadístico predictivo (Figura 10).

3.2 Modelos de Regresión MCMC

Los modelos de regresión para cada una de las variables por sí solas demostraron, a excepción de la Temperatura, un efecto negativo sobre los casos de hantavirus. No obstante, y de acuerdo con el intervalo de confianza del 95%, sólo Landcover, SRTM, Precipitación y Radiación resultaron significativas (Tabla 5).

Tabla 5. Resumen de la distribución posterior de los coeficientes de las variables testeadas asociadas a los casos de Hantavirus

	Predictor	Media	DE	Q _{0.025}	Q _{0.975}
Biológica	<i>O. longicaudatus</i>	-707.71	630.97	-2188.34	118.19
	Densidad Poblacional Entidades	-528.92	726.54	-2127.57	654.51
	Densidad Poblacional por Manzanas Censales	-1.62	1029	-2008.23	1937
Geográfica	Grado de Ruralización	-644.51	564.01	-2066.76	2.38
	Grado de Urbanización	-4.71	1016.01	-2029.75	1837
	Landcover*	-825.39	618.81	-2312.23	-2.73
	SRTM*	-201.79	160.36	-577.47	-6.22
	NDVI	-145.3	769.88	-1686.83	1291
Climático-Ambientales	Precipitación*	-836.42	611.81	-2263.67	-35.51
	Viento	-883.82	627.62	-2329.82	8.96
	Radiación*	-828.78	610.16	-2271.84	-42.08
	Temperatura	14.71	105.81	-188.13	243.91

Este resumen contiene la Media, la Desviación Estándar (DE) y un intervalo del 95%, donde un intervalo central contiene el 95% de la probabilidad bajo la distribución posterior (Q0.025-Q0.975). (*Significativo)

Los modelos multivariados considerando la naturaleza de las variables, demostraron que para los predictores geográficos (Tabla 6), un menor riesgo de contagio está asociado a mayores magnitudes de Landcover y SRTM. Mientras que al considerar las sumatoria de variables climáticas, sólo la Radiación disminuye el riesgo de contagio (Tabla 7).

Tabla 6. Resumen de la distribución posterior de los coeficientes de las variables testeadas asociadas a los casos de Hantavirus, dentro del modelo multivariado que considera sólo las variables del tipo geográfica

Predictor	Media	DE	Q _{0.025}	Q _{0.975}
Intercepto	-1.95	972.146	-1939.3	1862.33
Densidad Poblacional Entidades	29.67	1023.08	-1966	2071.62
Den. Pobl. por Manzanas Censales	10.51	985.71	-1983.62	1942.12
Grado de Ruralización	-28.25	952.96	-1852.89	1845.61
Grado de Urbanización	69.91	1008.08	-1773.97	2075.72
Landcover*	-810.29	619.12	-2298	-38.94
SRTM*	-849.64	585.89	-2233.61	-73.51

Este resumen contiene la Media, la Desviación Estándar (DE) y un intervalo del 95%, donde un intervalo central contiene el 95% de la probabilidad bajo la distribución posterior (Q_{0.025}-Q_{0.975}). (*Significativo)

Tabla 7. Resumen de la distribución posterior de los coeficientes de las variables climático-ambientales asociadas a los casos de Hantavirus

Predictor	Media	DE	Q _{0.025}	Q _{0.975}
Intercepto	5.41	998.83	-1996.31	1979.22
NDVI	12.32	1053.42	-2112.42	1950.41
Precipitación	-75.84	960.95	-1982.81	1720.33
Viento	7.59	1005.69	-1848.62	1891.14
Radiación*	-783.13	590.09	-2150.52	-46.61
Temperatura	-22.29	996.45	-1941.81	2033.42

Este resumen contiene la Media, la Desviación Estándar (DE) y un intervalo del 95%, donde un intervalo central contiene el 95% de la probabilidad bajo la distribución posterior (Q_{0.025}-Q_{0.975}). (*Significativo)

El modelo completo, considerando tanto las variables geográficas, climáticas y biológica (Tabla 8), sólo la radiación presentó una relación negativa con el riesgo de contagio.

Tabla 8. Resumen de la distribución posterior de los coeficientes de las variables climáticas, geográficas y biológicas asociadas a los casos de Hantavirus

Predictores	Media	DE	Q _{0.025}	Q _{0.975}
Intercepto	4.35	1042.88	-2184	2027
<i>O. longicaudatus</i>	-48.03	1024.38	-2016	2008
Densidad Poblacional Entidades	-32.56	994.11	-1961	1900
Den. Pobl. por Manzanas Censales	114.46	1008.48	-1778	2095
Grado de Ruralización	66.74	1043.46	-1965	2172
Grado de Urbanización	51.16	999.29	-1847	1961
Landcover	-112.32	976.59	-1921	1883
NDVI	12.33	985.34	-2009	1892
SRTM	-220.22	934.86	-2018	1679
Precipitación	55.21	1033.27	-1808	2176
Viento	52.07	954.06	-1757	1960
Radiación*	-931.41	592.95	-2352	-94
Temperatura	-9.93	968.68	-1883	1878

Este resumen contiene la Media, la Desviación Estándar (DE) y un intervalo del 95%, donde un intervalo central contiene el 95% de la probabilidad bajo la distribución posterior (Q 0.025-Q 0.975). (*Significativo)

En un intento por determinar si los predictores significativos encontrados en los modelos anteriores explicarían el riesgo de contagio (Tabla 9), los resultados sugieren que un menor riesgo de contagio estaba asociado a mayores magnitudes de Radiación, tal como se demostró previamente.

Tabla 9. Resumen de la distribución posterior de los coeficientes de las variables previamente significativas asociadas a los casos de Hantavirus

Predictores	Media	DE	Q _{0.025}	Q _{0.975}
Intercepto	22.51	983.56	-1986	1936
Landcover	-117.81	946.73	-2029	1685
SRTM	-180.31	926.48	-2099	1663
Precipitación	40.94	960.23	-1901	2022
Radiación*	-926.87	568.32	-2124	-100

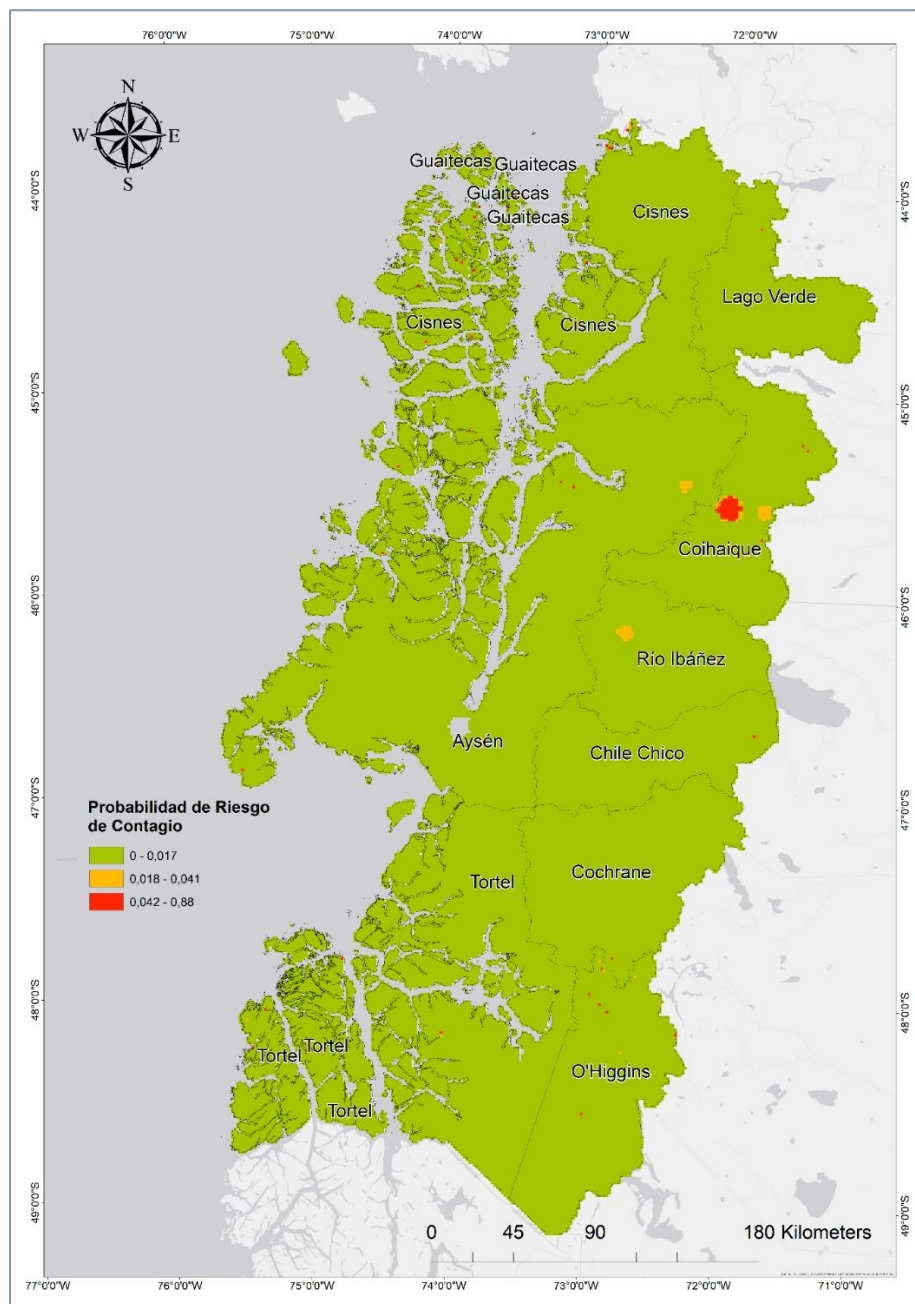
Este resumen contiene la Media, la Desviación Estándar (DE) y un intervalo del 95%, donde un intervalo central contiene el 95% de la probabilidad bajo la distribución posterior (Q 0.025-Q 0.975). (*Significativo)

3.3 Mapas de riesgo.

El riesgo de contagio por Hantavirus fue reconstruido desde aquellos modelos que entregaron valores de predicción. Por lo tanto, ningún modelo multivariado fue considerado en el mapeo de riesgo. Las mayores probabilidades de contagio fueron encontradas en la zona norte y sur de la Región y asociada a la zona cordillerana o a los islotes de la zona litoral.

La distribución del roedor (Figura 11), predijo el riesgo focalizado en la zona noreste, con un punto de alta probabilidad de contagio (0.04-0.88) a los 72°W con 45°S, además de puntos repartidos en los islotes del norte y parte del valle interior en el sur. A nivel administrativo, se visualiza riesgo en la zona norte de la comuna de Cisnes, centro de Coyhaique, noroeste de la comuna Río Ibáñez y zona este de la comuna de Aysén.

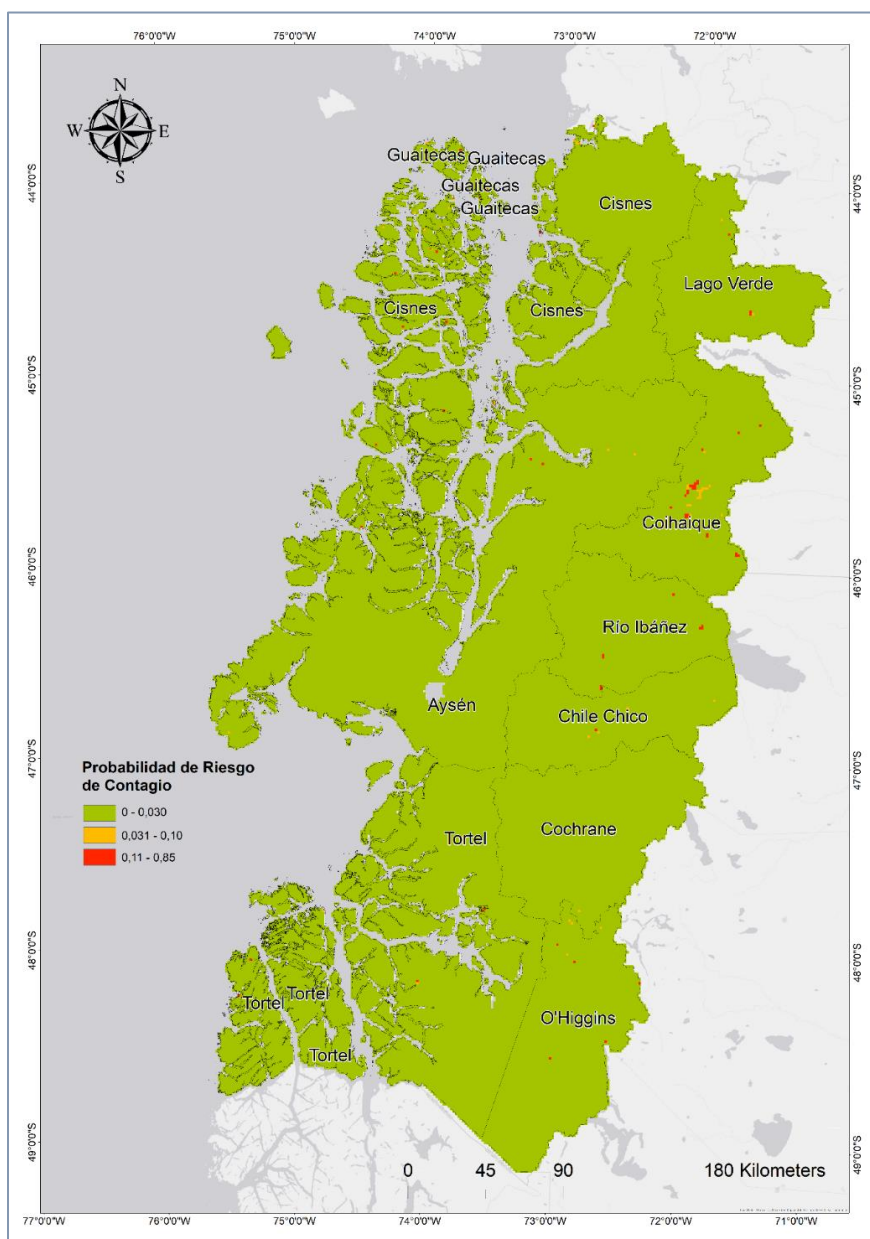
Figura 11. Distribución de la probabilidad posterior del riesgo de contagio por Hantavirus según el predictor de la Distribución de *O. longicaudatus*



Fuente: Elaboración Propia

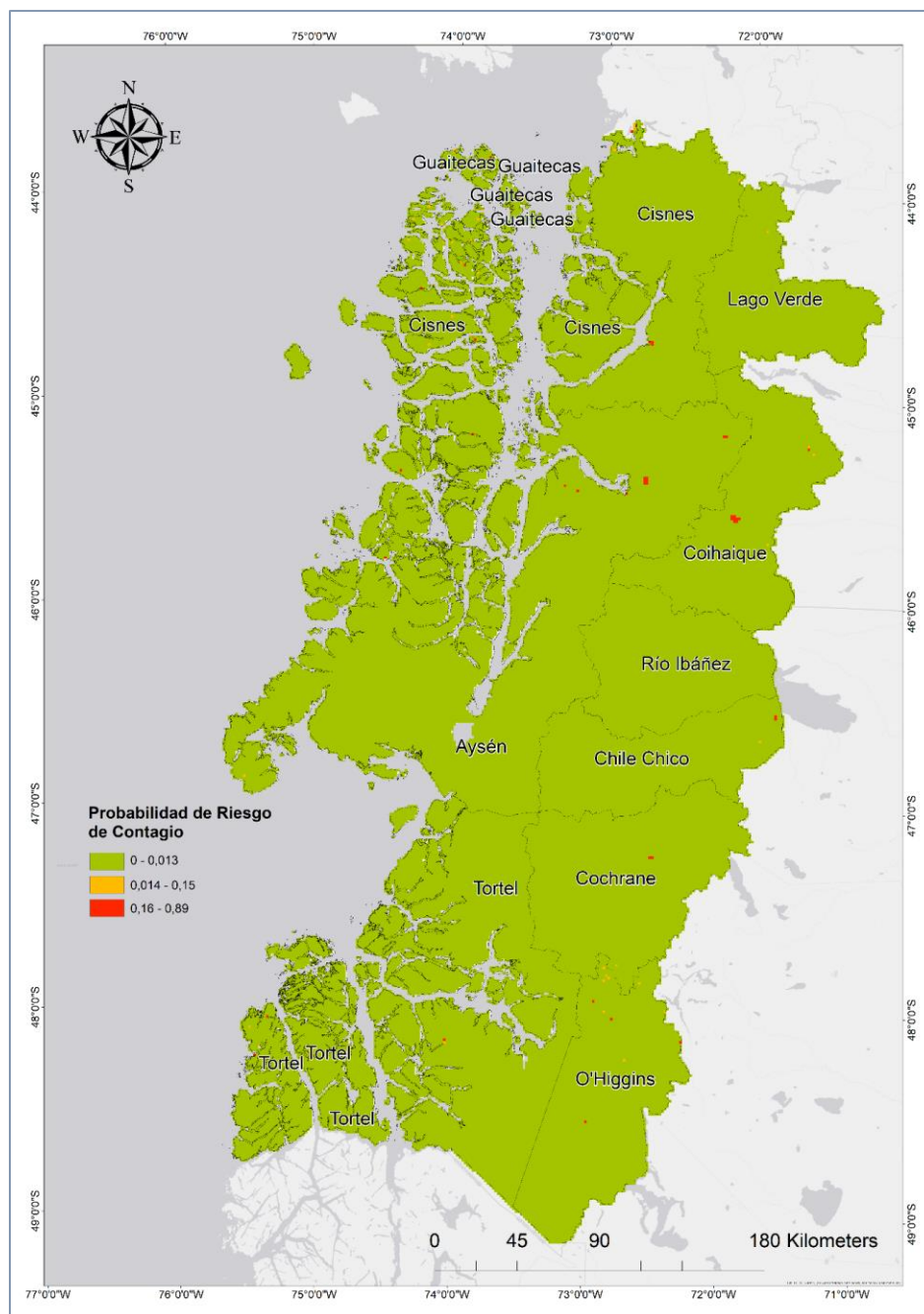
Tanto para la Densidad Poblacional en Entidades Rurales (DPER) (Figura 12), como para la Densidad Poblacional en Manzanas Censales (DPMC) (Figura 13) establecieron una probabilidad de riesgo repartido en puntos mayoritariamente en las zonas norte y sur, con una pequeña concentración en la zona cordillerana para (DPER). Las localizaciones de riesgo se centraron en las comunas de Coyhaique, Río Ibáñez, Lago Verde, Chile Chico y O'Higgins.

Figura 12. Distribución de la probabilidad del riesgo de contagio por Hantavirus según el predictor de Densidad Poblacional en Entidades Rurales (DPER)



Fuente: Elaboración Propia.

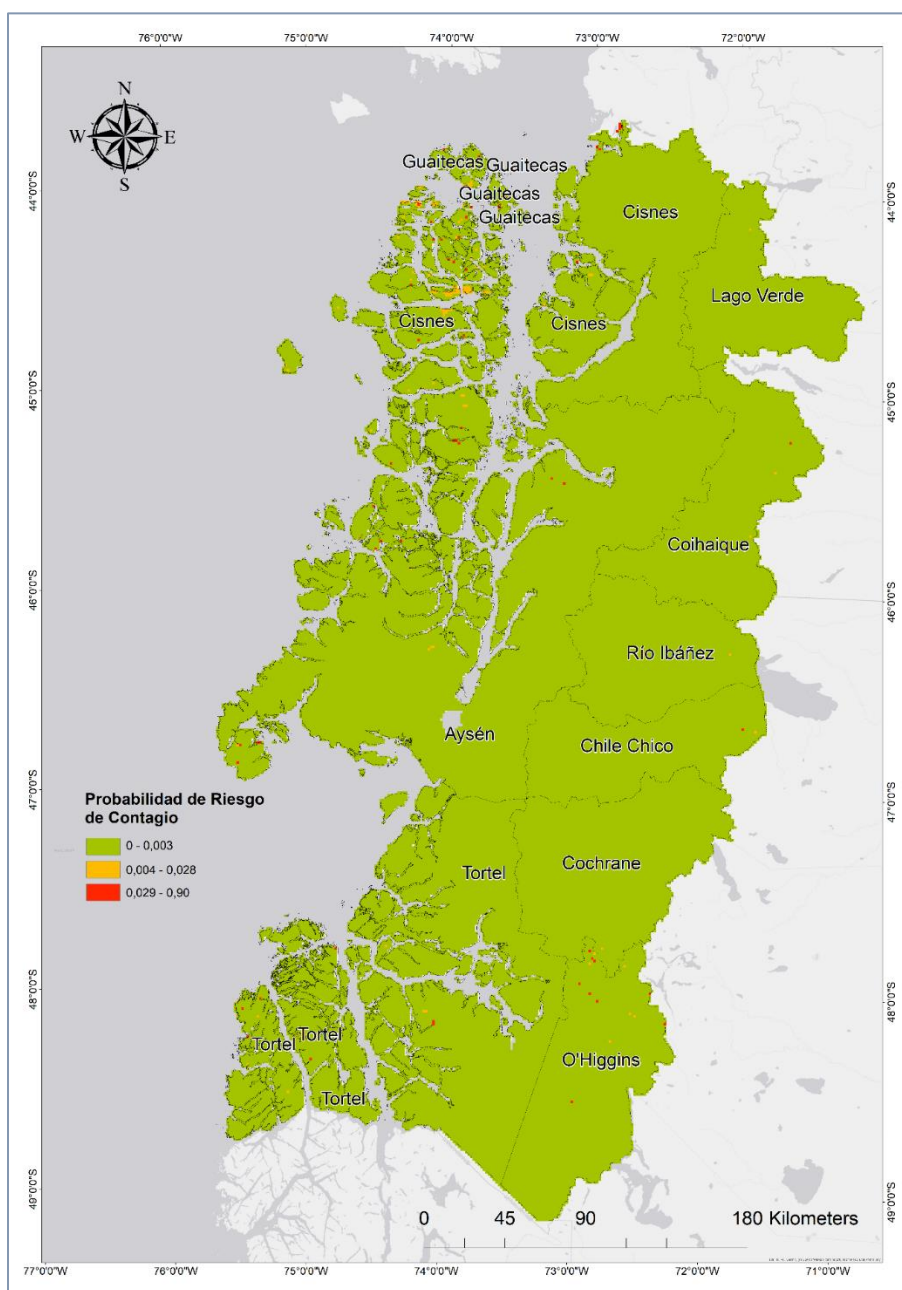
Figura 13. Distribución de la probabilidad del riesgo de contagio por Hantavirus según el predictor de Densidad Poblacional en Manzanas Censales (DPMC)



Fuente: Elaboración Propia.

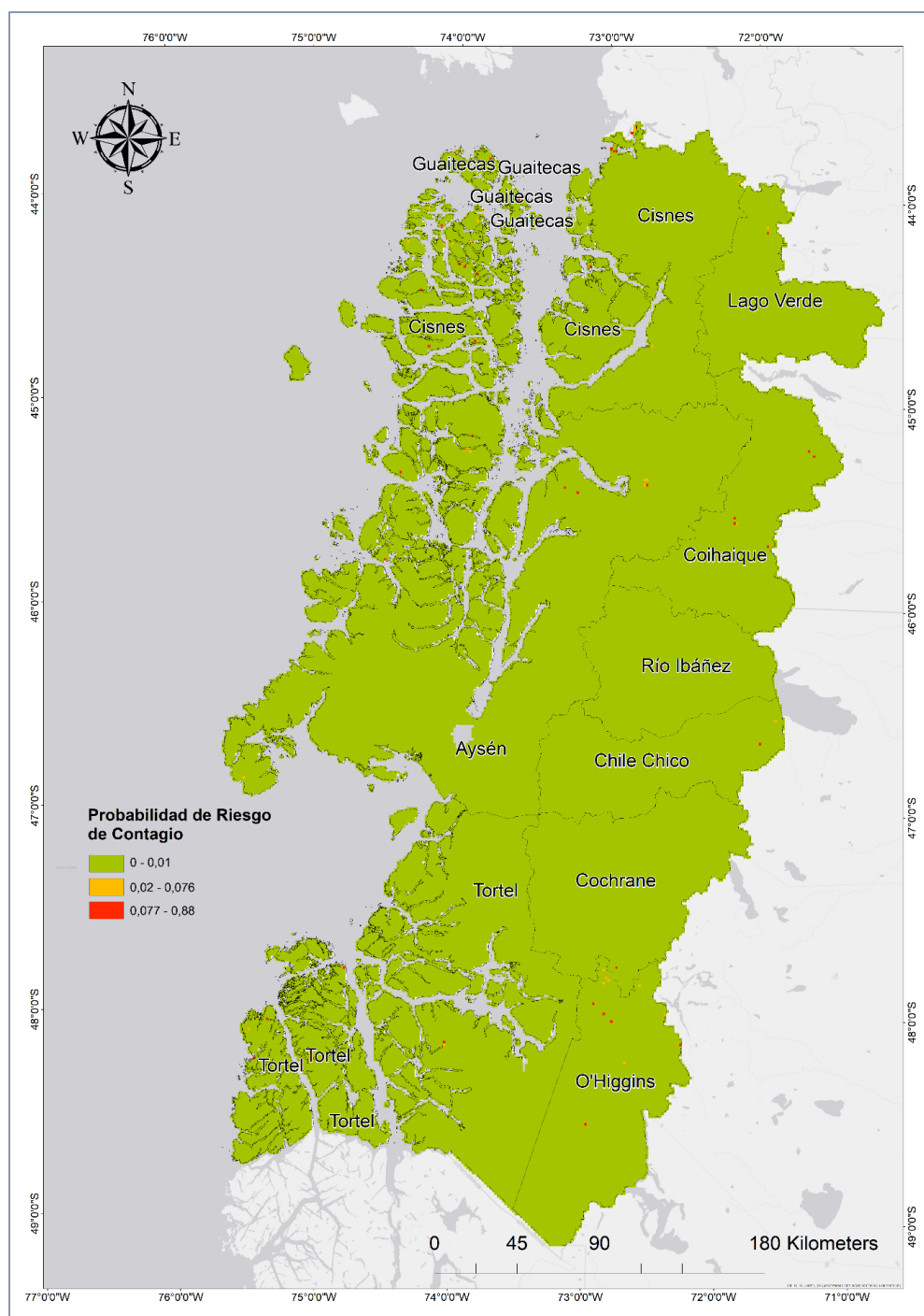
Así mismo, los Grados de Ruralización, Urbanización y Landcover, figuras 14, 15 y 16, respectivamente, predijeron el riesgo de contagio a través puntos dispersos en el sur y norte de Aysén, focalizados en la zona archipiélago, así como también en el área continental de la región. Mientras que SRTM (Imagen 17), predijo riesgos aislados.

Figura 14. Distribución de la probabilidad del riesgo de contagio por Hantavirus según el predictor de Grado de Ruralización (GR)



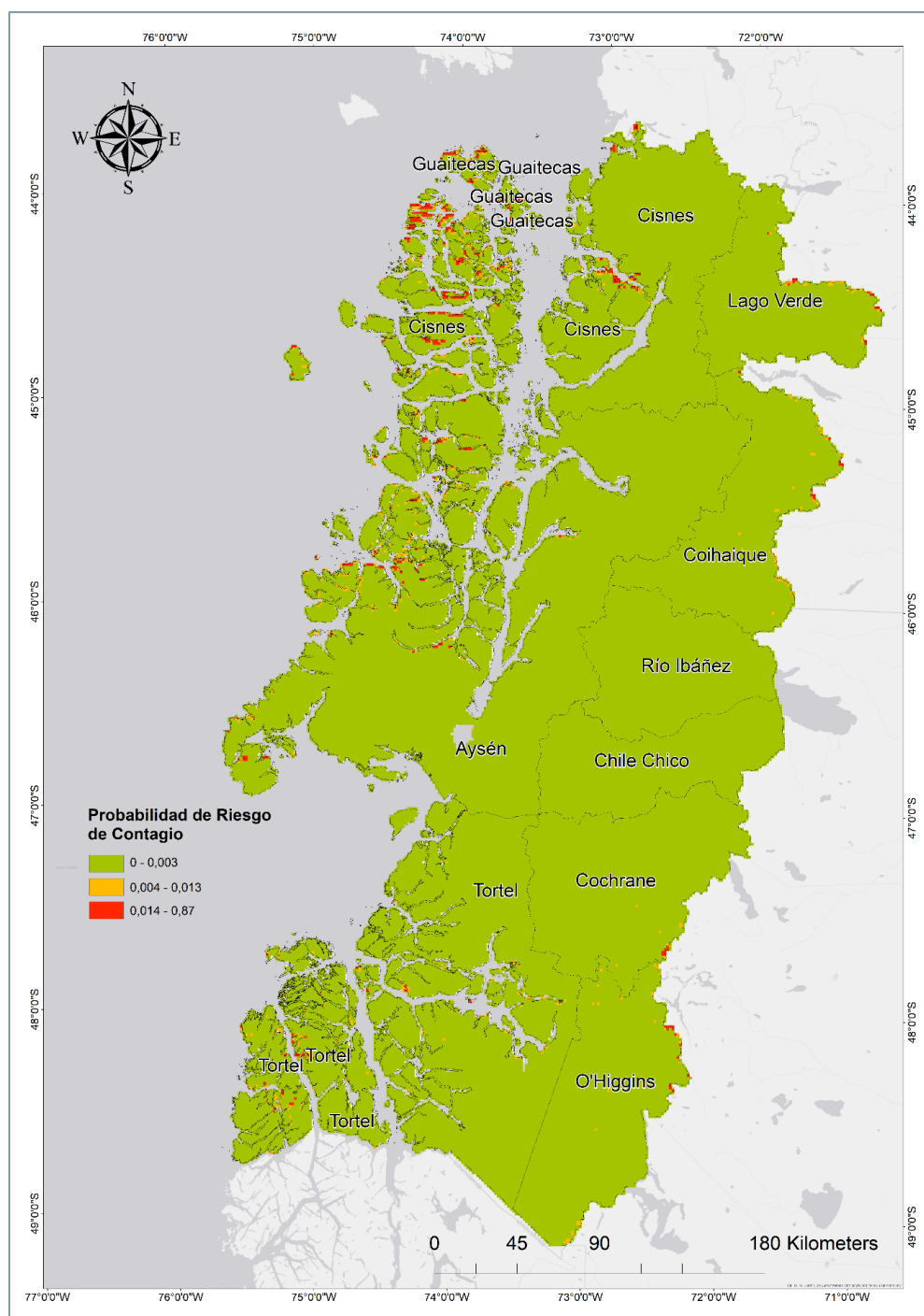
Fuente: Elaboración Propia

Figura 15. Distribución de la probabilidad del riesgo de contagio por Hantavirus según el predictor de Grado de Urbanización (GU)



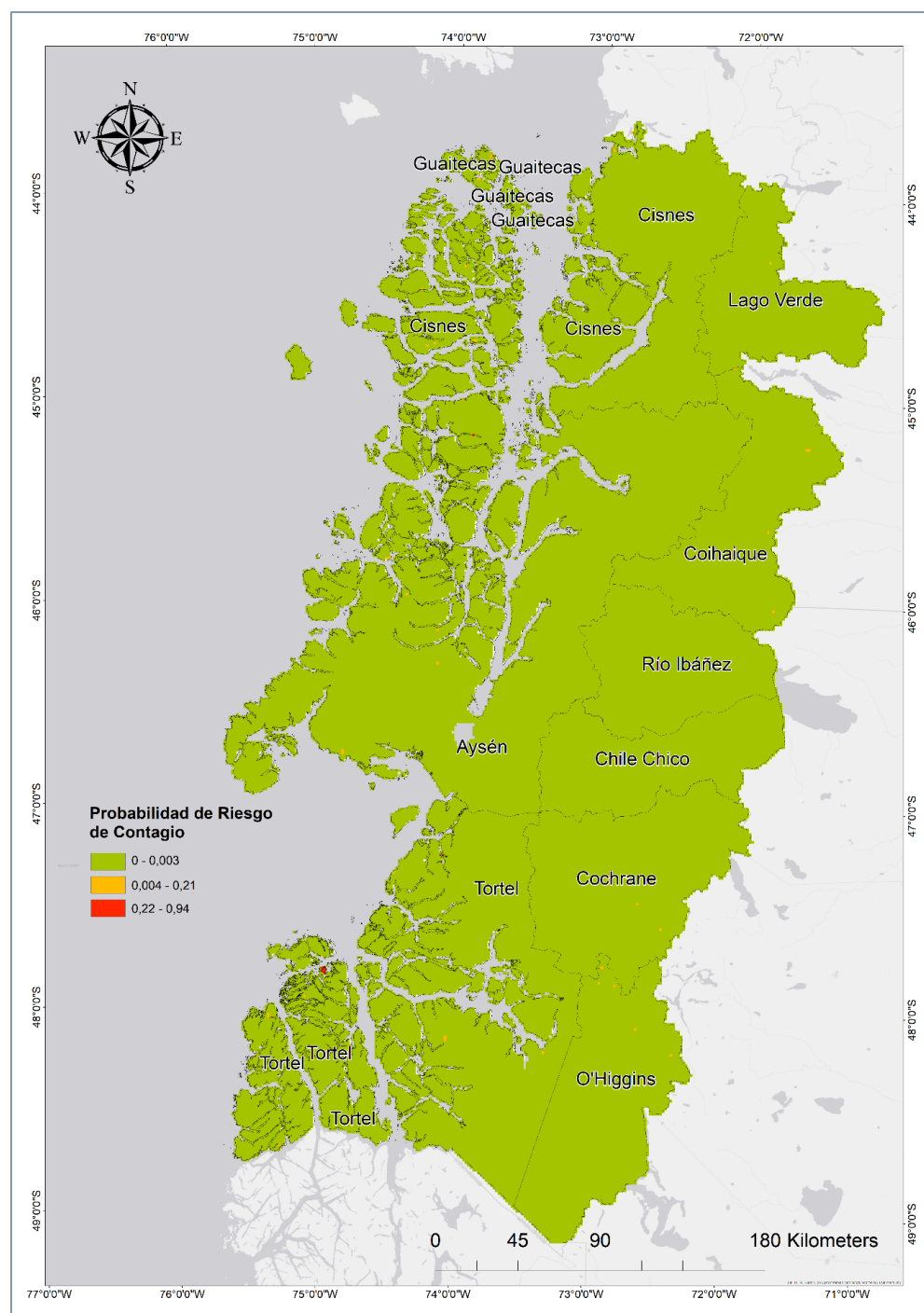
Fuente: Elaboración Propia

Figura 16. Distribución de la probabilidad del riesgo de contagio por Hantavirus según el predictor de Landcover



Fuente: Elaboración Propia

Figura 17. Distribución de la probabilidad del riesgo de contagio por Hantavirus según el predictor de SRTM

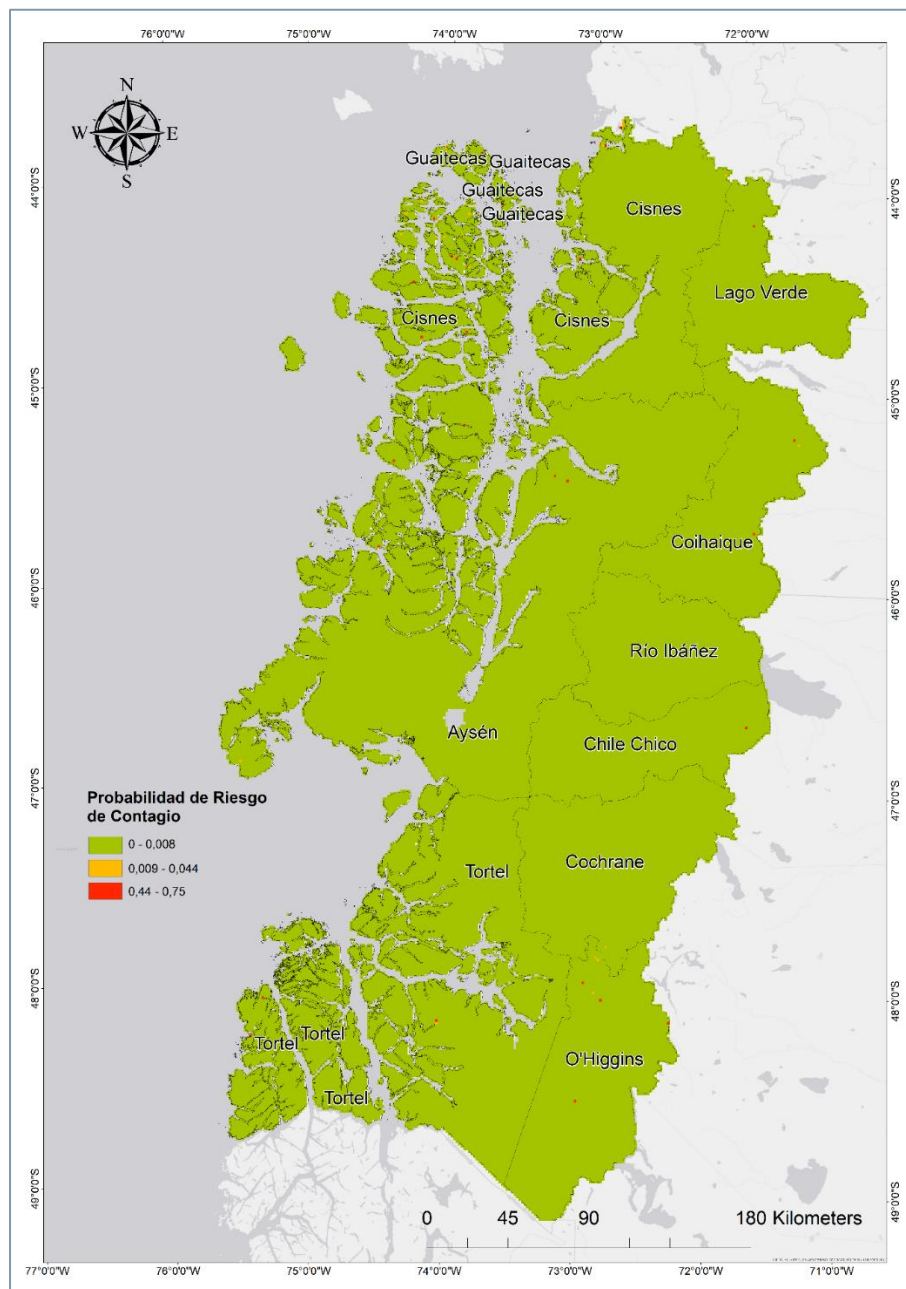


Fuente: Elaboración Propia

De las variables climático-ambientales, NVDI (Figura 18) fue el único que siguió el mismo patrón que las otras variables predictoras, focalizando el riesgo en las zonas norte y sur de Aysén. Si bien la Precipitación entrega probabilidad de contagio

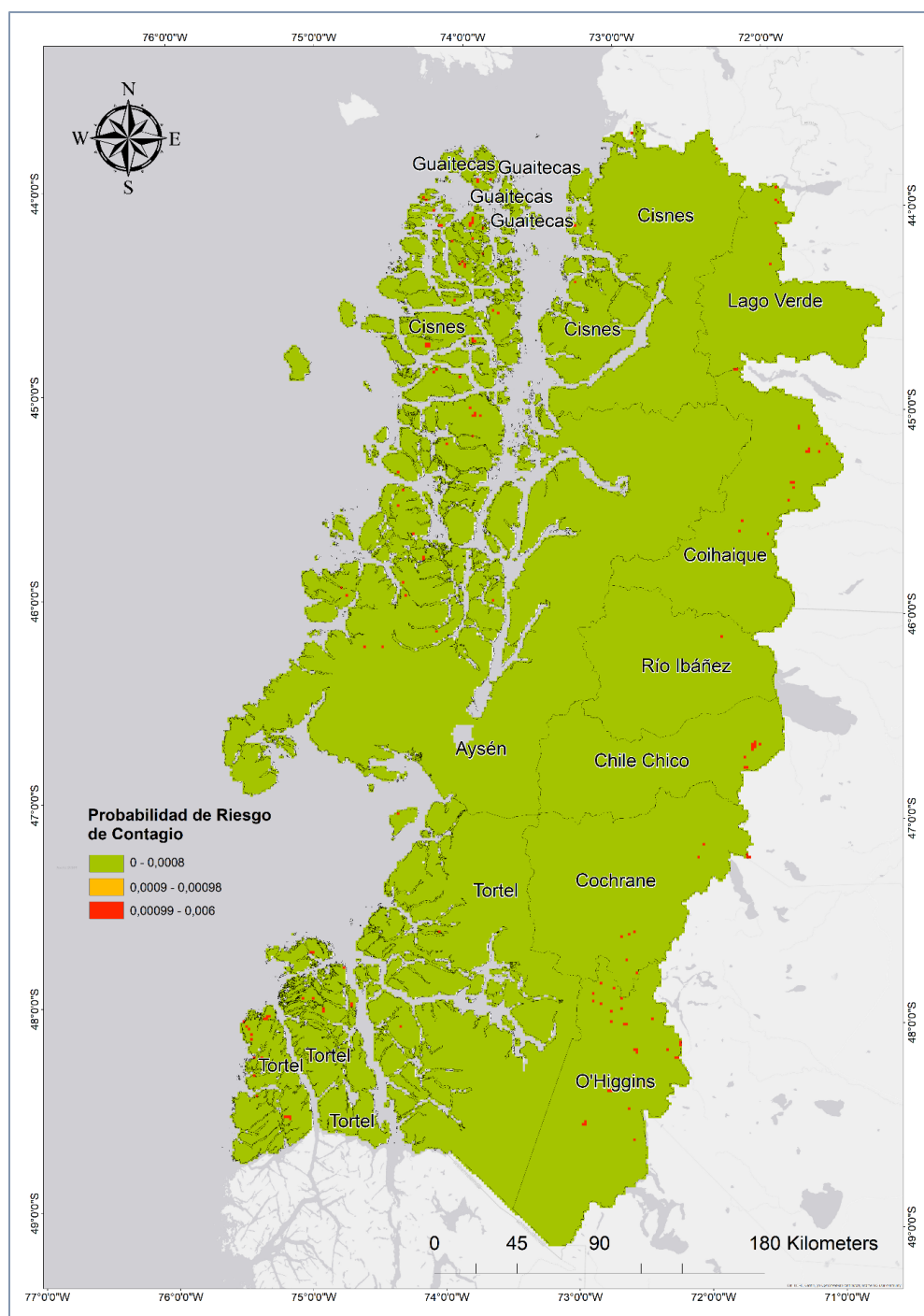
dispersa (Figura 19), ésta se concentra en la zona costera asociada a los islotes del centro y sur, así como también el área cordillerana. Por otro lado, a pesar de que el Viento (Figura 20) predijo un riesgo de contagio similar a NVDI, es posible apreciar hotpost (0.06-0.5) de mayor área al centro y norte de la Región. Finalmente, la Temperatura (Figura 21) muestra el mismo patrón de predicción de las otras variables.

Figura 18. Distribución de la probabilidad del riesgo de contagio por Hantavirus según el predictor de NDVI



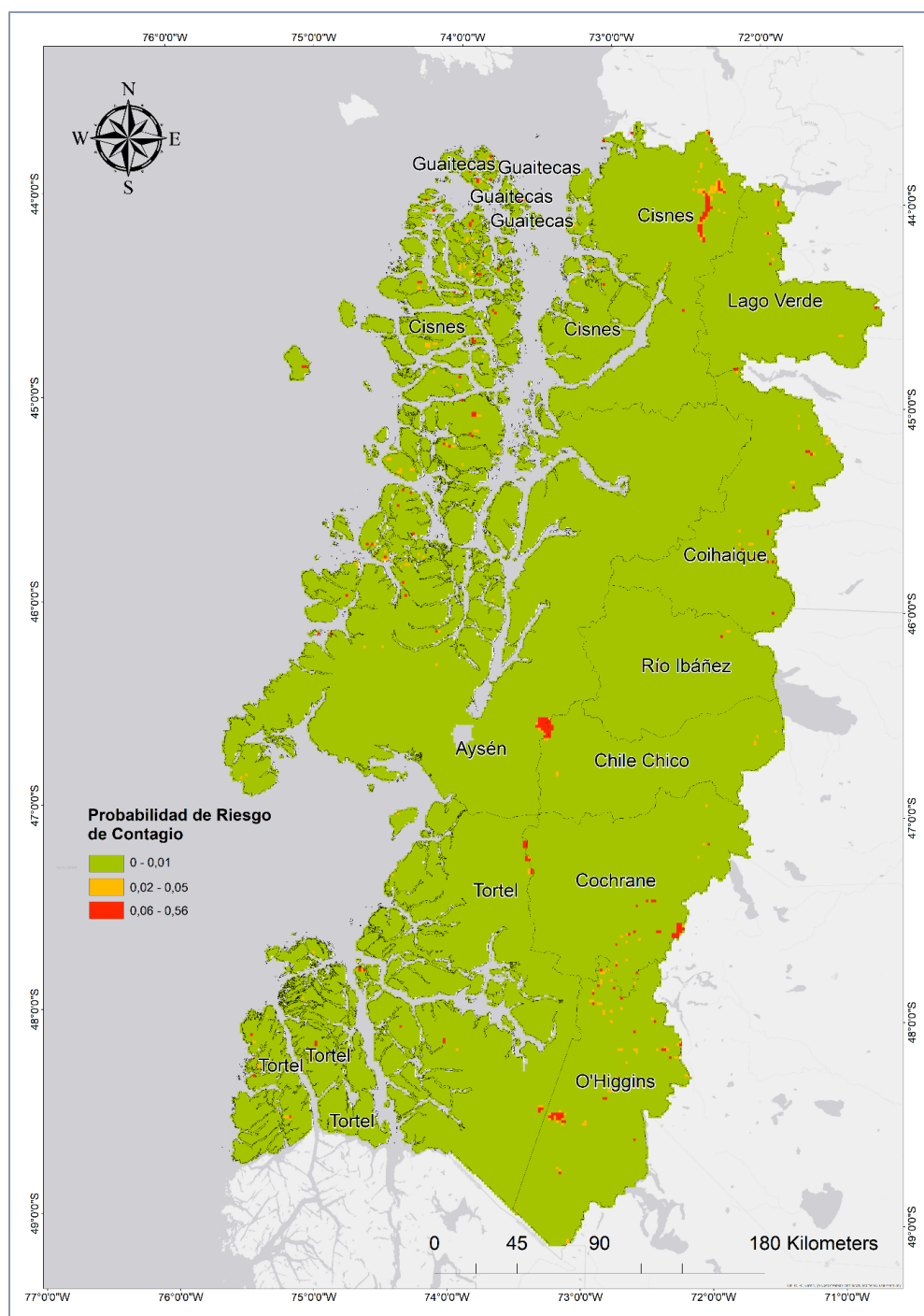
Fuente: Elaboración Propia

Figura 19. Distribución de la probabilidad del riesgo de contagio por Hantavirus según el predictor de Precipitación



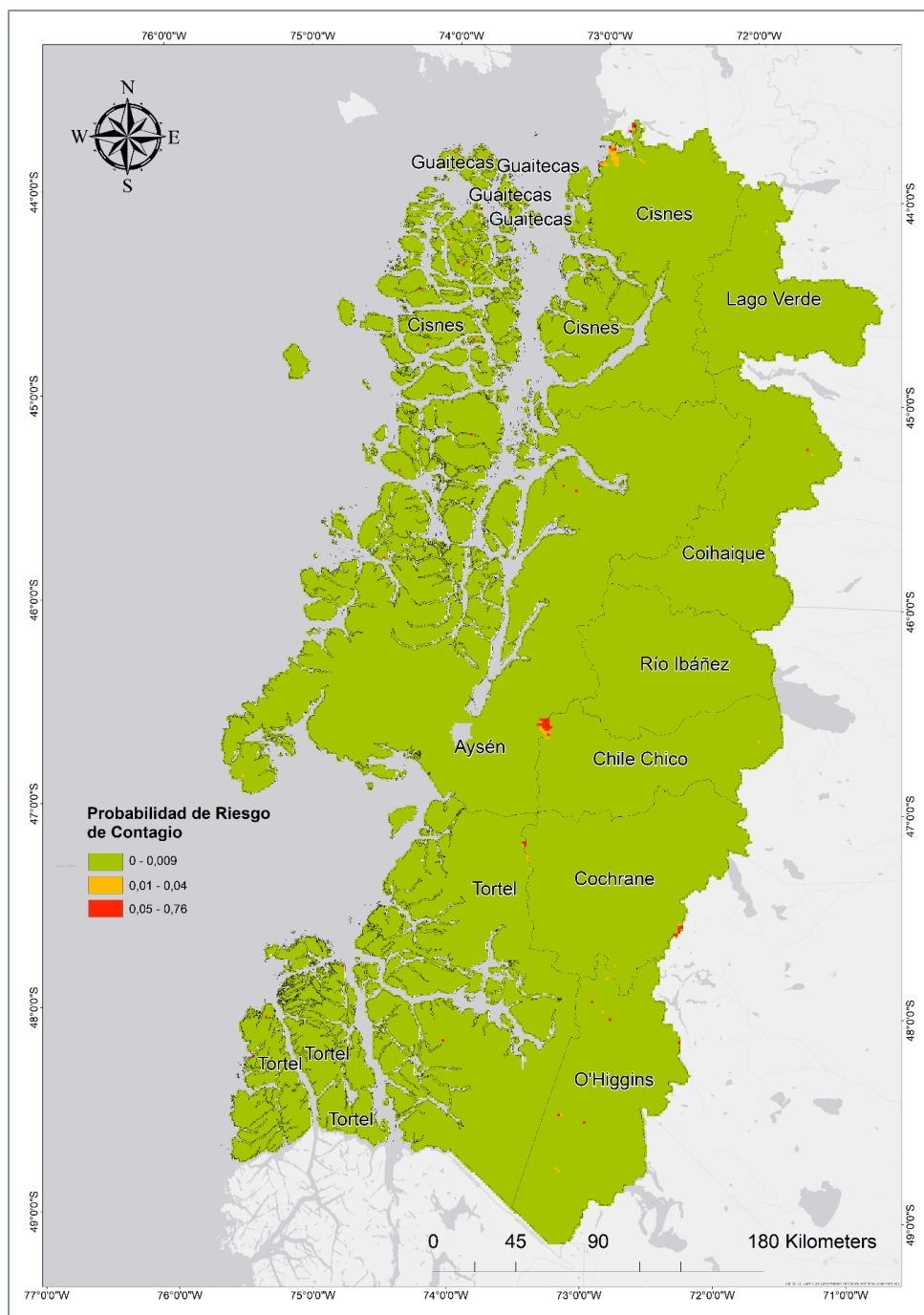
Fuente: Elaboración Propia

Figura 20. Distribución de la probabilidad del riesgo de contagio por Hantavirus según el predictor de Velocidad del Viento



Fuente: Elaboración Propia

Figura 21. Distribución de la probabilidad del riesgo de contagio por Hantavirus según el predictor de temperatura

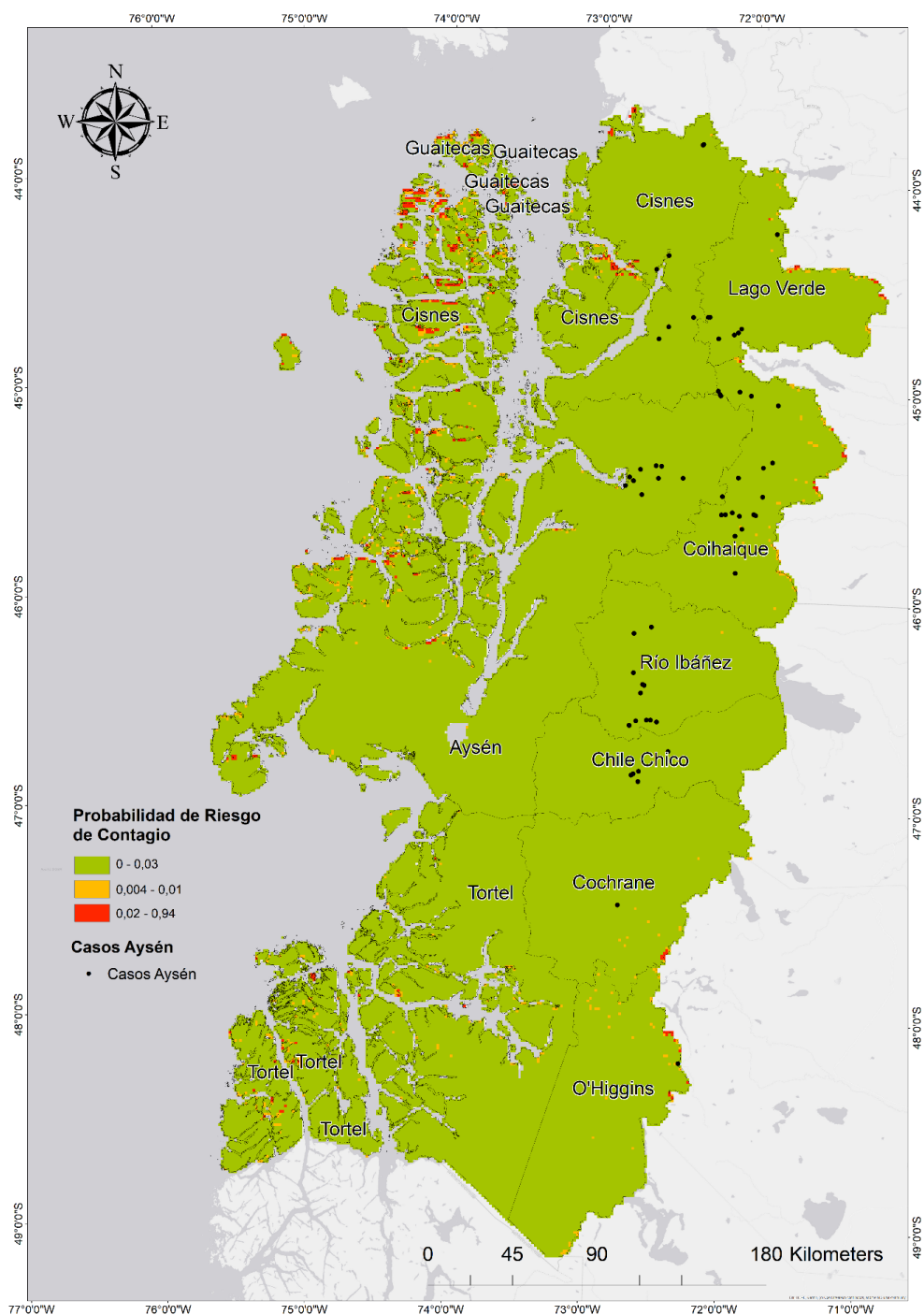


Fuente: Elaboración Propia

La figura 22, muestra una superposición de las variables significativas de los modelos con las variables por separado. De ella se extrae que el riesgo de contagio se focaliza en los bordes de la región acentuándose en las zonas de los islotes hacia el oeste. Sin embargo, no existe relación entre los puntos de contagio observados

para generar el modelo y el riesgo predicho por los modelos, por lo que el valor predictivo de estos debe ser tomado con cautela o que el gran aislamiento geográfico de las zonas predichas ha servido como barrera efectiva al contagio humano.

Figura 22. Suma de las Distribuciones de probabilidad de riesgo de contagio por Hantavirus según los predictores significativos Landcover, precipitaciones y SRTM



Fuente: Elaboración Propia

CAPITULO 4. CONCLUSIONES

- Este trabajo permitió establecer el patrón espacial de los casos de Hantavirus a través del análisis geográfico de los puntos de contagio entregados por la Seremi de salud de Aysén (Figura 3).
- Las variables que explican el riesgo de contagio son Landcover, SRTM, Precipitación y Radiación. El cambio del uso del suelo ha sido reconocido previamente como un importante factor en el alza de número de casos por Hantavirus. Ribeiro Prist et al. (2017) aseguran que el aumento de la heterogeneidad de hábitats antropizados, como el de los campos de cultivos y la ruralidad circundante, estaría directamente relacionada con la aparición del vector y por lo tanto el contagio, incluso agravándose con el paso del tiempo y el aumento de la temperatura. Sin embargo, los resultados muestran un efecto completamente opuesto a lo planteado por la literatura. El cambio del uso del Suelo en Aysén es mínimo en comparación con otras zonas del país, variando desde una ganadería y agricultura extensiva y básica, hacia sistemas de mayor intensificación y complejidad en algunas zonas particulares (Hepp K, 2014), por lo que la heterogeneidad presente en la región está ligada a zonas naturales propias del vector.
- A mayor radiación, menor riesgo de contagio. Estudios en la biología del virus han concluido que este se transmite más fácilmente a valores bajos de temperatura, humedad y Radiación (Guivier et al., 2011; Reusken y Heyman, 2013) determinando que aquellos ratones que se encontraban en zonas abiertas y en el borde de las zonas boscosas poseían una menor de riesgo de infectarse que aquellos que se encuentran dentro del bosque en sí, precisamente debido a los cambios en los niveles de radiación. En este caso la radiación estaría actuando como un efectivo eliminador del virus en el ambiente, bajando por consiguiente el riesgo de contagio.
- A menores magnitudes de precipitación, mayor es el riesgo de contagio por hantavirus. Esto puede ser confirmado con estudios recientes en los cuales se ha establecido que las altas precipitaciones se asocian a un menor riesgo de contagio, básicamente por la muerte accidental de roedores durante las épocas de monzones (Tian y Stenseth, 2019). No obstante, las inundaciones pueden cambiar las poblaciones de roedores incluso a nivel comunitario, por lo que un nuevo hábitat, crearía nuevas zonas de propagación (Carver et al., 2015). En otras palabras, la precipitación explicaría la reducción de los casos

positivos, ya sea por migración de estas poblaciones de *O. longicaudatus* que están habitualmente asociado a cursos de agua y zonas con abundante humedad o por la reorganización de las comunidades.

- Así mismo, una topografía (SRTM) menos accidentada conlleva un mayor riesgo de contagio. Los asentamientos humanos se concentran en zonas relativamente planas, donde la agricultura es más fácil y, por lo tanto, los roedores son atraídos (Suzán et al., 2006). Aysén presenta una topografía heterogénea, con varias cuencas que atraviesan la Región completamente de este a oeste, actuando como barrera para la dispersión del vector hacia localidades urbanas. Se concluye, por lo tanto, que la heterogeneidad topográfica de Aysén es un factor que actúa de freno a la dispersión del riesgo de contagio por Hantavirus.
- A pesar de que se ha establecido en otros estudios que la distribución del vector *O. longicaudatus* es un factor predominante en el riesgo de contagio, más que cualquier otra variable climática (Andreo et al., 2014), los resultados de este trabajo asociados a la variable del vector no predicen significativamente el riesgo para la Región del Aysén. En ese aspecto, se cree que la razón por la cual ha ocurrido este resultado es porque no se ha considerado dentro de la variable, la subcategoría de vector con seroprevalencia del virus, ya que a pesar de que el *O. longicaudatus* es el reservorio en Chile, no todos poseen el virus. De igual forma, NDVI no resultó ser significativa en ninguno de los modelos, a pesar de esta correlacionada con la cantidad de vegetación y cultivos que son la fuente de alimento para el roedor y, por ende, de roedores infectados (Wei et al., 2011).
- Si bien el modelo considera la autocorrelación espacial en los resultados de predicción de alta probabilidad riesgo de contagio por Hantavirus a través de cartografías para las variables significativas Precipitaciones, Altitud (srtm) y Landcover, para el caso de la variable Radiación a pesar de ser también significativa, no se pudo generar un mapa de riesgo con esta variable debido a que los valores de probabilidad eran escasos muy cercanos a 0 y al ser traspasados estos al GIS, marcaba todo como 0.
- Si bien se ha podido establecer que variable son las que gobiernan el riesgo de contagio por Hantavirus, el valor predictivo resultante depende de cada una por separado. En ese aspecto, se estima que la falta de poder predictivo en una regresión multivariada podría estar dada por dos factores, 1) falta de

independencia entre las variables que causa colinealidad entre ellas y 2) el nivel de complejidad del modelo a través del número de variables presentes (Denis, 2020; Fidell y Tabachnick, 2013). Si bien en este trabajo se analizaron variables de naturalezas diferentes (ej., SRTM, GU, NDVI etc.), la falta de una metodología que permitiera medir la correlación entre las variables ha impedido determinar su independencia. No obstante, dado que la Radiación fue significativa en todos los modelos en los cuales fue incluido, podemos descartar una colinealidad entre ella y las demás variables, por lo tanto, es más plausible que exista interacción entre los predictores que no se está considerando en los modelos. Lamentablemente, la falta de poder computacional imposibilitó medir esta relación.

- La introducción de los Modelos de Distribución de Especie (MDSs) ha traído masivas contribuciones a la salud pública (Hay et al., 2013; Kraemer et al., 2016). Durante la pandemia del virus Zika, sendos grupos multidisciplinarios propusieron predicciones y proyecciones de la transmisión de la enfermedad (Carlson et al., 2016; Messina et al., 2016; Samy et al., 2016), que a pesar de las notorias diferencias generaron políticas públicas para el control y prevención del patógeno. Sin embargo, no está claro si una enfermedad infecciosa posea un nicho ecológico, y si lo tiene, pueda ser mapeado (Carlson et al., 2020). Un virus que es transmitido por vectores posee límites geográficos determinados por factores climáticos (Shapiro et al., 2017). Sin embargo, un virus respiratorio, como es el caso del Hantavirus, posee múltiples rutas de transmisión, una vez salido de su vector, por lo tanto, los MDS no podrán tomar en cuenta la transmisión ya sea por el aire, como estado de latencia o sexualmente, los que pueden ocurrir en lugares alejados al nicho del vector (Carlson et al., 2020).
- Por lo tanto, los Modelos de Distribución de especies son una herramienta útil que pueden ayudar establecer zonas de riesgo y con ello crear políticas públicas que permitan contener una enfermedad deben ser usado con cautela. Sus resultados dependen de la naturaleza de las variables, la disponibilidad de datos y la complejidad de los modelos involucrados en la predicción.

Finalmente, se concluye que las cartografías construidas a partir de la predicción de los modelos binomiales permiten establecer áreas de priorización para el control del contagio por hantavirus. En los últimos años los casos han ido en evidente retroceso consecuencia entre otras razones, de los métodos de prevención entregados por el Ministerio de Salud sobre la población. No obstante, queda interrogantes que deben

ser abordadas con mayor profundidad, como, por ejemplo: que variables socio-geográficas están realmente conduciendo el riesgo de contagio, que metodología se ajusta mejor a la naturaleza de los datos y cuál es el patrón del riesgo de contagio por hantavirus que existe no sólo en la Región de Aysén, sino en todo el territorio nacional. Definitivamente integrar variables como matriz urbana y biodiversidad en estudios de Geografía de la Salud, representa una evidencia empírica primordial en tiempos como los de hoy en que aparecen nuevas zoonosis que representan riesgos letales para la población humana.

4.1 Obstáculos

Tres grandes obstáculos aparecieron durante el desarrollo de este trabajo:

4.1.1 Tamaño de la base de datos y capacidad de análisis.

Trabajar con modelos multivariados requiere entre otras cosas, poseer suficiente capacidad de cómputo para realizar los análisis. En un intento previo la escala seleccionada fue de 30x30 m, lo cual entregó 245.459.242 celdas por variable, para 12 variables, lo que excede considerablemente la cantidad de procesamiento de un equipo de uso doméstico. Debido a esto, la escala fue aumentada a 200x200 m, quedando un total de 22.091.440 celdas, lo que permitió cargar los datos al software para ser analizados.

4.1.2 Calidad y disponibilidad de datos geográficos.

La calidad de los datos geográficos como densidad poblacional y grados de urbanización y ruralización también fueron obstáculos importantes. En un principio se intentó generar una sola capa de densidad poblacional para toda la región, integrando los datos censales de 2017, pero contrastándolos con los informes del INE, había diferencias en las densidades de población respecto de la escala manzana censal y entidad rural, expresados el primero en hab/km² y la entidad rural en hab/ha. Se buscó información al respecto, pero de manera extraoficial, colegas del área geográfica especifican que hubo ese cambio porque en las zonas rurales hay menor número de población.

4.1.3 Disponibilidad de datos de contagio.

Otra dificultad fue el acceso a la información epidemiológica. Este estudio había sido pensado para ser realizado a nivel nacional pero luego de varios contactos con las entidades de salud, por medio de la ley de transparencia, la región de Aysén fue aquella que disponía de datos georreferenciados, situación primordial en estudios de localización geográfica.

Bibliografía

- Abellana, R. M., & Ascaso, C. (2004). Métodos estadísticos para analizar el riesgo con patrones de distribución espacial. *Medicina Clínica*, 122, 68-72.
- Allen, T., Murray, K. A., Zambrana-Torrel, C., Morse, S. S., Rondinini, C., Di Marco, M., Breit, N., Olival, K. J., & Daszak, P. (2017). Global hotspots and correlates of emerging zoonotic diseases. *Nature Communications*, 8(1), 1124. <https://doi.org/10.1038/s41467-017-00923-8>
- Anderson, C., Lee, D., & Dean, N. (2017). Spatial clustering of average risks and risk trends in Bayesian disease mapping: Spatial clustering of average risk trends in disease mapping. *Biometrical Journal*, 59(1), 41-56. <https://doi.org/10.1002/bimj.201600018>
- Andreo, V., Glass, G., Shields, T., Provencal, C., & Polop, J. (2011). Modeling Potential Distribution of *Oligoryzomys longicaudatus*, the Andes Virus (Genus: Hantavirus) Reservoir, in Argentina. *EcoHealth*, 8(3), 332-348. <https://doi.org/10.1007/s10393-011-0719-5>
- Andreo, V., Neteler, M., Rocchini, D., Provencal, C., Levis, S., Porcasi, X., Rizzoli, A., Lanfri, M., Scavuzzo, M., Pini, N., Enria, D., & Polop, J. (2014). Estimating Hantavirus Risk in Southern Argentina: A GIS-Based Approach Combining Human Cases and Host Distribution. *Viruses*, 6(1), 201-222. <https://doi.org/10.3390/v6010201>
- Astorga, F., Escobar, L. E., Poo-Muñoz, D., Escobar-Dodero, J., Rojas-Hucks, S., Alvarado-Rybak, M., Duclos, M., Romero-Alvarez, D., Molina-Burgos, B. E., Peñafiel-Ricarte, A., Toro, F., Peña-Gómez, F. T., & Peterson, A. T. (2018). Distributional ecology of Andes hantavirus: A macroecological approach. *International Journal of Health Geographics*, 17(1), 22. <https://doi.org/10.1186/s12942-018-0142-z>
- Azevedo, L., Pereira, M. J., Ribeiro, M. C., & Soares, A. (2020). Geostatistical COVID-19 infection risk maps for Portugal. *International Journal of Health Geographics*, 19(1), 25. <https://doi.org/10.1186/s12942-020-00221-5>
- Barcellos, C., Buzai, G. D., & Santana, P. (2018). Geografía de la salud: Bases y actualidad. *Salud Colectiva*, 14(1), 1-4. <https://doi.org/10.18294/sc.2018.1763>
- Barrett, F. A. (1993). A medical geographical anniversary. *Social Science & Medicine*, 37(6), 701-710. [https://doi.org/10.1016/0277-9536\(93\)90363-9](https://doi.org/10.1016/0277-9536(93)90363-9)
- Beale, L. (2015). *Spatial Analysis in Health Geography* (P. Kanaroglou, E. Delmelle, & A. Páez, Eds.; 1.^a ed.).

Biblioteca del Congreso Nacional. (2021). *Biblioteca del Congreso Nacional | SIIT | Región de Aysén* [Page]. Bcn.Cl.
<https://www.bcn.cl/siit/nuestropais/region11/index.htm>

Boslaugh, S. (2012). *Statistics in a Nutshell: A Desktop Quick Reference* by Sarah Boslaugh (2da ed.). O'Reilly.

Brignone, N., & Guerreiro, C. (2016). *Modelado de la distribución potencial de dos especies andino-patagónicas de Chusquea Kunth (Poaceae, Bambuseae)*.
<https://doi.org/10.13140/RG.2.2.14175.46242>

Buzai, G. (2011). La Geotecnología: ¿Nuevo paradigma de la Geografía o paradigma geográfico de la ciencia? *Revista Catalana de Geografia*, 16.
https://www.researchgate.net/profile/Gustavo-Buzai/publication/266489271_La_Geotecnologia_Nuevo_paradigma_de_la_Geografia_o_paradigma_geografico_de_la_ciencia/links/56ca172508aee3cee53faa35/La-Geotecnologia-Nuevo-paradigma-de-la-Geografia-o-paradigma-geografico-de-la-ciencia.pdf

Buzai, G. D. (2015). *Análisis espacial en Geografía de la Salud: Resoluciones con Sistemas de Información Geográfica* (1a ed.). Lugar Editorial S. A.
www.lugareditorial.com.ar

Cabello C, C., & Cabello C, F. (2008a). Zoonosis con reservorios silvestres: Amenazas a la salud pública y a la economía. *Revista Medica de Chile*, 136(3), 385-393. <https://doi.org/10.4067/s0034-98872008000300016>

Cabello C, C., & Cabello C, F. (2008b). Zoonosis con reservorios silvestres: Amenazas a la salud pública y a la economía. *Revista Medica de Chile*, 136(3), 385-393. <https://doi.org/10.4067/s0034-98872008000300016>

Cantoni, G., Padula, P., Calderón, G., Mills, J., Herrero, E., Sandoval, P., Martinez, V., Pini, N., & Larrieu, E. (2001). Seasonal variation in prevalence of antibody to hantaviruses in rodents from southern Argentina. *Tropical Medicine & International Health: TM & IH*, 6(10), 811-816. <https://doi.org/10.1046/j.1365-3156.2001.00788.x>

Capel, H. (1973). Percepción del medio y comportamiento geográfico. *Revista de Geografía*, 58-150.
<https://www.raco.cat/index.php/RevistaGeografia/article/download/45873/56665>

Caplan, J., Kennedy, L., & Neudecker, C. (2020). Cholera deaths in Soho, London, 1854: Risk Terrain Modeling for epidemiological investigations. *PLOS ONE*, 15, e0230725. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0230725>

Carlson, C. J., Chipperfield, J. D., Benito, B. M., Telford, R. J., & O'Hara, R. B. (2020). Species distribution models are inappropriate for COVID-19. *Nature Ecology & Evolution*, 4(6), 770-771. <https://doi.org/10.1038/s41559-020-1212-8>

- Carlson, C. J., Dougherty, E. R., & Getz, W. (2016). An Ecological Assessment of the Pandemic Threat of Zika Virus. *PLOS Neglected Tropical Diseases*, 10(8), e0004968. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0004968>
- Carver, S., Mills, J. N., Parmenter, C. A., Parmenter, R. R., Richardson, K. S., Harris, R. L., Douglass, R. J., Kuenzi, A. J., & Luis, A. D. (2015). Toward a Mechanistic Understanding of Environmentally Forced Zoonotic Disease Emergence: Sin Nombre Hantavirus. *BioScience*, 65(7), 651-666. <https://doi.org/10.1093/biosci/biv047>
- Castellanos, P. L. (1997). Los modelos explicativos del proceso salud-enfermedad: Los determinantes sociales. *Salud pública*, 1997, ISBN 84-486-0188-2, págs. 81-102, 81-102. <https://dialnet.unirioja.es/servlet/articulo?codigo=6697060>
- Castillo H., C., Naranjo L., J., & Ossa A., G. (2000). Síndrome cardiopulmonar por hantavirus en 21 adultos en la IX Región de Chile. *Revista chilena de infectología*, 17(3), 241-247. <https://doi.org/10.4067/S0716-10182000000300008>
- Celemín, J. P. (2009). *Autocorrelación espacial e indicadores locales de asociación espacial. Importancia, estructura y aplicación*. 22.
- CEPAL. (2009). *Grado de Urbanización*. Observatorio demográfico número 7. https://celade.cepal.org/redatam/ryesp/cairo/WebHelp/Metalatina/grado_de_urbanizacion.htm#:~:text=Definición%3A,respecto a la población total.
- Cliff, A., & Haggett, P. (1993). Statistical modelling of measles and influenza outbreaks. *Statistical Methods in Medical Research*, 2(1), 43-73. <https://doi.org/10.1177/096228029300200104>
- Córdoba, M., Cepeda, E., & Córdoba, K. (2015). Enfoque bayesiano de modelos espaciales autocovariantes sobredispersos con respuesta poisson. *XXV Simposio Internacional de Estadística*, 7.
- COVID-19 Map. (2020). Johns Hopkins Coronavirus Resource Center. <https://coronavirus.jhu.edu/map.html>
- Dabanch P., J. (2003). Zoonosis. *Revista Chilena de Infectología*, 20(SUPPL. 1), 47-51. <https://doi.org/10.2307/j.ctvxw3p70.22>
- Dean, J. A., & Elliott, S. J. (2012). Prioritizing Obesity in the City. *Journal of Urban Health*, 89(1), 196-213. <https://doi.org/10.1007/s11524-011-9620-3>
- DeAngelis, D. L., & Yurek, S. (2017). Spatially Explicit Modeling in Ecology: A Review. *Ecosystems*, 20(2), 284-300. <https://doi.org/10.1007/s10021-016-0066-z>
- Denis, D. (2020). *Univariate, Bivariate, and Multivariate Statistics Using R: Quantitative Tools for Data Analysis and Data Science*. Wiley. <http://libgen.gs/ads.php?md5=c6aef9eb743fc3b0eb6c6bcade8ef449>

- DGA. (2016). Atlas del Agua. En *Atlas del Agua Chile 2016* (Vol. 1).
- Dollfus, O. (1976). *El Espacio Geográfico*. Oikos-Tau.
- Domisch, S., Kuemmerlen, M., Jähnig, S. C., & Haase, P. (2013). Choice of study area and predictors affect habitat suitability projections, but not the performance of species distribution models of stream biota. *Ecological Modelling*, 257, 1-10. <https://doi.org/10.1016/j.ecolmodel.2013.02.019>
- Donalisio, M. R., & Peterson, A. T. (2011). Environmental factors affecting transmission risk for hantaviruses in forested portions of southern Brazil. *Acta Tropica*, 119(2), 125-130. <https://doi.org/10.1016/j.actatropica.2011.04.019>
- Dummer, T. (2009). Health Geography. *International Encyclopedia of Human Geography*, 178(9), 35-45. <https://doi.org/10.1016/B978-008044910-4.00338-2>
- Dummer, T. J. B. (2008). Health geography: Supporting public health policy and planning. *CMAJ: Canadian Medical Association Journal*, 178(9), 1177-1180. <https://doi.org/10.1503/cmaj.071783>
- Ellison, A. M. (2004). Bayesian inference in ecology. *Ecology Letters*, 7(6), 509-520. <https://doi.org/10.1111/j.1461-0248.2004.00603.x>
- Espinoza, R., Vial, P., Noriega, L. M., Johnson, A., Nichol, S. T., Rollin, P. E., Wells, R., Zaki, S., Reynolds, E., & Ksiazek, T. G. (1998). Hantavirus pulmonary syndrome in a Chilean patient with recent travel in Bolivia. *Emerging Infectious Diseases*, 4(1), 93-95.
- ESRI. (2021). *Cómo funciona la densidad kernel—Nuevas características y mejoras que se han agregado en esta versión.* | Documentación. <https://pro.arcgis.com/es/pro-app/latest/tool-reference/spatial-analyst/how-kernel-density-works.htm>
- Estebanez, J. (1987). La imagen de la geografía cuantitativa elaborada por sus oponentes. *Anales de Geografía de la Universidad Complutense*, 7, 53-59.
- Farr, T. G., Rosen, P. A., Caro, E., Crippen, R., Duren, R., Hensley, S., Kobrick, M., Paller, M., Rodriguez, E., Roth, L., Seal, D., Shaffer, S., Shimada, J., Umland, J., Werner, M., Oskin, M., Burbank, D., & Alsdorf, D. (2007). The Shuttle Radar Topography Mission. *Reviews of Geophysics*, 45(2), RG2004. <https://doi.org/10.1029/2005RG000183>
- Fick, S. E., & Hijmans, R. J. (2017). WorldClim 2: New 1-km spatial resolution climate surfaces for global land areas. *International Journal of Climatology*, 37(12), 4302-4315. <https://doi.org/10.1002/joc.5086>
- Fidell, L., & Tabachnick, B. (2013). *Using Multivariate Statistics Pearson* (6.^a ed.). Pearson. <http://libgen.gs/ads.php?md5=24e44aeb7694c81717a949c4d6d05c19>

García, A., & Muguruza, C. (1988). Teoría y Práctica de la Geografía. *Revista de la Facultad de Geografía e Historia*, 4, 459-472.

Gatrell, A., & Elliott, S. (2015). *Geographies of health an introduction. Third Edition* (Third edition). Editorial Offices.

Gobierno Regional de Aysén. (2021). *Información Regional*. https://www.goreaysen.cl/controls/neochannels/neo_ch28/neoch28.aspx?appinstanceid=146&pubid=98

Gonzalez, L., & Jofré, C. (2000). Uso del hábitat por dos especies de muretos en respuesta a un aumento poblacional (ratada) en los bosques templados del sur de Chile. *Revista chilena de historia natural*, 73, 489-495. <https://doi.org/10.4067/S0716-078X2000000300012>

Guichón, M. L., Milesi, F., Monteverde, M., Piudo, L., & Sanguinetti, J. (2014). *Efectos de la floración masiva de Caña colihue (Chusquea culeou) y la superproducción de semillas de Araucaria (Araucaria araucana) a diferentes niveles de la trama trófica*. <https://doi.org/10.13140/2.1.2295.2007>

Guivier, E., Galan, M., Chaval, Y., Xuereb, A., Salvador, A. R., Pouille, M.-L., Voutilainen, L., Henttonen, H., Charbonnel, N., & Cosson, J. F. (2011). Landscape genetics highlights the role of bank vole metapopulation dynamics in the epidemiology of Puumala hantavirus. *Molecular Ecology*, 20(17), 3569-3583. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2011.05199.x>

Hay, S. I., Battle, K. E., Pigott, D. M., Smith, D. L., Moyes, C. L., Bhatt, S., Brownstein, J. S., Collier, N., Myers, M. F., George, D. B., & Gething, P. W. (2013). Global mapping of infectious disease. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*, 368(1614), 20120250. <https://doi.org/10.1098/rstb.2012.0250>

Hepp K, C. (2014). *Caracterización agroclimática de la región de Aysén*. Coyhaique: Boletín INIA (Instituto de Investigaciones Agropecuarias). <https://biblioteca.inia.cl/handle/123456789/7794>

Hernández, H. J., Galleguillos, M., & Estades, C. (2016). Mapa de Cobertura de Suelos de Chile 2014: Descripción del Producto. *Laboratorio GEP, Facultad de Ciencias Forestales y de la Conservación de la Naturaleza, Universidad de Chile*, 2015, 1-4.

Herskovitz, P. (1962). *Evolution of neotropical cricetine rodents (Muridae) with special reference to the phyllotine group*. [Chicago] Chicago Natural History Museum. <http://archive.org/details/evolutionofneotr46hers>

Heymann, D. L., Chen, L., Takemi, K., Fidler, D. P., Tappero, J. W., Thomas, M. J., Kenyon, T. A., Frieden, T. R., Yach, D., Nishtar, S., Kalache, A., Olliaro, P. L., Horby, P., Torreele, E., Gostin, L. O., Ndomondo-Sigonda, M., Carpenter, D., Rushton, S.,

- Lillywhite, L., ... Rannan-Eliya, R. P. (2015). Global health security: The wider lessons from the west African Ebola virus disease epidemic. *The Lancet*, 385(9980), 1884-1901. [https://doi.org/10.1016/S0140-6736\(15\)60858-3](https://doi.org/10.1016/S0140-6736(15)60858-3)
- Hutwagner, L. C., Thompson, W. W., Seeman, G. M., & Treadwell, T. (2005). A simulation model for assessing aberration detection methods used in public health surveillance for systems with limited baselines. *Statistics in Medicine*, 24(4), 543-550. <https://doi.org/10.1002/sim.2034>
- INE. (2020). *Densidad de Población*. <https://www.ine.cl/ine-ciudadano/definiciones-estadisticas/poblacion/densidad>
- Instituto Nacional de Estadísticas. (2019a). *Síntesis de Resultados Censo 2017, Región de Aysén*.
- Instituto Nacional de Estadísticas. (2019b). *Ciudades, Pueblos, Aldeas y Caceríos 2019*. https://geoarchivos.ine.cl/File/pub/Cd_Pb_Al_Cs_2019.pdf
- ISPCH. (2020). *Vigilancia Hanta*. <https://www.ispch.cl/biomedico/vigilancia-de-laboratorio/ambitos-de-vigilancia/vigilancia-hanta/>
- Jewell, C. P., Kypraios, T., Neal, P., & Roberts, G. O. (2009). Bayesian analysis for emerging infectious diseases. *Bayesian Analysis*, 4(3), 465-496. <https://doi.org/10.1214/09-BA417>
- Jiang, W., Wang, P., Yu, H., Zhang, Y., Zhao, K., Du, H., & Bai, X. (2014). Development of a SYBR Green I based one-step real-time PCR assay for the detection of Hantaan virus. *Journal of Virological Methods*, 196, 145-151. <https://doi.org/10.1016/j.jviromet.2013.11.004>
- Johnson, E. E., Escobar, L. E., & Zambrana-Torrelío, C. (2019). An Ecological Framework for Modeling the Geography of Disease Transmission. *Trends in Ecology & Evolution*, 34(7), 655-668. <https://doi.org/10.1016/j.tree.2019.03.004>
- Jones, B. A., Grace, D., Kock, R., Alonso, S., Rushton, J., Said, M. Y., McKeever, D., Mutua, F., Young, J., McDermott, J., & Pfeiffer, D. U. (2013). Zoonosis emergence linked to agricultural intensification and environmental change. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 110(21), 8399-8404. <https://doi.org/10.1073/pnas.1208059110>
- Kraemer, M. U. G., Hay, S. I., Pigott, D. M., Smith, D. L., Wint, G. R. W., & Golding, N. (2016). Progress and Challenges in Infectious Disease Cartography. *Trends in Parasitology*, 32(1), 19-29. <https://doi.org/10.1016/j.pt.2015.09.006>
- Kwan, M.-P. (2012). Geographies of Health. *Annals of the Association of American Geographers*, 102(5), 891-892. <https://doi.org/10.1080/00045608.2012.687348>

Lambin, X., Aars, J., & Pierny, S. (2001). *Dispersal, Intraspecific competition, kin competition, and kin facilitation: A review of the empirical evidence*. (J. Clobert, E. Danchin, A. Dhondt, & J. Nichols, Eds.; Oxford University Press).

Levis, S., Morzunov, S., Rowe, J. E., Enria, D., Pini, N., Calderon, G., Sabattini, M., & St Jeor, S. (1998). Genetic Diversity and Epidemiology of Hantaviruses in Argentina. *The Journal of infectious diseases*, 177, 529-538. <https://doi.org/10.1086/514221>

Liao, Y., Xu, B., Wang, J., & Liu, X. (2017). A new method for assessing the risk of infectious disease outbreak. *Scientific Reports*, 7(1), 40084. <https://doi.org/10.1038/srep40084>

Marticorena, A., Alarcón, D., Abello, L., & Atala, C. (2010). *Plantas Trepadoras, Epífitas y Parásitas Nativas de Chile. Guía de campo*. <https://doi.org/10.13140/RG.2.1.5152.0167>

Martínez-Sánchez, J. F. (2013). Riesgo operacional en el proceso de liquidación del mercado mexicano de valores: Un enfoque bayesiano. *Investigación Económica*, 72(286), 101-138. [https://doi.org/10.1016/S0185-1667\(13\)72603-1](https://doi.org/10.1016/S0185-1667(13)72603-1)

Mayhew, S. (2009). *Dictionary of Geography* (Vol. 4). Oxford University Press inc.

Medina-Vogel, G. (2010). Ecología de enfermedades infecciosas emergentes y conservación de especies silvestres Ecology of emerging infectious diseases and wild species conservation. *Archivos de Medicina Veterinaria (Valdivia)*, 24, 11-24.

Messina, J. P., Kraemer, M. U., Brady, O. J., Pigott, D. M., Shearer, F. M., Weiss, D. J., Golding, N., Ruktanonchai, C. W., Gething, P. W., Cohn, E., Brownstein, J. S., Khan, K., Tatem, A. J., Jaenisch, T., Murray, C. J., Marinho, F., Scott, T. W., & Hay, S. I. (2016). Mapping global environmental suitability for Zika virus. *eLife*, 5, e15272. <https://doi.org/10.7554/eLife.15272>

Mingorance, J. L. M. (2019). *Evaluación de la Calidad en Modelos Digitales de Elevaciones. Bibliografía Comentada*. Universidad de Jaén. http://coello.ujaen.es/investigacion/web_giic/SubWeb_CartoCalidad/descargas/GIIC_EvaluacionCalidadMDE_Bibliograf%C3%ADaComentada.pdf

Moreno, G. A. (2008). La definición de Salud de la Organización Mundial de la Salud y la interdisciplinariedad. *Sapiens. Revista Universitaria de Investigación*, 9(1), 16.

Muñoz, P. (2013). Apuntes de Teledetección: Índices de vegetación. *Centro de información de recursos Naturales*, 15. <http://bibliotecadigital.ciren.cl/bitstream/handle/123456789/26389/Tema%20Indice%20de%20vegetaci%C3%B3n%20Pedro%20Mu%C3%B1oz%20A.pdf?sequence=1&isAllowed=y>

Muñoz-Pedreros, A., Rutherford, P., & Gil, C. (2007). Mapas de riesgo para Hantavirus en el Parque Nacional Conguillío, sur de Chile. *Revista chilena de historia natural*, 80(3). <https://doi.org/10.4067/S0716-078X2007000300009>

Murúa B, R., Navarrete C, M., Cádiz S, R., Figueroa M, R., Padula, P., Zaror C, L., Mansilla G, R., González L, L., & Muñoz-Pedreros, A. (2003). Síndrome pulmonar por Hantavirus: Situación de los roedores reservorios y la población humana en la Décima Región, Chile. *Revista médica de Chile*, 131(2). <https://doi.org/10.4067/S0034-98872003000200006>

Murúa, R., Navarrete C, M., Cádiz S, R., Figueroa M, R., Padula, P., Zaror C, L., Mansilla G, R., González L, L., & Muñoz-Pedreros, A. (2003). Síndrome pulmonar por Hantavirus: Situación de los roedores reservorios y la población humana en la Décima Región, Chile. *Revista médica de Chile*, 131(2). <https://doi.org/10.4067/S0034-98872003000200006>

Organización Mundial de la Salud. (2014). *Documentos básicos 48.a Edición, con las modificaciones adoptadas hasta el 31 de diciembre de 2014. Constitución y Estatutos* (Documentos básicos 48.a Edición; p. 224). Organización Mundial de la Salud. <https://apps.who.int/gb/bd/PDF/bd48/basic-documents-48th-edition-sp.pdf?ua=1#page=7>

Organización Mundial de la Salud. (2020, julio). *Zoonosis*. <https://www.who.int/es/news-room/fact-sheets/detail/zoonoses>

Organización Mundial de la salud, Salud y Bienestar Social Canada, & Asociación Canadiense de Salud Pública. (1986). *Carta de Ottawa para la promoción de la salud. Una conferencia internacional sobre la promoción de la salud. Hacia un nuevo concepto de salud pública*. <https://www.paho.org/hq/dmdocuments/2013/Carta-de-ottawa-para-la-apromocion-de-la-salud-1986-SP.pdf>

Ortiz, J., Venegas, W., Sandoval, J., Chandia, P., & Torres-Perez, F. (2004). Hantavirus en roedores de la Octava Región de Chile. *Revista Chilena De Historia Natural - REV CHIL HIST NAT*, 77. <https://doi.org/10.4067/S0716-078X2004000200005>

Ortiz, M. T. (2014). *10.7 Muestreador de Gibbs | Estadística Computacional*. <https://tereom.github.io/est-computacional-2018/muestreador-de-gibbs.html>

Ozanne, M. V., Brown, G. D., Oleson, J. J., Lima, I. D., Queiroz, J. W., Jeronimo, S. M. B., Petersen, C. A., & Wilson, M. E. (2019). Bayesian compartmental model for an infectious disease with dynamic states of infection. *Journal of applied statistics*, 46(6), 1043-1065. <https://doi.org/10.1080/02664763.2018.1531979>

Pavletic, C. (2000). Hantavirus: Su distribución geográfica entre los roedores silvestres de Chile. *Revista chilena de infectología*, 17, 186-196. <https://doi.org/10.4067/S0716-10182000000300002>

Pickenhayn, J. A. (2008). El Fenómeno Urbano y la Reespacialización de los Complejos Patógenos. *Raega - O Espaço Geográfico em Análise*, 15. <https://doi.org/10.5380/raega.v15i0.14219>

Redding, D. W., Lucas, T. C. D., Blackburn, T. M., & Jones, K. E. (2017). Evaluating Bayesian spatial methods for modelling species distributions with clumped and restricted occurrence data. *PLOS ONE*, 12(11), e0187602. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0187602>

Reusken, C., & Heyman, P. (2013). Factors driving hantavirus emergence in Europe. *Current Opinion in Virology*, 3(1), 92-99. <https://doi.org/10.1016/j.coviro.2013.01.002>

Reyes, R., Yohannessen, K., Ayala, S., & Canals, M. (2019). Estimaciones de la distribución espacial del riesgo relativo de mortalidad por las principales zoonosis en Chile: Enfermedad de Chagas, hidatidosis, síndrome cardiopulmonar por hantavirus y leptospirosis. *Revista chilena de infectología*, 36(5), 599-606. <https://doi.org/10.4067/s0716-10182019000500599>

Ribeiro Prist, P., Uriarte, M., Fernandes, K., & Metzger, J. P. (2017). Climate change and sugarcane expansion increase Hantavirus infection risk. *PLOS Neglected Tropical Diseases*, 11(7), e0005705. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0005705>

Riley, S., Eames, K., Isham, V., Mollison, D., & Trapman, P. (2015). Five challenges for spatial epidemic models. *Epidemics*, 10, 68-71. <https://doi.org/10.1016/j.epidem.2014.07.001>

Rodríguez de Rivera, O., Blangiardo, M., López-Quílez, A., & Martín-Sanz, I. (2019). Species distribution modelling through Bayesian hierarchical approach. *Theoretical Ecology*, 12(1), 49-59. <https://doi.org/10.1007/s12080-018-0387-y>

Rojas, C., Martínez Bascuñán, M., De la Fuente, H., & Carrasco, J. (2019). Accesibilidad a equipamientos según movilidad y modos de transporte en una ciudad media, Los Ángeles, Chile. *Anales de Geografía de la Universidad Complutense*, 39, 177-200.

Samy, A. M., Thomas, S. M., Wahed, A. A. E., Cohoon, K. P., Peterson, A. T., Samy, A. M., Thomas, S. M., Wahed, A. A. E., Cohoon, K. P., & Peterson, A. T. (2016). Mapping the global geographic potential of Zika virus spread. *Memórias Do Instituto Oswaldo Cruz*, 111(9), 559-560. <https://doi.org/10.1590/0074-02760160149>

Shapiro, L. L. M., Whitehead, S. A., & Thomas, M. B. (2017). Quantifying the effects of temperature on mosquito and parasite traits that determine the transmission potential of human malaria. *PLOS Biology*, 15(10), e2003489. <https://doi.org/10.1371/journal.pbio.2003489>

Silveira, M. L. (2004). Escala geográfica: Da ação ao império? *Terra Livre*, 2(23), 87-96.

Simpson, D., Lindgren, F., & Rue, H. (2011). Fast approximate inference with INLA: The past, the present and the future. *arXiv:1105.2982 [stat]*. <http://arxiv.org/abs/1105.2982>

Sociedad Chilena de Ciencias Geográficas. (2016). *Una educación Geográfica para Chile. Elaboración de Documento Marco. Comisión de Educación Geográfica de la Sociedad Chilena de Ciencias Geográficas y Universidades Chilenas*. <http://sociedadchilenadecienciasgeograficas.cl/2014/wp-content/uploads/2016/11/SOCHIGEO-2016-UNA-EDUCACION-GEOGRAFICA-PARA-CHILE.pdf>

Sothorn, M. (2020). HIV/AIDS in Developed Countries. En A. Kobayashi (Ed.), *International Encyclopedia of Human Geography (Second Edition)* (pp. 45-48). Elsevier. <https://doi.org/10.1016/B978-0-08-102295-5.10392-0>

Sotomayor, V., Olea, A., & Labraña, M. (Eds.). (2009). Diagnóstico y manejo del síndrome cardiopulmonar por hantavirus: Chile-2007 [Review of *Diagnóstico y manejo del síndrome cardiopulmonar por hantavirus: Chile-2007*, por C. Castillo, C. Ortega, R. Riquelme, M. Tapia, V. Tomicic, P. Vial, & F. Valdivieso]. *Revista chilena de infectología*, 26(1), 68-86. <https://doi.org/10.4067/S0716-10182009000100013>

Sousa-Santos, B. (1991). Una cartografía simbólica de las representaciones sociales. *Nueva Sociedad*, 116, 31.

Suzán, G., Giermakowski, J. T., Marcé, E., Suzán-Azpiri, H., Armien, B., & Yates, T. L. (2006). Modeling Hantavirus reservoir species dominance in high seroprevalence areas in the Azuero Península of Panama. *The American Journal of Tropical Medicine and Hygiene*, 74(6), 1103-1110. <https://doi.org/10.4269/ajtmh.2006.74.1103>

Taleghani, N., & Taghipour, F. (2021). Diagnosis of COVID-19 for controlling the pandemic: A review of the state-of-the-art. *Biosensors & Bioelectronics*, 174, 112830. <https://doi.org/10.1016/j.bios.2020.112830>

Taylor, L. H., Latham, S. M., & Woolhouse, M. E. (2001). Risk factors for human disease emergence. *Philosophical Transactions of the Royal Society of London. Series B, Biological Sciences*, 356(1411), 983-989. <https://doi.org/10.1098/rstb.2001.0888>

Tian, H., Hu, S., Cazelles, B., Chowell, G., Gao, L., Laine, M., Li, Y., Yang, H., Li, Y., Yang, Q., Tong, X., Huang, R., Bjornstad, O. N., Xiao, H., & Stenseth, N. Chr. (2018). Urbanization prolongs hantavirus epidemics in cities. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 115(18), 4707 LP - 4712. <https://doi.org/10.1073/pnas.1712767115>

Tian, H., & Stenseth, N. C. (2019). The ecological dynamics of hantavirus diseases: From environmental variability to disease prevention largely based on data from

China. *PLOS Neglected Tropical Diseases*, 13(2), e0006901. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0006901>

Toro, J., Vega, J. D., Khan, A. S., Mills, J. N., Padula, P., Terry, W., Yadón, Z., Valderrama, R., Ellis, B. A., Pavletic, C., Cerda, R., Zaki, S., Shieh, W. J., Meyer, R., Tapia, M., Mansilla, C., Baro, M., Vergara, J. A., Concha, M., ... Ksiazek, T. G. (1998). An outbreak of hantavirus pulmonary syndrome, Chile, 1997. *Emerging Infectious Diseases*, 4(4), 687-694.

Torres-Pérez, F., Palma, R. E., Boric-Bargetto, D., Vial, C., Ferrés, M., Vial, P. A., Martínez-Valdebenito, C., Pavletic, C., Parra, A., Marquet, P. A., & Mertz, G. J. (2019). A 19 Year Analysis of Small Mammals Associated with Human Hantavirus Cases in Chile. *Viruses*, 11(9), 848. <https://doi.org/10.3390/v11090848>

Tunstall, H. V., Shaw, M., & Dorling, D. (2004). Places and health. *Journal of epidemiology and community health*, 58(1), 6-10. <https://doi.org/10.1136/jech.58.1.6>

Umakanthan, S., Sahu, P., Ranade, A. V., Bukelo, M. M., Rao, J. S., Abrahao-Machado, L. F., Dahal, S., Kumar, H., & Kv, D. (2020). Origin, transmission, diagnosis and management of coronavirus disease 2019 (COVID-19). *Postgraduate Medical Journal*, 96(1142), 753-758. <https://doi.org/10.1136/postgradmedj-2020-138234>

Ursine, R. L., Rocha, M. F., Sousa, J. F. de, Santos, R. C. dos, Soares, M. D., Gusmão, M. S. F., Leite, M. E., Vieira, T. M., Ursine, R. L., Rocha, M. F., Sousa, J. F. de, Santos, R. C. dos, Soares, M. D., Gusmão, M. S. F., Leite, M. E., & Vieira, T. M. (2021). American Tegumentary Leishmaniasis in an endemic municipality in the North of Minas Gerais State: Spatial analysis and socio-environmental factors. *Revista Do Instituto de Medicina Tropical de São Paulo*, 63. <https://doi.org/10.1590/s1678-9946202163002>

USGS, & Google. (2020). *USGS Landsat 7 Collection 1 Tier 1 and Real-Time data TOA Reflectance*. https://explorer.earthengine.google.com/#detail/LANDSAT%2FLE07%2FC01%2FT1_RT_TOA

Vieilledent, G., Autier, M., Gelfand, A. E., Guélat, J., Kéry, M., Latimer, A. M., Merow, C., Mortier, F., Jr, J. A. S., Wilson, A. M., Wu, S., & CIRAD. (2019). *hSDM: Hierarchical Bayesian Species Distribution Models* (1.4.1) [Computer software]. <https://CRAN.R-project.org/package=hSDM>

Vranckx, M., Neyens, T., & Faes, C. (2019). Comparison of different software implementations for spatial disease mapping. *Spatial and Spatio-temporal Epidemiology*, 31, 100302. <https://doi.org/10.1016/j.sste.2019.100302>

Wang, W., Zhang, Y., Li, Y., Pan, L., Bai, L., Zhuang, Y., Huang, C.-X., Wang, J.-P., Yu, H.-T., Wei, X., Jiang, W., Nan, Y.-Y., Yang, D.-Q., Su, W.-J., Wang, P.-Z., & Bai,

X.-F. (2012). Dysregulation of the $\beta 3$ integrin-VEGFR2 complex in Hantaan virus-directed hyperpermeability upon treatment with VEGF. *Archives of Virology*, 157(6), 1051-1061. <https://doi.org/10.1007/s00705-012-1245-7>

Wei, L., Qian, Q., Wang, Z.-Q., Glass, G. E., Song, S.-X., Zhang, W.-Y., Li, X.-J., Yang, H., Wang, X.-J., Fang, L.-Q., & Cao, W.-C. (2011). Using Geographic Information System-based Ecologic Niche Models to Forecast the Risk of Hantavirus Infection in Shandong Province, China. *The American Journal of Tropical Medicine and Hygiene*, 84(3), 497-503. <https://doi.org/10.4269/ajtmh.2011.10-0314>

Weiss, R. A. (2001). The Leeuwenhoek Lecture 2001. Animal origins of human infectious disease. *Philosophical Transactions of the Royal Society of London. Series B*, 356(1410), 957-977. <https://doi.org/10.1098/rstb.2001.0838>

WHO. (1996). *OMS | Informe sobre la salud en el mundo 1996—Combatir las enfermedades, promover el desarrollo*. WHO; World Health Organization. <https://www.who.int/whr/1996/es/>

Wolfe, N. D., Dunavan, C. P., & Diamond, J. (2007). Origins of major human infectious diseases. *Nature*, 447(7142), 279-283. <https://doi.org/10.1038/nature05775>

Anexo

Script

Paquetes

```
library(sp)
library(geoR)
library(dismo)
library(hSDM)
library(rgdal)
library(spdep)
library(fields)
library(raster)
library(maptools)
library(gridExtra)
library(ggplot2)
library(rworldmap)
require(rworldxtra)
library(openxlsx)
library(rgdal)
library(maptools)
library(beepr)
library(openxlsx)
library(beepr)
```

Lectura de los datos. Se debe tener en cuenta de que los directorios deben ser cambiados.

```
data<-read.xlsx("casos_hanta.xlsx", sheet =1)

files<-(list.files(path=~"/Desktop/Ascii_amb_200",
  full.names=T, pattern=".asc"))
```

Una vez cargado los datos, se procede a leer los predictores.

```
files
predictors <- stack(files)
predictors
names(predictors) <- c("dens_olig",
  "dens_pobl_ent",
  "dens_pobl_manz",
  "grad_rural",
  "grad_urb_manz",
  "landcover",
  "ndvi_prom",
  "prec",
  "rad",
  "srtm",
  "temp",
  "viento")

#Los predictores son pasados a raster
dens_olig_r<-raster(predictors, 'dens_olig')
dens_pobl_ent_r<-raster(predictors, 'dens_pobl_ent')
```

```

dens_pobl_manz_r<-raster(predictors, 'dens_pobl_manz')
grad_rural_r<-raster(predictors, 'grad_rural')
grad_urb_manz_r<-raster(predictors, 'grad_urb_manz')
landcover_r<-raster(predictors, 'landcover')
ndvi_prom_r<-raster(predictors, 'ndvi_prom')
srtm_r<-raster(predictors, 'srtm_prom')
prec_r<-raster(predictors, 'prec')
rad_r<-raster(predictors, 'rad')
temp_r<-raster(predictors, 'temp')
viento_r<-raster(predictors, 'viento')

dol <-as.data.frame(dens_olig_r)
dpe <-as.data.frame(dens_pobl_ent_r)
dpm <-as.data.frame(dens_pobl_manz_r)
gru <-as.data.frame(grad_rural_r)
gub <-as.data.frame(grad_urb_manz_r)
lan <-as.data.frame(landcover_r)
ndv <-as.data.frame(ndvi_prom_r)
pre <-as.data.frame(prec_r)
rad <-as.data.frame(rad_r)
tem <-as.data.frame(temp_r)
ter <-as.data.frame(srtm_r)
vie <-as.data.frame(viento_r)

```

Las coordenadas son insertadas en los predictores.

```

x<-coordinates(dens_olig_r)[,1]
y<-coordinates(dens_olig_r)[,2]
env<-cbind(x,y,dol,dpe,dpm,gru,gub,lan,ndv,pre,
           rad,tem,ter,vie)

```

Las variables fueron estandarizadas de la forma:

```

for (i in 3:6) {
  m <- env[,i]-mean(env[,i], na.rm=T)
  env[,i] <- m/sd(env[,i], na.rm=T)
}
beep()

coords<-cbind(data$Lon,data$Lat);coords
coords<-as.data.frame(coords)
colnames(coords)<-c("x","y")
coords
backgr <- randomPoints(predictors, 1000)
absvals <- extract(predictors, backgr)
presvals<- extract(predictors, coords)
pb <- c(rep(1, nrow(presvals)), rep(0, nrow(absvals)))
coords<-rbind(coords,backgr)
sdmdata <- data.frame(cbind(pb, coords,rbind(presvals, absvals)))
names(sdmdata)
data<-sdmdata[,c(1:3)]
coordinates(data) <- c(2,3)

```

#Hacer objetos espaciales a ambos set de datos

```
cfr.env <- SpatialPixelsDataFrame(points=env[c("x","y")],
                                tol=0.94,
                                data=env[,c(1,2)])
fullgrid(cfr.env) <- TRUE
```

#Obetenr los índices de las celdas de presencia y ausencia.

```
cfr.env.rast <- stack(cfr.env)
pres <- extract(cfr.env.rast, SpatialPoints(data[data$pb==1,]),
               cellnumbers=TRUE)[,1]
abs <- extract(cfr.env.rast, SpatialPoints(data[data$pb==0,]),
               cellnumbers=TRUE)[,1]
```

#Hacer un data frame usado en regresiones.

```
ncelltot <- length(cfr.env) # incluyendo NULL cells
d <- data.frame(lon=coordinates(cfr.env)[,1],lat=coordinates(cfr.env)[,2],
               Y=rep(0,ncelltot),
               trials=rep(0,ncelltot),
               cell.orig=1:ncelltot,
               cfr.env@data)
d$Y[pres] <- 1
d$trials[c(pres,abs)] <- 1
```

#Remover NAs

```
to.remove <- which(!complete.cases(d))
d <- d[-to.remove,]
summary(d)
cor(d[,6:9])
cor(d[,9:12])
```

#Encontrar las células de vecindad con la función 'adjacent' del paquete raster

```
sel.cell <- d$cell.orig
neighbors.mat <- adjacent(cfr.env.rast, cells=sel.cell, directions=8,
                        pairs=TRUE, target=sel.cell, sorted=TRUE)
n.neighbors <- as.data.frame(table(as.factor(neighbors.mat[,1])))[,2]
neighbors.orig <- neighbors.mat[,2]
```

Sorting cells from 1 to dim(d)[1] (dim(d)[1]=139399)

```
s.cell <- sort(unique(d$cell.orig))
d$cell <- match(d$cell.orig,s.cell)
s.neighbors <- sort(unique(neighbors.orig))
neighbors <- match(neighbors.orig,s.neighbors)
```

#hace objeto espacial para uso posterior

```
coordinates(d) <- c(1,2)
```

Construcción de modelos de regresión binomial.

```

Start <- Sys.time() # Start the clock

mod.hSDM.binomial.iCAR<-hSDM.binomial.iCAR(presences=d$Y[d$trials>0],
      trials=d$trials[d$trials>0],
      suitability=~#variables predictor
      spatial.entity=d$cell[d$trials>0],
      data=d[d$trials>0,],
      n.neighbors=n.neighbors,
      neighbors=neighbors,
      suitability.pred=d,
      spatial.entity.pred=d$cell,
      burnin=1000,
      mcmc=20000, thin=10,
      beta.start=0,
      Vrho.start=1,Vrho.max=100,
      priorVrho="Uniform")

Time.hSDM <- difftime(Sys.time(),Start,units="min") # Diferencia de tiempo.
Time.hSDM

summary(mod.hSDM.binomial.iCAR$mcmc) #Entrea los resultados de la regresión

```

Obtención de Resultados

```

out <- data.frame(d,pred=mod.hSDM.binomial.iCAR$theta.pred,
      sp.ef=mod.hSDM.binomial.iCAR$rho.pred[1:2530532])

#Gráfico de los resultados.
out <- data.frame(mod.hSDM.binomial.iCAR$theta.pred)
colnames(out) <- c("pred")

#Graficar resultados
coordinates(out) <- coordinates(d)
proj4string(out)=CRS("+init=epsg:4724")
out = spTransform(out,CRS("+init=epsg:4724"))

#grafico del raster
gridded(out) = TRUE
out <- raster(out)
plot(out,main=" ",zlim=c(0,1),col=rev(terrain.colors(20)))

#Efecto Espacial.

out2 <- data.frame(mod.hSDM.binomial.iCAR$rho.pred[1:2530532])
colnames(out2) <- c("rho.pred")

#Graficar los Resultados
coordinates(out2) <- coordinates(d)
proj4string(out2)=CRS("+init=epsg:4724")
out2 = spTransform(out2,CRS("+init=epsg:4724"))
gridded(out2) = TRUE

```

```
out2 <- raster(out2)
plot(out2,main=" ", zlim=c(0,1),col=rev(terrain.colors(20)))
```

Guardando la Predicción.

```
#Guardar la Predicción
matrix<- cbind(coordinates(out), pred=getValues(out))
I <- is.na(matrix[,3])
matrix<- matrix[!I,]
colnames(matrix) <- c("Lon", "Lat", "p")
matrix=as.data.frame(matrix)
matrix$sp=round(matrix$p,2)
cc<-cbind(matrix$Lon,matrix$Lat)
pp_v<-extract(predictors,cc)
pp_v=as.data.frame(pp_v)
pp_v
```

Escribir los resultados.

```
out <- data.frame(matrix[,1:2],pred=mod.hSDM.binomial.iCAR$theta.pred)
write.csv(out, "Theta.csv")
```

```
##efecto espacial
#valor 2530532 debe ser igual al numero de matriz
out2 <- data.frame(matrix[,1:2],
  sp=mod.hSDM.binomial.iCAR$rho.pred[1:2530532])

write.csv(out2, "Spatial_effect.csv")
```