



UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO

DOCTORADO EN CIENCIAS DE LA PRODUCCIÓN Y DE LA SALUD ANIMAL

DESARROLLO DE UN MODELO DE PREDICCIÓN DE
RIESGO DE DISEMINACIÓN DE TUBERCULOSIS BOVINA
CON APOYO DE SISTEMAS DE INFORMACIÓN
GEOGRÁFICA (SIG)

TESIS

QUE PARA OBTENER EL GRADO DE DOCTOR EN CIENCIAS

PRESENTA:

HORACIO ZENDEJAS MARTÍNEZ

TUTOR:

FELICIANO MILIÁN SUAZO

COMITÉ TUTORAL:

JOSÉ JUAN MARTÍNEZ MAYA

GERMINAL JORGE CANTÓ ALARCÓN



Universidad Nacional
Autónoma de México

Dirección General de Bibliotecas de la UNAM

Biblioteca Central



UNAM – Dirección General de Bibliotecas
Tesis Digitales
Restricciones de uso

DERECHOS RESERVADOS ©
PROHIBIDA SU REPRODUCCIÓN TOTAL O PARCIAL

Todo el material contenido en esta tesis esta protegido por la Ley Federal del Derecho de Autor (LFDA) de los Estados Unidos Mexicanos (México).

El uso de imágenes, fragmentos de videos, y demás material que sea objeto de protección de los derechos de autor, será exclusivamente para fines educativos e informativos y deberá citar la fuente donde la obtuvo mencionando el autor o autores. Cualquier uso distinto como el lucro, reproducción, edición o modificación, será perseguido y sancionado por el respectivo titular de los Derechos de Autor.

AGRADECIMIENTOS

- ❖ CONACYT. Proyecto SAGARPA -2003-C01-128.
- ❖ Universidad Nacional Autónoma de México
Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia
Facultad de Estudios Superiores Cuautitlán
Unidad de posgrado INIFAP, Ajuchitlán, Querétaro.
Posgrado UNAM: Programa de Doctorado en Ciencias de la Producción y de la Salud Animal.
- ❖ Instituto Nacional de Investigaciones Forestales Agrícolas y Pecuarias (INIFAP)
 - CENID-Fisiología y Mejoramiento Animal, Ajuchitlán, Querétaro.
 - CENID-Conservación y Mejoramiento de Ecosistemas Forestales (COMEF), México, D.F.
 - CIR-Norte-Centro: Campo Experimental La Laguna, Matamoros, Coahuila.
- ❖ Comisión Estatal para la Erradicación de la Tuberculosis Bovina y Brucelosis (COEETB):
 - Unión Ganadera Regional de Jalisco, Méx.
- ❖ Universidad de Pinar del Río, Cuba
- ❖ Istituto Zooprofilattico Sperimentale dell' Abruzzo e del Molise "G. Caporale", Italia.
- ❖ Natural History Museum and Biodiversity Research Center, The University of Kansas, Lawrence, KS 66054, USA.

Resumen

El presente trabajo tuvo como objetivo evaluar la utilidad de los sistemas de información geográfica en combinación con los métodos geoestadísticos, para predecir la distribución y la prevalencia de la tuberculosis bovina en el estado de Jalisco, con base en una muestra de hatos; esto, ante la creciente necesidad de predecir la situación de las enfermedades en una región a bajo costo. Para esto se utilizó un total de 2,287 hatos del estado de Jalisco, seleccionados electrónicamente de manera aleatoria de una base de datos de la Comisión Estatal para el Control y Erradicación de la Tuberculosis, la cual proporcionó también información sobre la prevalencia de los hatos. Las coordenadas de cada uno de estos hatos se obtuvieron de manera directa con un geoposicionador manual, consultando bases de datos del INEGI o bien utilizando el paquete "Google Earth". La predicción de la prevalencia se hizo utilizando el método geoestadístico de Krigeaje con "Geostatistical Analyst de ArcView". La eficacia del método de predicción se determinó realizando análisis de validación, utilizando los valores estimados mediante el método de krigeaje en cada municipio y posteriormente se compararon con los valores reales de prevalencia utilizando un análisis de correlación, obteniendo un resultado de 0.78. Además se compararon mapas, el de la predicción basado en una muestra de 2,287 hatos con el de la distribución municipal incluyendo el total de 48,766 hatos. La correlación obtenida y la similitud en la regionalización de la tuberculosis de ambos mapas, indica que el método de Krigeaje es una excelente herramienta para predecir su distribución, con un ahorro potencial de dimensiones considerables.

Simultáneamente se probó la hipótesis de que las características medioambientales a macro escala están asociadas con la variación espacial en la prevalencia de tuberculosis bovina (BTB), basándonos en un muestreo extensivo y las pruebas de tuberculina realizadas por las autoridades sanitarias del gobierno Mexicano en el estado de Jalisco. Los modelos de nicho ecológico se desarrollaron considerando la relación entre la presencia de hatos positivos a BTB y aspectos climáticos, topográficos y de superficie. Sin embargo, las predicciones del modelo reflejaron la distribución de los hatos de ganado especializado en la producción de leche versus la distribución del ganado especializado en la producción de carne y la naturaleza no aleatoria de muestrear ya sea ganado positivo o negativo a BTB ;el modelo no fue exitoso en la detección de correlaciones medioambientales a escala de 1 km. Dado que las pruebas empleadas se enfocaron en cualquier predicción en lugar de sucesos aleatorios dando esto como resultado que los hallazgos de no asociaciones medioambientales fueran muy conservadores, concluimos que la BTB es independiente de las características medioambientales a macro escala.

Palabras clave: Epidemiología espacial, modelaje de nicho ecológico, GIS, Ganado, M. bovis, Tuberculosis.

Abstract

A growing need exists for low cost systems to predict the status of diseases within geographical regions. The purpose of this research was to evaluate the use of geographic information systems (GIS) and geostatistical (i.e.: Kriging) methods in predicting the prevalence and distribution of bovine tuberculosis (BTB) in the state of Jalisco, Mexico, based on a sample of herds. Two-thousand two-hundred and eighty-seven herds were electronically selected at random from the Jalisco's State Commission for the Control and Eradication of Tuberculosis (COEETB) data base. Three different approaches (i.e.: a personal Global Positioning System [GPS], Mexico's National Institute for Statistics Geography and Informatics [INEGI]'s data base, and the "Google Earth" software) were used to identify the spatial location of each herd. Kriging, from ArcView Geostatistical Analyst was used to predict the prevalence of BTB. The efficacy of this prediction was determined by model validation performed taking estimated values of BTB at each municipality extracted from the kriging surface and then compared with the real prevalence values using a correlation test giving a value of 0.78. Additionally we compared two maps; one based on our 2,287 sample of herds and the map showing the distribution of Jalisco's total 48,766 herds. The correlation value obtained and the Similarity of BTB regional distribution in both maps shows that Kriging and geostatistics is an excellent tool to predict BTB distribution with major potential savings. Simultaneously we tested the hypothesis that coarse -scale environmental features are associated with spatial variation in bovine tuberculosis (BTB) prevalence, based on extensive sampling and testing of cattle in the state of Jalisco, Mexico. Ecological niche models were developed to summarize relationships between BTB occurrences and aspects of climate, topography and surface. Model predictions, however, reflected the distributions of dairy cattle versus beef cattle, and the non-random nature of sampling any cattle, but did not succeed in detecting environmental correlates at spatial resolutions of 1 km. Given that the tests employed seek any predictivity better than random expectations, making the finding of no environmental associations conservative, we conclude that BTB prevalence is independent of coarse scale environmental features.

Keywords: spatial epidemiology, ecological niche modeling, geographical information systems, tuberculosis, cattle, Mexico.

Índice

AGRADECIMIENTOS	I
RESUMEN	II
ABSTRACT	III
ÍNDICE	IV
Capítulo 1	
Introducción general	1
Capítulo 2	
Marco teórico	
a) Panorama mundial de la Tuberculosis	3
b) Panorama nacional de la Tuberculosis	4
c) Epidemiología de la Tuberculosis bovina	6
d) Campaña para el control y erradicación de la Tuberculosis bovina en México	6
e) Problemas actuales de la vigilancia epidemiológica	8
f) Los sistemas de información geográfica	9
g) La geoestadística	12
h) Aplicación de la geoestadística: aspectos metodológicos	13
• Conocimiento del problema	14
• Estudio epidemiológico del problema	15
• Corrección numérica de la información	15
• Regularización de la información	15
• Análisis exploratorio de datos	16

i) El análisis estructural	17
• Cálculo del semivariograma experimental	18
• Cálculo de semivariogramas medios o globales	19
• Mapa de variogramas	19
• Nube de variogramas	20
• Cálculo de semivariogramas direccionales	20
• Análisis de anisotropías	20
• El ajuste de modelos teóricos	21
• Ajuste de modelos teóricos al semivariograma Experimental	21
• Validación del modelo ajustado	22
j) Descripción del semivariograma experimental	23
• Modelo “efecto pepita”	27
• Modelo esférico	27
• Modelo exponencial	28
• Modelo Gaussiano	28
• Modelo lineal	29
k) Estacionaridad	29
l) Problemas más comunes en el modelaje de semivariogramas	30
• La anisotropía geométrica está presente	30
• La anisotropía zonal está presente	30
• La tendencia de los datos está presente	30
• El efecto proporcional está presente	31

• Existencia de estructuras anidadas	31
• Existencia de “efecto hueco”	31
• La periodicidad está presente	31
j) Estimación	31
• Estimador espacial: Kriging	32
k) Modelaje de nicho ecológico	35
Capítulo 3	
Hipótesis	39
Capítulo 4	
Objetivo	40
Capítulo 5	
Objetivos específicos	41
Capítulo 6	
La utilidad de los sistemas de información geográfica en la predicción de la distribución regional de la tuberculosis bovina	42
Capítulo 7	
Spatial epidemiology of bovine tuberculosis in Mexico	53
Capítulo 8	
Coarse-scale spatial and ecological analysis of tuberculosis in Cattle: an investigation in Jalisco, México.	60

Capítulo 9	
Discusión	71
Capítulo 10	
Conclusiones e implicaciones	74
Capítulo 11	
Referencias	75

INDICE DE FIGURAS Y ESQUEMA

Figura 1: Características del variograma experimental y teórico	25
Figura 2: Comportamiento del variograma en el origen: (a) efecto pepita Y (b) efecto pepita puro ó discontinuo puro	27
Figura 3: Diferentes modelos teóricos utilizados en geoestadística	28
Figura 4: Localización de $Z(x_0)$, punto a estimar	33
Esquema 1: El nicho fenomenológico	37

CAPÍTULO I

INTRODUCCIÓN GENERAL

La Organización Mundial de la Salud informa que a nivel mundial un tercio de la población humana se encuentra infectada con el bacilo de la tuberculosis. Cada año se estima una ocurrencia de más de 10 millones de casos nuevos y 3.5 millones de defunciones por esta enfermedad. En América Latina se reportan alrededor de 650 mil casos nuevos y 50 mil defunciones por año. La Secretaría de Salud del gobierno de México reportó 2,139 defunciones en el año 2005 y 16,404 casos nuevos en el 2006. El agente etiológico causante de la tuberculosis en el ganado, *Mycobacterium bovis*, es responsable de entre el 5 y el 10% de los casos de tuberculosis en humanos (O'Reilly y Daborn, 1995); la leche cruda y los quesos frescos son los productos de mayor riesgo. En México se producen 9.5 millones de litros de leche al año y solo el 72% se industrializa o pasteuriza.

Por otro lado, la comercialización de ganado en pie hacia los Estados Unidos de Norteamérica (EUA) ha obligado a México a mejorar las estrategias de control de enfermedades en su territorio, especialmente de tuberculosis y brucelosis, que se han convertido en dos de las barreras no arancelarias más importantes del comercio de ganado entre estos dos países. Uno de los principales requisitos de EUA para dejar entrar animales en pie a su territorio, es que estos se encuentren libres de tuberculosis y brucelosis. Para asegurar esto, dicho país ha establecido un programa de acreditación de los estados Mexicanos interesados en exportar animales, donde además de avances de campaña (prevalencia de la enfermedad), se evalúa la infraestructura y los servicios veterinarios disponibles para su control. Esto ha obligado a que animales en zonas de peor estatus sanitario no puedan ser movilizados a zonas de mejor estatus, lo que ha ocasionado graves problemas a la actividad pecuaria.

La tuberculosis en el ganado ("BTB") no está distribuida aleatoriamente en México. Aunque la prevalencia en el ganado de carne es baja (<1%), es

considerablemente más alta en el ganado productor de leche (16%), lo que representa un riesgo de salud pública.

La mayor prevalencia de tuberculosis en ganado lechero es debido a la baja participación de los productores en la campaña para el control y la erradicación de la enfermedad. Un estudio en varias cuencas lecheras indica que la participación es menor al 30% (Milián-Suazo y Cols., 2000). Para fomentar la participación de los productores en la campaña el gobierno planteo la certificación de “hatos libres”, si éstos presentan 3 pruebas negativas en el periodo de un año. Sin embargo, a pesar de éstas y otras medidas de bioseguridad , algunos hatos libres con frecuencia reportan la presencia de nuevos casos, lo que hace pensar en posibles factores ambientales que favorecen la persistencia del agente etiológico.

Por lo tanto, el objetivo del presente trabajo fue: desarrollar un modelo geoestadístico para predecir la prevalencia de la tuberculosis bovina en el estado de Jalisco. Los resultados de esta fase experimental dieron origen a la publicación de 2 artículos científicos los cuales se presentan en los capítulos 6 y 7 de esta tesis.

Adicionalmente y de manera simultánea en este trabajo de investigación mediante técnicas de modelaje de nicho ecológico se planteo determinar el efecto de las variables climáticas: temperatura, humedad y precipitación pluvial sobre la persistencia del agente etiológico. Los resultados de los análisis realizados en esta fase experimental dieron origen a la publicación de un artículo científico que se presenta en el capítulo 8.

Un sólido entendimiento de la distribución espacial y la relación medioambiental entre la persistencia de *Mycobacterium bovis* y la ocurrencia de brotes de TB, podrían ser una herramienta que facilite la toma de decisiones en el proceso de la campaña de control y erradicación de la tuberculosis bovina vía la identificación de áreas de mayor o menor riesgo.

CAPÍTULO II

MARCO TEÓRICO

a) Panorama mundial de la tuberculosis.

La Organización Mundial de la Salud (OMS) informa que a nivel mundial una tercera parte de la población se encuentra infectada por el *Mycobacterium tuberculosis* y que cada año se estima una ocurrencia de más de 10 millones de casos nuevos, con 3.5 millones de defunciones (Secretaría de Salud, 2007).

La concurrencia con otras enfermedades ha sido una de las causas del resurgimiento de esta enfermedad. Se ha reportado una ocurrencia mayor de casos en pacientes infectados con el virus de VIH/SIDA. El Programa de VIH/SIDA de las Naciones Unidas informó que la diseminación de la infección generará alrededor de 3 millones de casos nuevos en el mundo a lo largo de los próximos años. De acuerdo a estimaciones de organismos internacionales, se considera que existen 30.6 millones de personas infectadas a nivel mundial, de las cuales 8.4 millones han desarrollado el padecimiento (Secretaría de Salud, 2007).

En América Latina se reportan alrededor de 650 mil casos nuevos y 50 mil defunciones por tuberculosis cada año. En Canadá y Estados Unidos se reportan las tasas más bajas de mortalidad por esta enfermedad, lo mismo que en Cuba, lo que refleja el éxito de las actividades de prevención y control, así como la disponibilidad y acceso de los servicios de salud en esos países (Secretaría de Salud, 2007). Factores como crecimiento de la población suburbana, pobreza (Gutiérrez, 1998), cambios demográficos, infecciones con el virus de inmunodeficiencia humana (VIH) y otras enfermedades que debilitan la respuesta del sistema inmune han incrementado la prevalencia de esta enfermedad en México (Fernández, 1997).

b) Panorama nacional de la tuberculosis

En México, nueve de cada diez casos de tuberculosis corresponden a la forma pulmonar. La incidencia de este tipo de tuberculosis ha mantenido un incremento en los últimos 5 años, después de un período corto de descenso y de un comportamiento epidemiológico irregular que caracterizó a la década de los años 80. De 1993 a 1998 se observó un incremento del 24% en el número de casos de tuberculosis pulmonar y en las tasas de morbilidad, al pasar estas de 14.0 a 18.7 por cada 100 000 habitantes (Secretaría de Salud, 2007); diez entidades federativas contribuyeron con más del 50% de los casos nuevos. A nivel municipal, 160 municipios concentran 2 de cada 3 casos (Secretaría de Salud, 2007).

La mortalidad por tuberculosis en todas sus presentaciones clínicas ha tenido un descenso significativo desde principio de siglo, no obstante, se ha encontrado invariablemente dentro de las primeras veinte causas de defunción en México. De 1990 a 1997 la tasa de mortalidad por tuberculosis en todas las formas ha disminuido 45%, al pasar de 7.6 a 4.4 por cada 100 000 habitantes, en tanto que la pulmonar ha disminuido 48% en el mismo período (Secretaría de Salud, 2007). La mortalidad presenta un patrón geográfico de concentración de las tasa más altas en el sur, Golfo de México y algunas entidades federativas del norte del país. La razón de casos de tuberculosis por cada defunción ha mejorado al pasar de 3.7 en 1990 a 5.3 en 1997, con diferenciales importantes de una entidad a otra. Los estándares de comparación internacional señalan una razón de 8 casos por cada defunción.

El *Mycobacterium bovis*, agente etiológico de la tuberculosis bovina, puede ser la causa de entre el 5 y el 10% de los casos de tuberculosis en humanos (O'Reilly y Daborn, 1995). La infección de humanos con *M. bovis* es transmitida principalmente por vía respiratoria por contacto estrecho entre animales infectados y humanos, Evans y Cols., (2007) mostraron evidencia de transmisión de *M.bovis* de persona a persona.

La infección por vía digestiva por la ingesta de leche o derivados lácteos o por secreciones contaminadas es menos importante (Guillespie y Timoney, 1983; Grange, 1995). De los más de 9.5 mil millones de litros de leche que se producen en México, el 72% se pasteuriza o industrializa y el 28% se consume cruda o se transforma en derivados lácteos sin proceso térmico (Diario Oficial de la Federación, 2007), lo que implica un incremento del riesgo para la salud pública, de aquí la importancia para conseguir la erradicación de la enfermedad en los animales.

La tuberculosis bovina está presente en la población animal en la mayoría de los países en desarrollo, donde frecuentemente el monitoreo y las medidas de control están parcialmente aplicados o no se han implementado (Cosivi, 1994). Las pérdidas por TB en México en 1992 se estimaron en 40 millones de dólares anuales tan solo por desecho involuntario de ganado (Comisión Mexicana para la Erradicación de la Tuberculosis, 1994). Se estima que la TB bovina disminuye la producción de leche en un 17%, reduce la ganancia de peso, la tasa de conversión alimenticia en un 15%, y la fertilidad en un 6% (WHO, 1994).

En la actualidad, una de las principales razones para eliminar la tuberculosis bovina en los diferentes países es la de satisfacer el mercado internacional con productos inocuos para el consumo de la población humana (Cousins, 2001). Además, la tuberculosis se ha convertido en una de las barreras no arancelarias de mayor importancia en el comercio internacional de ganado. La exportación de ganado en pie puede verse afectada cuando animales de origen mexicano son detectados con lesiones de tuberculosis en rastros Estadounidenses (Hernández y Cols., 1997), lo que a su vez pone en riesgo la entrada de más de 480 millones de dólares anuales a México por la exportación de alrededor de 1 200,000 cabezas de ganado bovino en pie (Diario Oficial de la Federación, 2007).

La Organización Mundial de Comercio (OMC) ha determinado la eliminación gradual de los aranceles o impuestos a los productos agropecuarios en las operaciones de importación y exportación entre países y paulatinamente se eliminarán otras restricciones no arancelarias, de tal manera que las únicas

regulaciones que quedarán para el futuro en las operaciones de comercio agropecuario internacional son las medidas sanitarias y fitosanitarias (Campos, 2002). Esto obliga a México a actualizar los sistemas de vigilancia epidemiológica para el control y erradicación de la tuberculosis bovina.

c) Epidemiología de la Tuberculosis Bovina

La tuberculosis bovina es una enfermedad infecciosa causada por el *Mycobacterium bovis*, que se caracteriza por la presencia de granulomas en pulmones, linfonodos y varios otros órganos. La enfermedad se manifiesta en forma crónica y puede ser diseminada en un hato antes de notarse algún signo claro de la enfermedad. En ocasiones permanece a bajos niveles por muchos años y se exacerba cuando la población sufre situaciones de tensión o cuando el sistema inmune se deteriora. La principal forma de diseminación entre hatos es por introducción de animales infectados, donde los factores más importantes en esta diseminación son: número de animales infectados, número de animales susceptibles, y las medidas de control y prevención existentes (Cousins, 2001). La principal vía de infección en susceptibles es por inhalación (Neil y Cols., 1989).

Los programas de control y erradicación de la TB están basados en la estrategia de “prueba y sacrificio,” donde se prueban hatos completos con la prueba caudal y se sacrifica a los reactores. Esta estrategia ha mostrado ser eficiente en países desarrollados; sin embargo, en países en vías de desarrollo es poco efectiva, en especial por el alto costo que representa.

d) Campaña para el control y la erradicación de la tuberculosis bovina en México

En el año de 1993 se creó y estableció legal y operativamente la Comisión Nacional para la Erradicación de la Tuberculosis y la Brucelosis Bovina (CONATB); sin embargo, desde 1942 se habían estado realizando actividades para

el control de la brucelosis y un poco más tarde para el control de la tuberculosis bovina en México.

Para 1995 se creó la Norma Oficial Mexicana NOM-031-ZOO-1995, Campaña Nacional Contra la Tuberculosis Bovina (*Mycobacterium bovis*), en donde una de las acciones que destaca, es la aplicación de la estrategia “Libre de Tuberculosis y Brucelosis” a todos los animales que se movilizan dentro y fuera del país.

Posteriormente, en el año de 1993 se creó el Comité Binacional México-Estados Unidos para el Control de la Tuberculosis con el objeto de asistir a México en sus esfuerzos de erradicación para continuar la exportación de ganado vivo a Estados Unidos. Este Comité evalúa los programas de control y erradicación en los Estados de México y los clasifica con base en la prevalencia de la enfermedad y el grado de avance de sus campañas.

El Estado de Jalisco es uno de los Estados más productivos del país en materia pecuaria, en el año 2004 fue el principal productor de leche con el 17.2% de la producción nacional y en el 2005 el 2° lugar en producción de carne de bovino en pie (SAGARPA, 2007). Jalisco inició sus actividades de control y erradicación de la tuberculosis bovina desde el año de 1980, principalmente en el ganado productor de carne, cuyo destino es la exportación (Huitrón y Milián, 2001). Para 1995 el estado declaró de interés público la implementación de las medidas necesarias para el control y la erradicación de la tuberculosis bovina y se retomaron las actividades de la campaña, formando la Comisión Estatal para la Erradicación de la Tuberculosis y Brucelosis en el estado de Jalisco (COEETB), en la que participan representantes del gobierno federal, a través de la Secretaría de Agricultura, Ganadería, Desarrollo Rural y Pesca (SAGARPA) y la Unión Ganadera Regional como representante de los productores (Huitrón y Milián 2001).

La COEETB de Jalisco puso interés especial en obtener información de los formatos de dictámenes de prueba del proceso de barrido, de tal manera que actualmente se cuenta con una base de datos digitalizada de 7 años con 2 millones 400 mil cabezas probadas.

Jalisco es también uno de los Estados más avanzados en términos de actividades enfocadas a erradicar la tuberculosis, cuenta con un programa de compensaciones y estímulos que ofrece: compensación por sacrificio de reactores en rastro con inspección sanitaria y estímulo por hatillo libre, con un sistema de vigilancia epidemiológica en rastro, realiza rastreo de casos para identificar y eliminar focos de infección y controla la movilización de animales para evitar la diseminación de la enfermedad a zonas libres. Con la ayuda de la vigilancia zoonosanitaria en casetas se verifica el cumplimiento de reglas y procedencia de los animales en movilización (Huitrón y Milián, 2001).

Con estas consideraciones, se seleccionó al Estado de Jalisco para desarrollar el presente proyecto con el fin de que fuera el modelo en la aplicación de la metodología propuesta y pasar después a manejar información de otros estados o de todo el país.

e) Problemas actuales de la vigilancia epidemiológica

La globalización y el desarrollo de los conceptos tanto de regionalización como de análisis de riesgo requiere una evaluación óptima de los servicios nacionales de vigilancia y de monitoreo de la salud animal. Un sistema de servicios epidemiológicos ideal a nivel nacional debería garantizar al mismo tiempo la vigilancia de los agentes patógenos, el monitoreo de los huéspedes así como el estudio del medio ambiente.

Debido a lo antes mencionado, a nivel mundial se ha propuesto un método de estandarización para la evaluación de los sistemas nacionales de vigilancia epidemiológica que permita contar con una base científica a las reglamentaciones sobre importaciones, cuya necesidad es ahora bien reconocida (Hueston, 1993).

Los datos epidemiológicos, climáticos y geográficos son colectados rutinariamente; sin embargo, estos datos no son directamente correlacionados con la salud animal. Datos de alimentación, causas de decomiso en rastros, sistemas de distribución y mercadeo son factores importantes en la epidemiología de las

enfermedades, pero tampoco son considerados para analizar causa-efecto sobre éstas; de este modo, la simple colección de datos no constituye un sistema de vigilancia epidemiológica efectivo, estos datos deben ser analizados descriptiva y estadísticamente para obtener información objetiva, de relevancia y de credibilidad que permita dar base científica a los programas de control y prevención de enfermedades y que además sirva para atender demandas de comercio internacional (Christensen, 2001).

De no establecerse estas unidades de análisis de información de riesgo o de no contar con profesionales capacitados en esa materia, México se verá limitado en el sustento científico de la aplicación de sus medidas sanitarias de importación y exportación y en la definición de sus zonas libres o de baja prevalencia de enfermedades y plagas. De igual forma, no se contará con la capacidad para analizar los estudios de evaluación de riesgo de otros países o para argumentar las medidas de importación impuestas por otros países que pudieran obstaculizar operaciones de comercio agropecuario (Campos, 2002).

f) Los sistemas de información geográfica (GIS)

Los sistemas de información geográfica (GIS, por sus siglas en inglés) son sistemas de cómputo para análisis y presentación de información resumida a partir de conjuntos de datos digitalizados de referencias geográficas.

Este sistema puede favorecer la organización y el análisis de la información para facilitar el entendimiento de la epidemiología de la tuberculosis bovina en México y cubrir las necesidades de información de las autoridades nacionales para sustentar acuerdos comerciales. Los GIS están constituidos por sistemas que integran programas de cómputo, conjuntos de bases de datos y personas para manipular, analizar y presentar información espacial, proveen un medio para la integración multisectorial de datos y permite una fácil visualización de la magnitud de un problema con relación a su medio ambiente, infraestructura social y de salud existente. Esta tecnología ha sido usada exitosamente para incrementar el estudio

espacial y de patrones en tiempo de muchas enfermedades (Broker y Michael, 2000).

Los GIS pueden ser usados como una herramienta en cualquier disciplina que maneje datos que puedan ser conectados con localizaciones geográficas, tales como ciudades, regiones, comunidades o coordenadas.

El sistema muestra los datos como capas que pueden mostrarse una por una o al mismo tiempo sobrepuestas en una pantalla, las cuales son almacenadas y tienen conexión con una base de datos en la que se tienen los elementos georeferenciados.

Los datos se pueden visualizar a través de un identificador común (ID). Así, con la ID se puede mostrar la información relevante de una enfermedad, de un animal, de una granja, o de cualquier otro elemento de interés (Norstrom, 2001). Este tipo de sistemas han sido usados ampliamente en medicina humana (Briggs y Elliott, 1995; Robinson, 2000). Por ejemplo, se uso GIS para identificar focos de brotes, elucidar patrones de dispersión, orientar las estrategias de control y determinar los factores de riesgo de la adquisición de clamidiasis y gonorrea en 40,000 miembros varones activos de una base militar en Carolina del norte en E.U.A. (Zenilman y Cols., 2002).

En México se uso para determinar los patrones geográficos y definir áreas de alto riesgo de infecciones de cólera en niños (Borroto, 2000).

Se usó también como una herramienta de análisis y visualización para tener un mejor entendimiento de la extensión espacial de las infecciones helmínticas en infantes a nivel mundial (Brookers y Michael, 2000). En la República Checa (Zeman, 1997) se utilizó para realizar una representación cartográfica de la incidencia, prevalencia, riesgos y amplitud de la distribución de la encefalitis y la borreliosis ocasionada por garrapatas.

En el mapeo de la distribución geográfica del *Plasmodium falciparum* causante de la malaria, el GIS se ha empleado con el objeto de desarrollar programas de control y predicción de la incidencia y prevalencia a través de áreas continentales (Hay y Cols, 2000; Kleinsschmidt y Cols., 2000). Asimismo se ha utilizado para

predecir la distribución de las garrapatas a nivel mundial, los determinantes del hábitat, el efecto del clima sobre la distribución, y la predicción del riesgo de infección en humanos por la enfermedad de Lyme y encefalitis (Randolph, 2000).

En África se usó para determinar modelos de transmisión de la Tripanosomiasis humana, considerando el efecto del clima sobre patrones de distribución de la mosca tse-tse, el mapeo de la incidencia y la prevalencia en tiempo y espacio, así como otros factores de riesgo (Rogers, 2000).

La Organización Mundial de la Salud (WHO, por sus siglas en inglés) y el Fondo de las Naciones Unidas para la Infancia, conocido como UNICEF, han estado trabajando con las agencias gubernamentales de salud en la promoción, la implementación y el uso del mapeo a través del GIS para planear y monitorear los programas de salud (Brooker y Michael, 2000). Tal información en mapas crea una poderosa herramienta para monitorear y realizar programas de control y permite una eficiente detección de fuentes y comunidades que podrían estar en riesgo (Brooker y Michael, 2000).

La necesidad de usar GIS en medicina veterinaria emergió en la década pasada, entre otras razones por el rápido desarrollo de los sistemas y paquetes de cómputo y el surgimiento de nuevos agentes infecciosos; así como la posible incursión y diseminación de agentes patógenos a localidades con estatus de "libres;" dado esto último como consecuencia de la firma del tratado de libre comercio entre varios países. En Estados Unidos de Norteamérica, el Departamento de Agricultura (USDA) ha hecho uso de GIS en muchos aspectos de su operación. Por ejemplo, lo está usando para localizar geográficamente todas las granjas de la nación. En Pensilvania se ha empleado en la localización de granjas de aves, soporte industrial y sistemas de mercadeo (Davison, 2002). Otros países también han reconocido sus beneficios; en Sudáfrica se está utilizando para estimar el incremento de producción de alimentos necesarios para una población en crecimiento (Crandall, 2002).

En México recientemente se publicó el uso de sensores remotos y GIS para el control de un brote del gusano barrenador, lográndose el control gracias a la

unidad de investigación “Barrenador USDA-ARS” la cual ha desarrollado métodos para la identificación de hábitats favorables para esta plaga utilizando una combinación de sensores remotos y datos de campo (Phillips y Welch, 2003).

g) La Geoestadística

La geoestadística por su parte es una metodología que se puede complementar con GIS para fines de predicción. Esta es una herramienta que permite describir la continuidad espacial de cualquier fenómeno natural y conocer la forma en que las variables varían en el espacio (patrón espacial), a una o varias escalas seleccionadas, con un nivel de detalle que permite cuantificar la variación espacial de la variable en distintas direcciones (Gallardo, 2006).

En el campo de las geociencias es común encontrar variables distribuidas espacialmente, por lo que para estudiarlas se usan diversos procedimientos geoestadísticos de estimación así como también de simulación. Esto es, a partir de un conjunto de muestras tomadas en localizaciones específicas se puede predecir la situación de un fenómeno en áreas donde el muestreo no es posible. Estos procedimientos permiten la descripción o caracterización de las variables con dos fines: proporcionar valores estimados en localizaciones de interés y generar valores que en conjunto presenten características iguales de dispersión que los datos originales.

La geoestadística tiene una de sus principales aplicaciones en la industria minera donde busca, explora y evalúa yacimientos minerales. En esta industria es importante el pronóstico científico en la localización de los yacimientos, la elaboración de métodos eficaces para la exploración y la evaluación geológico-económica para su explotación (Lepin y Ariosa, 1986; Armstrong y Carignan, 1997; Chica-Olmo, 1987). Debido al tipo de datos generados en minería, el objetivo principal es estimar valores desconocidos a partir de valores conocidos, para la estimación y caracterización de los recursos y reservas (Gotway, 1991 y Cressie, 1991; Rivoirard y Guiblin, 1997).

Esta disciplina tiene su origen en la Escuela Superior de Minas de París, y está basada en la aplicación de la distribución log normal y la contribución de Krige con la aplicación del análisis de regresión entre muestras y bloques de mena. Todos estos trabajos fijaron la base de la geoestadística lineal, además, de la introducción de la teoría de funciones aleatorias.

Esta herramienta se reconoce como una rama de la estadística tradicional que parte de la observación de que la variabilidad o continuidad espacial de las variables distribuidas en el espacio tienen una estructura particular (Journel y Huijbregts, 1978; Curran y Atkinson, 1998). Por esto se desarrollaron herramientas matemáticas para el estudio de estas variables dependientes entre sí, llamadas, según Matheron (1970) variables regionalizadas.

De forma general, las observaciones van acompañadas de una posición en el espacio, es decir, son georeferenciadas, característica que las distingue del resto de las variables estadísticas, éstas son las anteriormente denominadas variables regionalizadas. Matheron fue quien elaboró la teoría presentada en diferentes fuentes (Matheron, 1970; Journel y Huijbregts, 1978; David, 1977).

En resumen, la aplicación de la teoría de los procesos estocásticos a los problemas de evaluación de reservas de distintos tipos de materias primas minerales, y en general a las ciencias naturales en el análisis de datos distribuidos espacial y temporalmente (Christakos y Raghu, 1996), dio origen a lo que hoy se conoce como geoestadística.

h) Aplicación de la geoestadística: aspectos metodológicos

El uso de los métodos geoestadísticos exige un análisis previo de la estructura espacial de la información disponible. Antes de proceder a la realización de las estimaciones por el procedimiento de krigeaje, se deben tomar en consideración algunos aspectos como: conocimiento del problema a resolver, cálculo de la estadística básica a fin de conocer el comportamiento de la información, cálculo de los semivariogramas experimentales, que revelan las características de

continuidad espacial del fenómeno que se estudia, ajuste de los modelos teóricos de semivariogramas y finalmente, la realización de las estimaciones.

La estimación geoestadística puede hacerse de dos formas:

- Estimación puntual, donde sólo se obtiene un valor estimado en una localización deseada o en los puntos de una red de estimación definida sobre la región de estudio.
- Estimación de bloque, donde se obtiene el valor medio de la propiedad que se estima en bloques definidos sobre el dominio, rectángulos para aplicaciones en dos dimensiones y paralelepípedos para tres dimensiones.

Los puntos o bloques a estimar deben ser seleccionados de los definidos en una región rectangular que cubra el dominio, con el objetivo de contornear la zona de interés, es decir, seleccionar los puntos, cuadrículas o bloques que están dentro de los límites de la región de estudio, en el caso minero la zona mineralizada de interés.

En una aplicación geoestadística se transita por cuatro etapas fundamentales que varían de acuerdo al problema particular a resolver. Estas etapas son: 1.- Conocimiento del problema. 2.- Análisis estructural. 3.- La estimación o simulación. 4.- Tratamiento de los resultados geoestadísticos.

✓ Conocimiento del problema

Una vez obtenidos los datos, es necesario que se controlen integralmente para verificar su exactitud, esto significa que todos los errores numéricos deben estar corregidos en la base de datos. Es importante además que se esté familiarizado con el problema a resolver. Todo esto permitirá realizar adecuadamente la regularización de la información y un detallado análisis exploratorio de datos.

Esta etapa incluye los siguientes pasos: 1. Estudio epidemiológico del problema, 2. Corrección numérica de la información, 3. Regularización de la información, y 4. Análisis exploratorio de datos.

✓ **Estudio epidemiológico del problema**

Para la aplicación efectiva de la geoestadística es un requerimiento fundamental tener conocimiento de la estructura epidemiológica en que se desarrolla el fenómeno a estudiar. En resumen, deben conocerse todos los elementos que permitan inferir las características del fenómeno en estudio.

✓ **Corrección numérica de la información**

Un elemento a tomar en cuenta en el almacenamiento de la información es la calidad de la información primaria, tanto aquella procedente de informes como la de formato digital, ya que ésta va a determinar la veracidad de los resultados (Armstrong y Carignan, 1997). Antes de comenzar el procesamiento de la información, debe controlarse y corregirse toda la información numérica, lo cual resulta de gran importancia debido a que un error en la etapa inicial se reflejará sistemáticamente durante todo el estudio. Existen momentos en los que las herramientas informáticas a aplicar pueden detectar anomalías en la información, pero que dependiendo del grado de la modificación introducida pueden también quedar ocultas. Los resultados del procesamiento son sensibles al nivel y calidad de la información.

✓ **Regularización de la información**

Este aspecto tiene como objetivo organizar la información para el procesamiento, debe efectuarse sobre toda la zona de interés.

✓ Análisis exploratorio de datos

Una vez que se tiene conocimiento del problema, se poseen los datos corregidos, y la información regularizada, es importante calcular las estadísticas básicas a fin de determinar homogeneidad en la información.

Buscar valores extremos o poblaciones mixtas que puedan influir negativamente en el procesamiento geoestadístico. En este paso es útil estudiar los histogramas y el mapa de localización de datos reales de manera conjunta. Esto permite reflejar las localizaciones de posibles valores extremos y la existencia de poblaciones mixtas, que pudieran encontrarse diferenciadas geográficamente e impliquen ser tratadas por separado.

Pueden compararse los valores de la media y la mediana (los cuales deben ser del mismo orden), el valor del coeficiente de variación debe ser menor que uno, para un conjunto pequeño de datos es conveniente inferir del histograma si éstos se distribuyen de forma normal y comprobar la normalidad con pruebas de bondad de ajuste. En el caso de poblaciones con un número grande de muestras, por teorema del límite central se puede inferir homogeneidad estadística (Isaaks y Srivastava, 1989), y sólo hacer un análisis exploratorio de datos que permita descubrir la existencia de valores anómalos, datos erróneamente muestreados, etc. (Cuador y Quintero, 1999).

La inexistencia de homogeneidad estadística, puede ser debida a las siguientes razones:

- 1.- La información obtenida resultado de la exploración, no es suficiente para realizar inferencia alguna.
- 2.- La información presenta un alto coeficiente de asimetría. En este caso las técnicas que mejores resultados ofrecen son las de la Geoestadística no Lineal.

La presencia de dependencia espacial en los valores de una variable a medir significa que éstos dependen de su localización en el espacio, por lo que los valores de una variable próximos en el espacio están relacionados entre sí, se influyen entre sí, y tienden a presentar valores similares, pues sus características

de ubicación son semejantes. A medida que los puntos en que se midió la variable de interés se encuentran más alejados, estas relaciones de dependencia y de similitud entre sus características y, por ende, entre sus valores, van disminuyendo.

En definitiva, los valores de la variable de interés dependen de su localización, pero no tanto de su localización propia, sino de su localización relativa, esto es, de su ubicación respecto de los demás puntos en que se midió la variable (Cuador y Quintero, 1999).

A diferencia de otros métodos de interpolación, como por ejemplo el inverso de la distancia, el “krigeaje” utiliza en la estimación las características de variabilidad y correlación espacial del fenómeno estudiado, por lo que su uso implica un análisis previo de la información con el objetivo de definir o extraer de esta información inicial un modelo que represente su continuidad espacial. Logrado esto, se puede obtener el mejor valor posible en cada localización o bloque a estimar a partir de los datos medidos, acompañada de la varianza de krigeaje como medida del error de la estimación realizada (Armstrong y Carignan, 1997), lo que distingue al krigeaje de otros métodos de interpolación (Abasov y Cols., 1990; Carr, 1995; Cuador y Quintero, 1999).

- **El análisis estructural**

El análisis estructural o estudio de variabilidad es la etapa fundamental de todo estudio geoestadístico. Este tiene como objetivo determinar las características estructurales del fenómeno estudiado, utilizando la herramienta más valiosa de que se dispone: el semivariograma experimental. Posteriormente se reflejan las características de variabilidad y correlación espacial a través de modelos teóricos de semivariogramas (Armstrong y Carignan, 1997).

La función básica que describe la variabilidad espacial de un fenómeno de interés se conoce como semivariograma.

El semivariograma responde a la siguiente pregunta ¿Qué tan parecidos son los puntos en el espacio a medida que estos se encuentran más alejados? (Gallardo, 2006).

El análisis estructural o estudio variográfico según Armstrong y Carignan (1997) está compuesto por:

1. El cálculo del semivariograma experimental.
2. El ajuste a este de un modelo teórico conocido (Cuador y Quintero, 1999).

✓ Cálculo del semivariograma experimental

El cálculo del semivariograma experimental es la herramienta geoestadística más importante en la determinación de las características de variabilidad y correlación espacial del fenómeno estudiado (Chica-Olmo, 1987), es decir, tener conocimiento de cómo la variable cambia de una localización a otra (Lamorey y Jacobsom, 1995; Issaks & Co.,1999), y tiene como objetivo revelar las características de continuidad espacial del fenómeno en estudio, es decir, tener conocimiento de cómo cambia el valor de la variable de una localización a otra.

Los parámetros a tener en cuenta para el cálculo son: el incremento ("*lag*" en inglés), la tolerancia lineal, la cual debe ser la mitad del incremento inicial y las direcciones de cálculo con sus correspondientes tolerancias angulares. Es importante resaltar que el semivariograma debe ser calculado hasta aproximadamente la mitad de la distancia máxima entre las muestras, según la dirección de cálculo. Este hecho se debe a que a partir de esta distancia la cantidad de pares comienzan a disminuir y la información que se aporta deja de ser estadísticamente significativa. El incremento, para múltiplos del cual se calculan los valores del semivariograma, se recomienda sea del orden de la distancia promedio entre las localizaciones contiguas (Cuador y Quintero, 1999).

Esta etapa incluye los siguientes elementos que se complementan mutuamente: 1. Cálculo de semivariogramas medios o globales, 2. Mapa de variogramas, 3. Nube de variogramas, 4. Cálculo de semivariogramas direccionales, 5. Análisis de anisotropías.

✓ Cálculo de semivariogramas medios o globales

El semivariograma medio u “omnidireccional” conocido también como semivariograma isotrópico o global, tiene como objetivo proporcionar la variabilidad espacial de los datos de forma global, sin centrar la atención en alguna dirección en particular. Utiliza tolerancia angular de 90° , lo cual hace que sus valores para cada paso sean iguales para cualquier dirección analizada.

Es el más idóneo para obtener un comportamiento espacial estructurado y advertir sobre la existencia de semivariogramas direccionales erráticos, por lo que se propone sea calculado inicialmente. Si este semivariograma no produce una estructura definida, no debe esperarse un mejor aspecto en los semivariogramas direccionales, en este caso es importante descubrir las causas que ocasionan el comportamiento errático (Armstrong y Carignan, 1997).

✓ Mapa de variogramas

El mapa de variogramas visualiza de una forma rápida y práctica la existencia de anisotropía, permitiendo obtener de forma aproximada la dirección de mayor y menor continuidad espacial para iniciar el cálculo de los semivariogramas direccionales. Proporciona la vía para la realización de un análisis de anisotropía adecuado. En ocasiones se hace difícil su interpretación, porque se debe recurrir al cálculo de semivariogramas en diferentes direcciones revelando la existencia de un comportamiento espacial diferente a partir de éstos (Isaaks & Co.,1999).

✓ Nube de variogramas

Este proceso de análisis de variabilidad espacial puede resultar engorroso por la existencia de valores extremos en los datos. La nube de variogramas es una herramienta útil que tiene como objetivo detectar diferencias significativas en los valores de los pares de datos, de encontrarse éstas, el par correspondiente no debe tenerse en cuenta en el cálculo del semivariograma. Además, brinda la posibilidad de encontrar el incremento adecuado en el cálculo de los semivariogramas (Armstrong y Carignan, 1997).

✓ Cálculo de semivariogramas direccionales

Los semivariogramas direccionales tienen como objetivo realizar al análisis de la variabilidad de la información centrando la atención en una dirección particular. Utilizan tolerancia angulares menores de 90° , permitiendo el desarrollo del análisis de anisotropía (Cuador y Quintero, 1999).

✓ Análisis de anisotropías

Con el objetivo de encontrar diferencias en el comportamiento espacial en las diferentes direcciones del plano, se realiza un análisis de anisotropía. Esto implica calcular varios semivariogramas, más exactamente, pueden ser calculados en cuatro direcciones separadas 45° , con tolerancia angular de 22.5° , o en ocho direcciones separadas 22.5° con tolerancias angulares 11.25° u otras combinaciones, comenzando por la dirección 0° hasta encontrar la dirección de mayor y menor continuidad espacial. Una forma práctica es utilizar la dirección obtenida de forma aproximada en el cálculo del mapa de variogramas. Los semivariogramas calculados deben ser representados en un mismo gráfico. Cuando ya se dispone de las direcciones de mayor y menor continuidad es suficiente analizar sólo éstas (Zimmerman, 1993).

Cuando los semivariogramas calculados de esta forma no presentan diferencias significativas, el fenómeno se considera isotrópico, y el comportamiento de su variabilidad puede ser descrito por el semivariograma medio correspondiente.

✓ **El ajuste de modelos teóricos**

Los resultados obtenidos con los semivariogramas experimentales no son utilizados directamente en el proceso de estimación, para ello deben antes ajustarse modelos teóricos a los semivariogramas experimentales. Este proceso se realiza de forma visual, y debe ser validado.

Los modelos teóricos utilizados deben ser los autorizados, es decir, aquellos que sean “definidos positivo” o de “tipo positivo”, si no puede existir el riesgo de encontrar varianzas negativas. (Cressie y Grondona, 1992; Deutsch, 1994; Armstrong y Carignan, 1997; Wackernagel, 1995). Esta etapa incluye los siguientes pasos: 1. Ajuste de modelos teóricos al semivariograma experimental obtenido, y 2. Validación del modelo ajustado (Cuador y Quintero, 1999).

✓ **Ajuste de modelos teóricos al semivariograma experimental**

El ajuste de modelos teóricos de semivariogramas tiene como objetivo obtener un modelo que represente las características de variabilidad y correlación espacial del fenómeno estudiado a través de una expresión analítica. En general este ajuste se desarrolla de forma visual, aproximando modelos de semivariogramas conocidos a los puntos experimentales, donde debe obtenerse el valor del efecto pepita, si existe, un modelo de semivariograma por cada estructura ajustada con sus correspondientes parámetros meseta y alcance. Si el fenómeno presenta anisotropía se obtiene un alcance por cada dirección de mayor y menor continuidad espacial, de lo contrario existe isotropía y es suficiente un solo alcance (Cuador y Quintero, 1999).

En ocasiones se realizan ajustes automáticos (Gotway, 1991). En este caso, aunque se encuentra el mejor ajuste, es importante verificar que el modelo obtenido sea de tipo positivo (Chauvet, 1994). Por lo que se recomienda el uso de modelos autorizados y el ajuste visual, con el correspondiente proceso de validación. Finalmente debe obtenerse uno o varios modelos de semivariogramas con los correspondientes valores de meseta y alcance. El modelo así obtenido debe representar fielmente los aspectos que se suponen importantes del semivariograma experimental, el cual será usado posteriormente en el proceso de estimación o simulación (Journel y Huijbregts, 1978; Cuador y Quintero, 1999).

✓ Validación del modelo ajustado

Como el ajuste de los modelos teóricos al semivariograma experimental se realiza de forma visual o interactiva, variando los valores C_0 (efecto de pepita), $C + C_0$ (meseta) y “a” (alcance), hasta coincidir con los parámetros que mejor se ajustan, es conveniente validar el modelo seleccionado y los parámetros meseta y alcance escogidos. Con el objetivo de validar el modelo ajustado en la etapa anterior se utiliza el método de validación cruzada (Cuador y Quintero, 1999). Este procedimiento consiste en eliminar temporalmente el valor de una localización en la información inicial y re estimar éste por krigeaje a partir de la información restante, repitiendo el proceso para cada localización muestreada. De este modo se obtiene un error de estimación dado por la diferencia de los valores reales y los estimados para cada dato disponible. Es razonable esperar que la media de los errores y la de los errores estandarizados estén próximas a cero, la varianza de los errores estandarizados esté próxima a uno, como se muestra a continuación:

1. El error medio, dado por $T_1 = (1/n) \sum_{i=1,n} [Z(x_i) - Z^*(x_i)]$, debe ser aproximadamente igual a cero.
2. El error medio cuadrado, dado por $T_2 = (1/n) \sum_{i=1,n} [Z(x_i) - Z^*(x_i)]^2$, debe ser pequeño.

3. La medida, $T_3 = (1/n) \sum_{i=1,n} \{[Z(x_i) - Z^*(x_i)]/\sigma\}^2$, debe ser igual a uno.
4. La medida, $T_4 = \text{Corr}\{[Z(x_i) - Z^*(x_i)]/\sigma, Z^*(x_i)\}$, debe ser cero.
5. La medida, $T_5 = \text{Corr}\{Z(x_i), Z^*(x_i)\}$, debe ser uno.

Se debe esperar además que la nube de correlación entre los valores reales y estimados muestre puntos próximos a la recta central con buena correlación. En el caso de conjuntos de datos con un gran número de muestras no es imprescindible realizar una validación del modelo ajustado, es conveniente detallar la continuidad espacial a pequeñas distancias y el comportamiento del semivariograma en el origen, debido a la propiedad del krigeaje de asignar mayor peso a las muestras más cercanas a la localización o bloque que se desea estimar que a las más distantes. Este proceso de validación puede resultar en algunos casos innecesarios cuando la curva teórica describe exactamente la curva experimental de los semivariogramas (Armstrong y Carignan, 1997; Cuador y Quintero, 1999). El proceso de análisis estructural culmina cuando se ha obtenido una validación aceptable de acuerdo a los criterios mencionados o un análisis adecuado de la estructura espacial y se dispone del modelo a utilizar en el proceso de estimación o simulación.

i) Descripción del semivariograma experimental

El variograma se define como la media aritmética de todos los cuadrados de las diferencias entre pares de valores experimentales separados una distancia “h” (Journel y Huijbregts, 1978), o lo que es lo mismo, la varianza de los incrementos de la variable regionalizada en las localizaciones separadas una distancia “h”:

$$\text{Var} \{Z(x+h)-Z(x)\} = 2\gamma(h)$$

La función $\gamma(h)$ se denomina **semivariograma**, la cual puede ser obtenida por la expresión:

$$\gamma(h) = \frac{1}{2N_p(h)} \sum_{i=1}^{N_p(h)} [Z(x_i) - Z(x_i + h)]^2$$

Donde:

$\gamma(h)$ es la semivarianza para todas las muestras localizadas en el espacio separado por el intervalo de distancia "**h**".

$N_p(h)$, es el número total de pares de muestras separados por un intervalo de distancia h .

$Z(x_i + h)$ y $Z(x_i)$ es una pareja de valores muestrales de la variable **Z**, en los puntos $(x_i + h)$ y (x_i) , (la localización de cada punto es dada por sus coordenadas cartesianas).

"**h**" es la distancia entre parejas de puntos en la dirección " " en el plano. A esta distancia se le denomina paso del variograma.

Normalmente " " es alguna de cuatro direcciones principales en el plano: Este-oeste (0°), Noreste-Suroeste (45°), Norte-Sur (90°) y Noroeste-Sureste (135°).

Calculado el variograma experimental medio (media de los cuatro variogramas direccionales), el siguiente paso es el estudio del comportamiento espacial de la variable a través del variograma teórico, que es un modelo de variograma que se ajusta al experimental (Cressie, 1991). La razón por la cual se utiliza el variograma teórico es: en primer lugar, ya se tienen calculados sus parámetros, que posteriormente se usan en la fase de interpolación-estimación espacial por Krigeaje; y, además, está definido para toda distancia de "**h**", mientras que el experimental sólo es conocido para las distancias dadas entre los puntos muestrales (Cuador y Quintero, 1999).

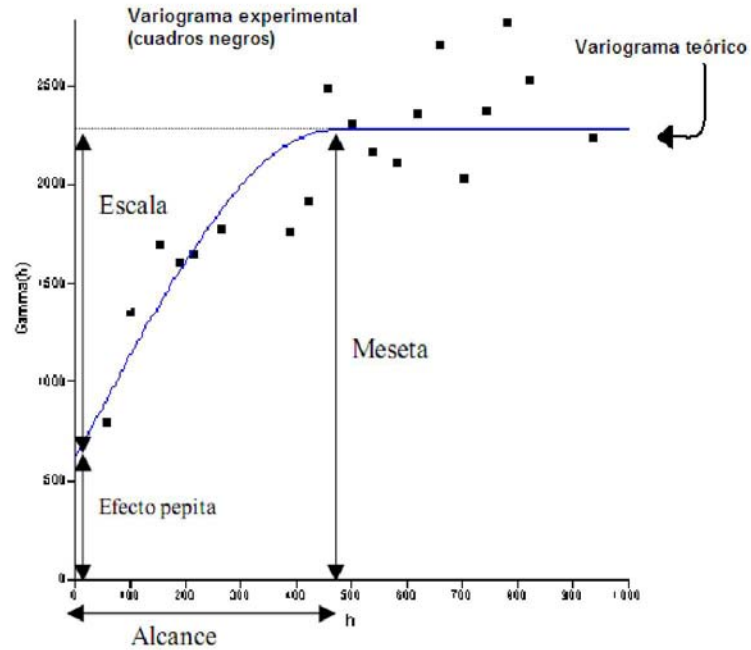


Figura 1: Características del variograma experimental y teórico.

Existen dos tipos de variogramas: con meseta y sin meseta. Los variogramas con meseta son estacionarios, y en ellos se observa un rápido incremento (aumento de la variabilidad entre los valores de la variable) a medida que aumenta la distancia “h” entre las localizaciones de las muestras, hasta que se produce su estabilización en torno a la meseta, que es el valor mayor que toma el variograma.

La meseta coincide con la varianza de la variable muestral, y presenta media constante. Se representa como $(C_T = C + C_0)$. Puede obtenerse trazando una línea paralela al eje de las abscisas y que se ajuste a los puntos de mayor valor del semivariograma y su valor se lee en la intersección de esta línea con el eje de las ordenadas (Cuador y Quintero, 1999).

La distancia para la cual se produce la estabilización del variograma se denomina alcance (se representa por A_0) y representa la distancia hasta la cual los valores de la variable están correlacionados entre sí (en nuestro caso, la distancia hasta la cual los valores de la prevalencia de tuberculosis bovina, medidos en cada hato, se influyen entre sí; a partir de dicha distancia los valores de la prevalencia de tuberculosis bovina dejan de presentar dependencia espacial).

Los variogramas sin meseta o no estacionarios aumentan ilimitadamente. Se corresponden con variables de varianza infinita (con capacidad de dispersión ilimitada), pudiendo ser su media constante o no constante (en este último caso, se dice que la variable presenta deriva o tendencia).

Cuando se obtienen variogramas diferentes para las diversas direcciones en el plano, se dice que la variable presenta anisotropía. Ello implica que los valores del variograma no dependen solamente del valor del vector "h", como ocurriría en caso de isotropía, sino también de su dirección. En este punto se debe obrar con cautela, pues los diferentes variogramas pueden también deberse a una alta heterogeneidad en los datos o, simplemente, a las fluctuaciones muestrales.

Cuando el variograma no parte del origen del plano cartesiano, sino que presenta discontinuidad en el origen para $h=0$, se dice que existe "efecto pepita" (en inglés "nugget effect"). El efecto pepita se representa como C_0 , ello significa que la variable tiene cierto grado de discontinuidad para pequeñas distancias: por ejemplo, cuando existen hatos muy cercanos con valores de prevalencia de tuberculosis bovina muy diferentes.

El efecto pepita también puede deberse a que exista una escala de variación en la variable que sea inferior a las distancias existentes entre los hatos del muestreo, por lo que éste ha sido incapaz de detectarla, apareciendo así un cierto grado de aleatoriedad en el origen. También puede ser causado por errores de medida o de muestreo. Un caso extremo de discontinuidad es el de una variable con comportamiento aleatorio puro (efecto pepita puro), que se da cuando no existe dependencia espacial entre sus valores. Entonces, el variograma parte

del valor de la varianza experimental y continúa paralelo al eje de abscisas (Cuador y Quintero, 1999).

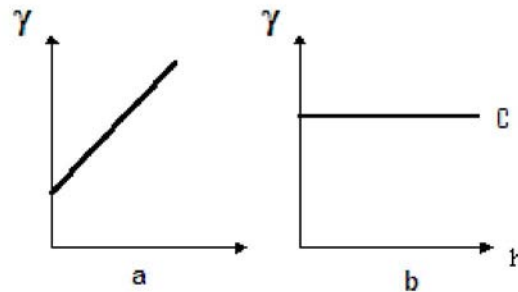


Figura 2: Comportamiento del variograma en el origen: (a) efecto pepita y (b) efecto pepita puro ó discontinuo puro.

Existen numerosos modelos teóricos que se utilizan en geoestadística, siendo los más comúnmente usados el modelo esférico, el modelo exponencial, el modelo gaussiano, el modelo “efecto pepita” y el modelo lineal. Estos modelos se pueden observar en la Figura 3. El ajuste a una función permite extraer una serie de parámetros que son los que van a ser usados para la interpolación geoestadística (krigeaje) y que definen el grado y escala de variación espacial.

- **Modelo “Efecto Pepita”:** Corresponde a un fenómeno puramente aleatorio (ruido blanco), sin correlación entre las muestras, cualquiera que sea la distancia que las separe (figura 2 b), donde C representa el valor de la meseta.
- **Modelo Esférico:** Este modelo es probablemente el más utilizado, se puede observar un crecimiento casi lineal y después a cierta distancia finita del origen se alcanza una estabilización, la meseta. La tangente en el origen encuentra a la meseta en el punto de la abscisa $(2/3)$ “a”, donde “a” representa el valor del alcance.

- **Modelo Exponencial:** Este modelo a diferencia del esférico crece inicialmente más rápido y después se estabiliza de forma asintótica.

Como la meseta no se alcanza a una distancia finita, se usa con fines prácticos el “alcance efectivo” o “alcance práctico” (a'), valor que se obtiene en el punto de abscisa para el cual el modelo obtiene el 95% de la meseta, con un valor $a' = 3a$, donde “ a ” es el parámetro de escala. La tangente en el origen encuentra a la meseta en el punto $a = (1/3)a'$ (Cuador y Quintero, 1999).

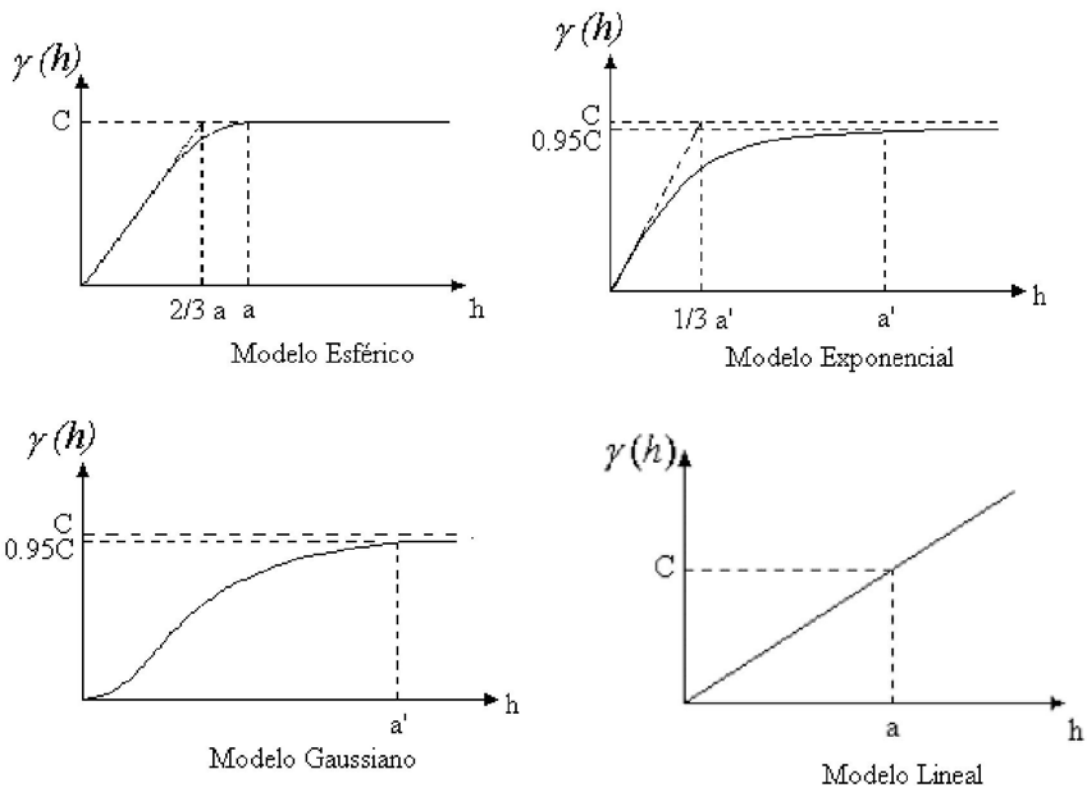


Figura 3: Diferentes modelos teóricos utilizados en geoestadística.

- **Modelo Gaussiano:** Este es un modelo extremadamente continuo, inicialmente presenta un comportamiento parabólico en el origen, después,

al igual que en el modelo exponencial, alcanza la meseta de forma asintótica. El alcance práctico tiene un valor de $a' = 1.73a$, que es el valor de la abscisa donde se alcanza el 95% de la meseta.

- **Modelo lineal:** No tiene ni meseta ni alcance.

j) Estacionaridad

El empleo de técnicas geostadísticas requiere el cumplimiento de estacionaridad de segundo orden, es decir, al menos la varianza debe ser igual en las diferentes zonas del área de estudio.

La falta de estacionaridad puede deberse a la existencia de anomalías en el espacio, a la existencia de una tendencia espacial cuya dimensión es mayor que el área de estudio. La estacionaridad puede ser un problema a la hora de la interpolación de puntos en el espacio, pero no justifica el abandono de la geoestadística a favor de otras técnicas de interpolación (como la técnica del inverso de la distancia), ya que son igualmente sensibles a la falta de estacionaridad (Isaaks y Srivastava, 1989).

Existen varias formas de evitar que la no estacionaridad de los datos afecte la estimación de puntos en el área seleccionada. Puede que esta se deba a la existencia detectable de dos poblaciones dentro del mismo espacio de muestreo. En este caso, lo más conveniente es dividir el espacio en estas dos poblaciones, realizar semivariogramas e interpolaciones para cada una de ellas para después unir el resultado en un mapa único. Otra aproximación al problema es restringir el radio de búsqueda de vecinos que ayuden a interpolar un valor en una zona no muestreada (Gallardo, 2006). Esta aproximación se basa en que en la mayoría de los casos la estacionaridad es “global” pero no se encuentra estacionaridad “local,” con lo que restringiendo el uso de vecinos a distancias convenientemente cortas puede llevar a estimaciones robustas de la variable en el espacio. Por último, si la estacionaridad está provocada por una tendencia espacial más que por la existencia de dos poblaciones, se puede eliminar dicha tendencia y realizar

el semivariograma solo con los residuales. Hay que tener en cuenta que una tendencia espacial puede enmascarar la heterogeneidad local de nuestra área de estudio (Cuador y Quintero, 1999).

Es esta heterogeneidad local en la que normalmente se centra nuestro interés, sí conocemos el origen de esta tendencia (por ejemplo una fuerte pendiente o un gradiente de inundación) y podemos modelarla (tendencia externa), tan solo hay que sustraer a los datos espaciales dicha tendencia, interpolar puntos usando el semivariograma de los residuales y añadir la tendencia al resultado final.

También se puede explorar la tendencia a partir de los propios datos del área de estudio (tendencia interna) mediante la sustracción de polinomios de primer y segundo grado, lo que realizan la mayoría del software geoestadístico disponible (Gallardo, 2006).

k) Problemas más comunes en el modelaje de semivariogramas

- 1. La anisotropía geométrica está presente:** Indica que los semivariogramas direccionales tienen la misma meseta pero diferentes alcances, ésta puede ser corregida a través de una transformación lineal de coordenadas que permita reducir una elipse a un círculo.
- 2. La anisotropía zonal está presente:** indica que tanto las mesetas como los alcances son diferentes para los semivariogramas direccionales, se puede corregir separando el semivariograma en sus componentes isotrópicos horizontal y anisotrópico vertical.
- 3. La tendencia de los datos está presente:** indica que los valores medidos aumentan o disminuyen dramáticamente en la zona estudiada con el aumento de la distancia. Esto puede ser resuelto aplicando polinomios a la ecuación del semivariograma, es decir un análisis de tendencia.

4. El efecto proporcional está presente: Indica que la desviación estándar local es proporcional al cuadrado de la media local y que los datos presentan una distribución log normal, puede ser resuelto dividiendo cada valor del semivariograma local por el cuadrado de la media local, es decir usando semivariogramas relativos.

5. Existencia de estructuras anidadas: indica que diferentes procesos operan a diferentes escalas, como por ejemplo alguno o todos los siguientes:

A muy pequeñas distancias la variabilidad puede estar presente debido a cambios de una composición mineral a otra.

A pequeñas distancias la variabilidad puede estar presente debido a errores. A grandes distancias la variabilidad puede estar presente debido a casos transitorios de desgaste mineral del fenómeno. El cual puede ser resuelto aplicando varios modelos simultáneamente.

6. Existencia de efecto hueco: indica que muy pocos pares están disponibles para la comparación a una distancia específica. Y puede ser resuelto recuperando más casos para la distancia definida.

7. La periodicidad está presente: indica que el comportamiento del semivariograma repite por sí mismo periodicidades, por ejemplo: el valor de la meseta puede aumentar o disminuir sistemáticamente.

j) Estimación:

Todo lo expresado hasta aquí tiene un objetivo único, conocer la información disponible para realizar estimaciones (Journel y Huijbregts, 1978; David, 1977; Armstrong y Carignan, 1997), es decir, estimar valores desconocidos a partir, no sólo de los conocidos, sino también de su estructura de continuidad

espacial. A diferencia de otra gran variedad de métodos de interpolación que no utilizan estas características y que se emplean actualmente con diferentes fines.

✓ Estimador espacial: Krigeaje

Después de estudiar la estructura de variabilidad del fenómeno, a través del variograma, en la siguiente fase se lleva a cabo el proceso de estimación espacial, mediante el método de Krigeaje.

Éste, incorpora por un lado, la información aportada por los datos muestrales y, por el otro, de la información sobre la variabilidad del fenómeno, proporcionada por el variograma.

A partir de los valores muestrales de la variable Z en n localizaciones: $Z(x_1), \dots, Z(x_n)$, se pretende estimar el valor de Z en el punto x_0 , es decir, el valor de la prevalencia de tuberculosis bovina en un hato situado en x_0 (figura 4).

Para realizar este proceso de inferencia espacial se obtiene el estimador de Krigeaje, que proporciona una estimación del valor más probable del valor de la prevalencia de TBB en el hato situado en x_0 , teniendo en cuenta los valores de prevalencia de TBB de hatos muestreados situados en un entorno más o menos próximo a x_0 .

Inicialmente, Matheron denominó a esta técnica **Krigeage** (en francés), que en inglés se convierte en **Kriging** y en español se escribe **Krigeaje**. Este término tiene su origen en el apellido de D.G. Krige, reconociendo de esta forma su aporte.

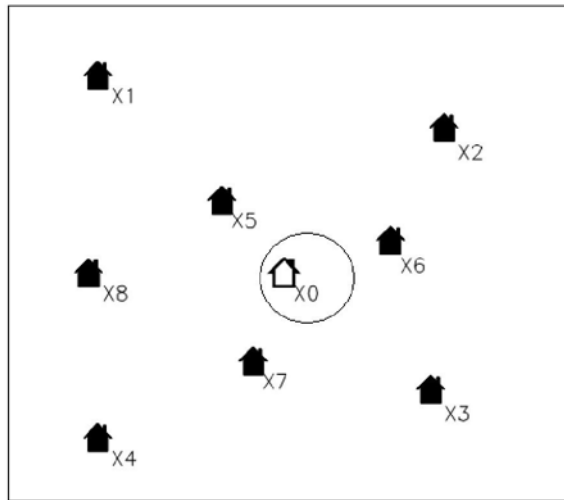


Figura 4: Localización de $Z(x_0)$, punto a estimar.

El kriging es una técnica de estimación que proporciona el mejor estimador lineal insesgado (BLUE, en inglés, Best Linear Unbiased Estimator), (Schaug, y Cols., 1993; Christensen, 1993; Abasov y Cols., 1990), y que además proporciona un error de estimación conocido como **varianza de kriging**, que depende del modelo de variograma obtenido y de las localizaciones de los datos originales (Armstrong y Carignan, 1997; Journel y Huijbregts, 1978; David, 1977; Abasov y Cols., 1990). Esto brinda la posibilidad de hacer análisis sobre la calidad de las estimaciones (Weerts y Bierkens, 1993; Haas, 1992).

El estimador de la correlación espacial, el **Kriging**, tiene como objetivo encontrar la mejor estimación posible a partir de la información disponible.

La estimación por kriging de la variable Z en x_0 , $Z^*_k(x_0)$ se define como una combinación lineal de los datos muestrales $Z(x_i)$ y de los pesos o ponderadores del kriging.

Los rasgos más destacables del estimador de Kriging son:

- 1) Los pesos se obtienen de forma que el estimador de Kriging, además de lineal, sea insesgado y óptimo. Para que sea insesgado, se demuestra que la suma de los ponderadores utilizados para estimar en x_0 , sea igual a 1 y que $E[Z^* - Z] = 0$. Para que sea óptimo, debe minimizar la varianza del

error de estimación $\text{Var}[Z^* - Z]$. Consiguiéndose de este modo minimizar la varianza de error de estimación.

2) La obtención de los pesos se basa en la estructura espacial de variabilidad de la variable, en nuestro caso, la prevalencia de TBB (obtenida mediante el variograma) y en la posición relativa de los hatos (tanto entre los hatos muestrales como la posición relativa entre éstos y el lugar donde se quiere estimar), pero los valores de la prevalencia de TBB en los hatos no influyen. Así, generalmente el estimador asigna pesos elevados a los hatos más cercanos al lugar donde se quiere estimar, x_0 , y pesos bajos a los más alejados de éste, sin tener en cuenta los valores de PTBB para dichos hatos. No obstante, esto puede incumplirse, por ejemplo, en el caso de que la variable tenga un comportamiento anisotrópico.

Todos los sistemas que implementan la estimación por krigeaje permiten la definición de una vecindad de búsqueda, la cual debe ser obtenida con reducciones proporcionales en cada uno de los alcances, o la estimación por cuadrantes u octantes, limitando el número de muestras a usar en el proceso de krigeaje.

De modo que los pesos (ponderadores) asignados a las muestras más lejanas a la localización a estimar y dentro de la vecindad de búsqueda no sean negativos, nulos o próximos a cero. En ocasiones por esta razón se realizan compensaciones por el sistema de krigeaje que pueden arrojar pesos negativos y por consiguiente valores negativos en la estimación (Gallardo, 2006).

A la hora de realizar el procedimiento de krigeaje hay que, además de suministrar los parámetros del semivariograma isotrópico o los anisotrópicos, decidir la estrategia adecuada para la selección de puntos para la interpolación. Si el número de valores en el espacio es suficiente, disminuir el radio de búsqueda de puntos puede ser la mejor estrategia, ya que evita problemas de estacionaridad, aunque hay que procurar que el radio de búsqueda no sea inferior al rango, ya que no se utilizaría toda la información que proporciona el semivariograma.

Otra decisión a tomar es el tipo de interpolación: puntual o por bloques. Mientras que la interpolación puntual es la estima del valor de la variable en un punto del espacio, en la interpolación por bloques esta estima se corresponde con la media de un área predeterminada que rodea a ese punto.

En la mayoría de los casos la interpolación por bloques (que produce un “suavizado” de las estimaciones) correlaciona mejor con los valores verdaderos, siendo generalmente más exacta que la interpolación puntual (Isaaks y Srivastava, 1989). El resultado final del krigeaje es un mapa con los valores interpolados de la variable. Sin embargo, a diferencia de otras técnicas, la geostatística permite que cada interpolación lleve asociado un grado de incertidumbre que puede también ser representado en el espacio (en forma de varianza o desviación estándar). Por tanto, a cada punto del espacio interpolado se le puede asociar una distribución teórica, lo que además permite simulaciones probabilísticas, representando el resultado del krigeaje como la probabilidad de que la variable alcance un determinado valor (Gallardo, 2006).

k) Modelaje de nicho ecológico

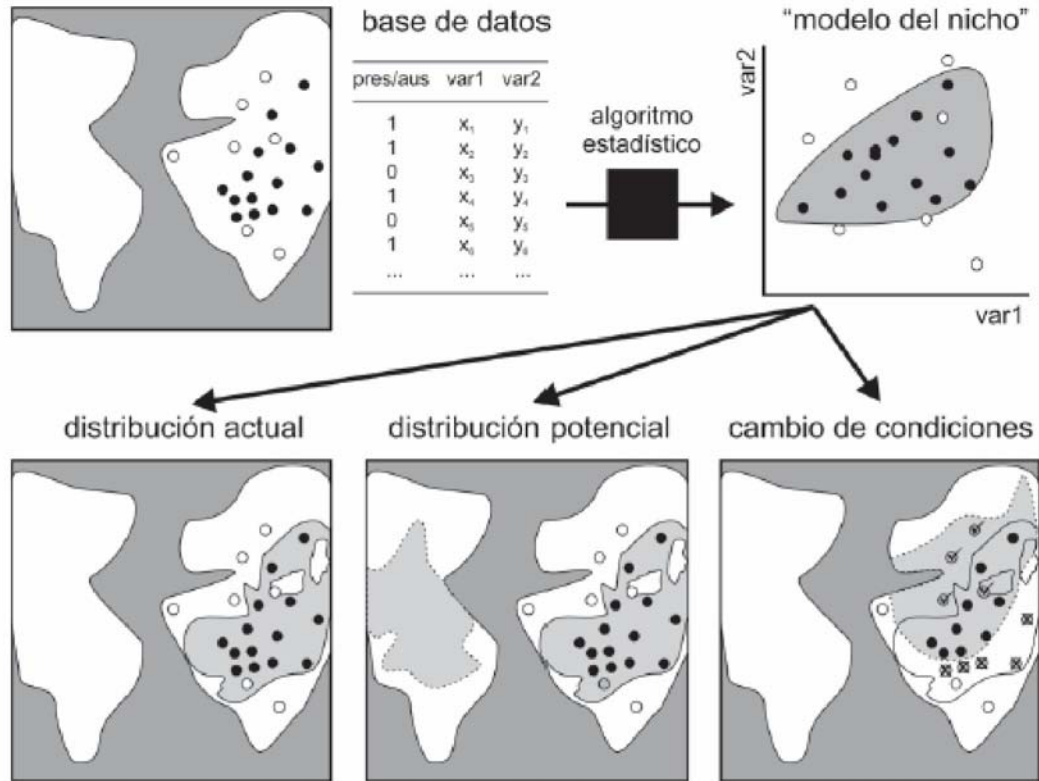
En años recientes, herramientas analíticas como los sistemas de información geográfica (SIG), la percepción remota (SR) y el modelado de nicho ecológico han ampliando considerablemente las posibilidades de analizar las relaciones entre los factores ambientales y la ecología de los vectores o la transmisión de enfermedades. De hecho, esas herramientas han sido utilizadas extensivamente para definir la distribución geográfica de enfermedades como la malaria (Rejmankova, y Cols., 1995; Rogers y Cols., 2002; Snow, 1999; Beck, y Cols., 1994; Thomson, y Cols.,1999), tripanosomiasis Africana, esquistosomiasis (Brooker, y Cols., 2002; Kristensen, y Cols.,2001), leishmaniasis (Elnaiem, y Cols., 2003; Elnaiem, y Cols., 1998),o enfermedad de Lyme (Brownstein, y Cols., 2003), entre otras, a una escala continental o de país.

La mayoría de estos estudios se enfocaron a la predicción de la presencia/ausencia del vector, pero algunos predicen la densidad del vector, su tasa de infección o el riesgo de transmisión de la enfermedad. Estos mapas predictivos han resultado muy útiles para el seguimiento de las enfermedades y su control, y son cada vez más utilizados en salud pública (Fuentes, 2006).

El modelado de nichos ecológicos y distribuciones geográficas se basa en un principio fundamental: la presencia de las especies esta determinada, directa o indirectamente, por las condiciones ambientales (MacArthur, 1972). Por ende, si podemos determinar cuál es el ambiente propicio para que las especies mantengan poblaciones (por ejemplo, su nicho ecológico; Hutchinson, 1957), entonces, conociendo las condiciones ambientales de una zona es posible predecir los sitios en los que una especie puede establecerse. De esta forma, integrando esta información de una región con registros de la presencia de una especie cualquiera, es factible detectar los sitios que reúnan las condiciones propicias para que dicha especie esté presente y, así, predecir su distribución en esa región en sitios que no han sido muestreados (Guisan y Thuiller, 2005; Soberón y Peterson, 2005).

El procedimiento general consiste en construir una base de datos, por un lado, con registros georeferenciados de alguna especie y, por otro, con datos geográficos de la región en estudio, que consiste en una serie de mapas en formato digital que describen las características ambientales de la región que son, o pueden ser, relevantes en la distribución de la especie (por ejemplo, temperatura, elevación, humedad; Thuiller y Cols., 2004). Posteriormente, esta información es procesada por alguno de los múltiples algoritmos de modelado disponibles (Elith y Cols., 2006) para encontrar relaciones no aleatorias entre la presencia de la especie y los parámetros ambientales y, así, construir el modelo de nicho ecológico, que es una caracterización ambiental del conjunto de sitios de registro de la especie introducidos al sistema. Finalmente, este modelo de nicho ecológico es proyectado al espacio geográfico; es decir, las condiciones descritas son localizadas en el área de estudio y se genera un mapa que las muestra.

Los productos son entonces: 1) una caracterización del nicho multidimensional de la especie y 2) un mapa de distribución de esas condiciones.



Esquema 1: El nicho fenomenológico (modificado a partir de Peterson 2003). En general, los modelos basados en la distribución parten de una lista de localidades donde una especie está presente (puntos negros) o ausente (puntos blancos) y de los valores en esos sitios de una serie de variables consideradas relevantes, usualmente obtenidas a partir de mapas temáticos. Luego, a través de algún algoritmo o técnica estadística se establece una serie de reglas que determinan la aptitud de los sitios a partir de esas variables "independientes" (en este ejemplo, para dos variables). Ese resultado se puede proyectar espacialmente para corroborar la distribución actual de la especie en el área que se usó como dato o para predecir su distribución potencial en un área diferente. También se pueden modificar los valores de las variables independientes para, utilizando las reglas generadas, predecir cambios en la distribución de la especie. Esta aproximación también se ha utilizado para estudiar las causas de movimientos migratorios y de extinciones, o la evolución del nicho (Milesi y Cols., 2005).

La interpretación de esos mapas deberá ser cautelosa (Soberón y Peterson, 2005), porque es frecuente confundir el mapa generado con una representación de la distribución geográfica de la especie.

En realidad, el mapa producido es la expresión geográfica del nicho ambiental de la especie que, en general, puede entenderse como su distribución potencial, sin restricciones de tipo histórico (tiempo de arribo), de historia natural de la especie (barreras biogeográficas, capacidades de dispersión) o de interacciones bióticas (competencia, depredación, parasitismo; Soberón y Peterson, 2005).

De este modo, en el presente trabajo se propuso utilizar sistemas de información geográfica, métodos geoestadísticos (krigeage y krigeaje de indicadores de la mediana) y modelaje de nicho ecológico para determinar la distribución de la tuberculosis bovina en una zona endémica y el papel potencial que algunas variables ambientales pudieran tener sobre la distribución y la persistencia de la tuberculosis bovina.

CAPÍTULO III

HIPÓTESIS

1.- Los Sistemas de Información Geográfica (SIG) y la geoestadística pueden ser herramientas útiles para predecir la distribución de la tuberculosis bovina con base en una muestra representativa con un ahorro considerable de recursos.

2.-Existen características medioambientales (temperatura, humedad y precipitación pluvial) que pueden influir en la distribución espacial de la tuberculosis bovina (TBB) a escala regional.

CAPÍTULO IV

OBJETIVO

1.- Desarrollar un modelo geoestadístico para predecir la diseminación de la tuberculosis bovina en el estado de Jalisco y determinar el efecto de las variables climáticas: temperatura, humedad y precipitación pluvial sobre la distribución regional.

CAPÍTULO V

OBJETIVOS ESPECÍFICOS

1. Obtener las coordenadas de una muestra representativa de hatos ganaderos del estado de Jalisco utilizando sistemas de información geográfica.
2. Obtener información confiable de la distribución de la tuberculosis bovina en Jalisco a través de los dictámenes de prueba generados en el barrido ordenado por la campaña.
3. Desarrollar un modelo geoestadístico de predicción de la diseminación de la TB en el estado de Jalisco con base en una muestra representativa.
4. Utilizar las variables climáticas: temperatura, humedad y precipitación pluvial como predictores de la distribución espacial de la enfermedad.
5. Evaluar la relación de las variables climáticas con la prevalencia de tuberculosis bovina.
6. Evaluar el modelo de predicción a través de la comparación de mapas de distribución de la enfermedad basados en una muestra representativa de hatos y aquel obtenido utilizando el total de los hatos muestreados.

CAPÍTULO VI

**La utilidad de los sistemas de información geográfica en la predicción de la
distribución regional de la tuberculosis bovina**

**Usefulness of geographic information systems in predicting the distribution of
bovine tuberculosis in Jalisco, Mexico**

Horacio Zendejas Martínez, Feliciano Milián Suazo, Leticia García Casanova,
Gustavo Cruz Bello, Ana María Anaya Escalera, Gabriel Huitrón Márquez

Técnica Pecuaria México 2007; 45(3):279 -287.

Técnica Pecuaria en México

Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias

rodriguez.oscar@inifap.gob.mx

ISSN (Versión impresa): 0040-1889

MÉXICO

2007

Horacio Zendejas Martínez / Feliciano Milián Suazo / Leticia García Casanova /
Gustavo Cruz Bello / Ana María Anaya Escalera / Gabriel Huitrón Márquez

LA UTILIDAD DE LOS SISTEMAS DE INFORMACIÓN GEOGRÁFICA EN LA
PREDICCIÓN DE LA DISTRIBUCIÓN REGIONAL DE LA TUBERCULOSIS BOVINA

Técnica Pecuaria en México, septiembre-diciembre, año/vol. 45, número 003

Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias

México, México

pp. 279-287

La utilidad de los sistemas de información geográfica en la predicción de la distribución regional de la tuberculosis bovina

Usefulness of geographic information systems in predicting the distribution of bovine tuberculosis in Jalisco, Mexico

Horacio Zendejas Martínez^a, Feliciano Milián Suazo^a, Leticia García Casanova^a, Gustavo Cruz Bello^b, Ana María Anaya Escalera^a, Gabriel Huitrón Márquez^c

RESUMEN

El presente trabajo tuvo como objetivo evaluar la utilidad de los sistemas de información geográfica en combinación con los métodos geoestadísticos, para predecir la distribución y la prevalencia de la tuberculosis bovina en el estado de Jalisco, con base en una muestra de hatos; esto, ante la creciente necesidad de predecir la situación de las enfermedades en una región a bajo costo. Para esto se utilizó un total de 2,287 hatos del estado de Jalisco, seleccionados electrónicamente de manera aleatoria de una base de datos de la Comisión Estatal para el Control y Erradicación de la Tuberculosis, la cual proporcionó también información sobre la prevalencia de los hatos. Las coordenadas de cada uno de estos hatos se obtuvo de manera directa con un geoposicionador manual, consultando bases de datos del INEGI o bien utilizando el paquete "Google Earth". La predicción de la prevalencia se hizo utilizando el método geoestadístico de Krigeaje con "Geostatistical Analyst de ArcView". La eficacia del método de predicción se determinó comparando mapas, el de la predicción basado en una muestra de 2,287 hatos con el de la distribución municipal incluyendo el total de 48,766 hatos. La similitud en la regionalización de la tuberculosis de ambos mapas, indica que el método de Krigeaje es una excelente herramienta para predecir su distribución, con un ahorro potencial de dimensiones considerables.

PALABRAS CLAVE: Epidemiología espacial, GIS, Ganado, *M. bovis*, Tuberculosis.

ABSTRACT

A growing need exists for low cost systems to predict the status of diseases within geographical regions. The purpose of this research was to evaluate the usefulness of geographic information systems (GIS) and geostatistical (i.e.: Kriging) methods in predicting the prevalence and distribution of bovine tuberculosis (BTB) in the state of Jalisco, Mexico, based on a sample of herds. Two-thousand two-hundred and eighty-seven herds were electronically selected at random from the Jalisco's State Commission for the Control and Eradication of Tuberculosis (COEETB) data base. Three different approaches (i.e.: a personal Global Positioning System [GPS], Mexico's National Institute for Statistics Geography and Informatics [INEGI]'s data base, and the "Google Earth" software) were used to identify the spatial location of each herd. Kriging, from ArcView Geostatistical Analyst was used to predict the prevalence of BTB. The efficacy of this prediction was determined by comparing two maps; one based on our 2,287 sample of herds and the map showing the distribution of Jalisco's total 48,766 herds. Similarity of BTB regional distribution in both maps shows that Kriging and geostatistics is an excellent tool to predict BTB distribution with major potential savings.

KEY WORDS: Spatial epidemiology, GIS, Cattle, *M. bovis*, Tuberculosis.

Recibido el 21 de septiembre de 2006 y aceptado para su publicación el 27 de marzo de 2007.

^a CENID-Fisiología Animal, INIFAP. Km 1 Carretera a Colón, 76280 Ajuchitlán, Querétaro. Tel y fax 01 419 29 20036 y 20033. milian.feliciano@inifap.gob.mx. Correspondencia al segundo autor.

^b CENID-COMEF, INIFAP.

^c COEETB-Jalisco.

INTRODUCCIÓN

La tuberculosis en humanos es un problema creciente en México; en 1997 se reportaron 7,000 casos, con un crecimiento de 100 % en sólo un año para algunos de los estados⁽¹⁾. Otras dependencias reportan alrededor de 17,000 casos anuales, en la población económicamente activa, de 15 a 44 años⁽²⁾. Factores como el crecimiento de la población suburbana, la pobreza⁽³⁾, el VIH y enfermedades como la diabetes, que debilitan el sistema inmune, han favorecido el incremento de la prevalencia de la enfermedad⁽⁴⁾.

El causante de la tuberculosis en humanos es el *Mycobacterium tuberculosis*, sin embargo, *M. bovis*, el responsable de la tuberculosis en los bovinos, puede ser la causa de entre el 5 y el 10 % de los casos humanos⁽⁵⁾. El riesgo estriba en que de los 7 mil millones de litros de leche que se producen en México, aproximadamente el 30 % no va directamente a pasteurización (Norma Oficial Mexicana NOM-031-ZOO-1995), lo que implica un riesgo para la salud pública; de ahí la importancia de erradicar a la enfermedad en los animales.

La tuberculosis en los bovinos (TBB) tiene serias implicaciones económicas, además de las pérdidas directas por la muerte de los animales, es responsable de bajas en la producción; se estima que la TBB disminuye la producción de leche en un 17 %, reduce la ganancia de peso y la tasa de conversión alimenticia en un 15 % y la fertilidad en un 6 %⁽⁶⁾, y causa el decomiso de canales en rastros; además de que en el comercio se ha convertido en una de las principales barreras no arancelarias. Esto último ha traído consecuencias para México, ya que la movilización y la comercialización de animales por la regionalización se ha visto limitada. Por ejemplo, para no afectar el estatus sanitario de una región, no se permite la movilización de animales a ferias y exposiciones de ganado, y en caso de que vayan, si el estado sanitario de la zona de feria es más pobre que la del origen de los animales, estos ya no pueden regresar.

A pesar de sus limitaciones, desde el punto de vista comercial la regionalización tiene muchas

INTRODUCTION

Human tuberculosis (TB) is a growing problem in Mexico. In 1997, a total of 7,000 cases were reported, with high increasing rates in some states every year⁽¹⁾. Some government agencies reported up to 17,000 cases per year among the economically-active population (15 to 44 yr of age)⁽²⁾. Factors such as growing suburban population, poverty⁽³⁾, and diseases affecting the immune system, such as infection with the human immunodeficiency virus (HIV) and diabetes have contributed to increase the problem⁽⁴⁾.

The etiology of human TB is *Mycobacterium tuberculosis*. Nevertheless, *M. bovis* –responsible for bovine TB (BTB)– can cause 5 to 10 % of the human cases⁽⁵⁾. This public health risk derives from the fact that ~ 30 % of the 7 billion liters of milk produced in Mexico are not subjected to pasteurization (Mexican Official Norm, *NOM-031-ZOO-1995*). Therefore, TB eradication from animals is crucially important.

BTB has serious economic implications. In addition to direct losses associated with dead animals, BTB results in reduced production; it has been estimated to cause 17 % decreased weight gains, 15 % increased feed conversion rates, and 6 % decreased fertility⁽⁶⁾, in addition to increased condemnations at processing plants. BTB has become a major non-tariff barrier for international trade. This has affected Mexico since regionalization has resulted in limited animal movement and trade. For example, animals cannot be moved to livestock fairs and shows in order to avoid affecting the sanitary status of the region, and if moved to a zone with a lower sanitary status, animals are not allowed to return to their region of origin.

Despite its limitations, regionalization brings along tremendous benefits including international trade promotions. Nevertheless, regionalization must be supported by reliable information. One problem is that this information is not always available and it can be expensive to obtain. Therefore, geographic information systems (GIS) can be extremely instrumental to make decisions.

ventajas, puesto que favorece el comercio internacional, entre otras. Sin embargo, la regionalización debe estar sustentada en información confiable, la cual no siempre está disponible y en ocasiones puede resultar muy caro de obtener; por lo tanto, los sistemas de información geográfica (GIS, por sus siglas en inglés) pueden ser de mucha utilidad en la toma de decisiones.

Los sistemas de información geográfica (GIS), consisten en sistemas de cómputo para el análisis y la presentación de conjuntos de datos digitalizados de referencias geográficas. Esta tecnología ha sido usada para incrementar el estudio espacial y de patrones en tiempo de muchas enfermedades⁽⁷⁾, para identificar focos de brotes, elucidar patrones de dispersión, orientar las estrategias de control y determinar factores de riesgo de enfermedades^(8,9). Se usa también como herramienta de análisis y visualización con el objetivo de tener un mejor entendimiento de la extensión espacial de las infecciones⁽¹⁰⁻¹⁴⁾.

Los sistemas de información geográfica con frecuencia se apoyan de otras especialidades para un mayor aprovechamiento; una de estas especialidades es la geoestadística (GE), por cuyo medio se pueden estimar valores desconocidos de una variable de interés a partir de valores conocidos^(15,16). La GE utiliza estimadores que minimizan al máximo la varianza del error de estimación⁽¹⁷⁾.

Los fenómenos distribuidos en el espacio presentan un carácter mixto y un comportamiento aleatorio a escala local, pero a la vez estructural a gran escala. Por lo tanto, pueden interpretarse en términos de una función aleatoria (FA); es decir, a cada punto x del espacio se le asocia una variable aleatoria (VA) $Z(x)$ para dos puntos diferentes "X" y "Y", de modo que se tendrán dos VA's, $Z(x)$ y $Z(y)$, diferentes pero no independientes. Y es entonces el grado de correlación el encargado de reflejar la continuidad del fenómeno en estudio, por lo que el éxito de esta técnica es la determinación de la función de correlación espacial de los datos⁽¹⁸⁾. Su estimador, el Krigeaje, tiene como objetivo encontrar la mejor estimación posible a partir de la

GIS are computerized systems for the analysis and presentation of geographic reference digital data. GIS technology has been used to further study spatial and time patterns regarding several malaises⁽⁷⁾, pinpointing disease outbreaks, clarifying spread patterns, orienting control strategies, and determining risk factors^(8,9). GIS can also be used as a tool in the analysis and visualization to better understand the spatial scope of infections⁽¹⁰⁻¹⁴⁾.

In order to make the most of this technology, GIS are frequently supported by other specialties. One of such specialties is geostatistics (GS) which allows using known values in order to estimate unknown values of a variable of interest^(15,16). GS is based on estimators that minimize the estimation error variance⁽¹⁷⁾.

Space-spread phenomena are mixed in character and show a random behavior at the local scale, yet such behavior is structural in the large scale. Therefore, these phenomena can be interpreted in terms of a random function (RF). In other words, a random variable (RV) $Z(x)$ for two different points ("X" and "Y"), is assigned to each given spatial point ("x"). Thus, two different yet not independent RVs are obtained: $Z(x)$ and $Z(y)$. The continuity of the phenomenon under study is then reflected by the degree of correlation; hence the success of this technique is based on determining data spatial correlation function⁽¹⁸⁾. Its estimator – Kriging– aims finding the best possible estimate from the information available. In fact, the estimated value $[Z^*(x)]$ of a real, unknown value $[Z(x)]$ consists of a linear weighted combination associated to each location from where a value $Z(x_i)$ of the phenomenon has been sampled ($i = 1, \dots, n$), observing two basic conditions: 1) that the estimator is unbiased: $E[Z^* - Z] = 0$, and 2) that the variance $\text{Var}[Z^* - Z]$ is minimum. This way the estimation error variance can be minimized⁽¹⁷⁾.

Differing from other interpolation methods which are also used to estimate spatial points (such as inverse distance), Kriging uses variability and spatial correlation traits of the phenomenon under study, so that its use involves the preliminary analysis of the information in order to define or extract –from

información disponible. En efecto, el valor estimado $Z^*(x)$ de un valor real y desconocido $Z(x)$, consiste en una combinación lineal ponderada asociada a cada localización donde fue muestreado un valor $Z(x_i)$ ($i = 1, \dots, n$) del fenómeno; observando dos condiciones fundamentales: 1) que el estimador sea insesgado: $E[Z^* - Z] = 0$, y 2) que la varianza $\text{Var}[Z^* - Z]$ sea mínima, consiguiéndose de este modo minimizar la varianza del error de estimación⁽¹⁷⁾.

A diferencia de otros métodos de interpolación, que también son utilizados en estimaciones de puntos en el espacio, como por ejemplo el inverso de la distancia, el Krigeaje utiliza las características de variabilidad y correlación espacial del fenómeno estudiado, por lo que su uso implica un análisis previo de la información con el objetivo de definir o extraer de esta información inicial un modelo que represente su continuidad espacial. Logrado esto, se puede obtener el mejor valor posible en cada localización o bloque a estimar a partir de los datos medidos, acompañado de la varianza de Krigeaje como medida del error de la estimación realizada⁽¹⁹⁻²²⁾. Por lo tanto, el objetivo del presente trabajo fue utilizar métodos espaciales y geoestadísticos para predecir la prevalencia de la tuberculosis bovina en las diferentes regiones del estado de Jalisco, utilizando información obtenida de una muestra de hatos, y comparando esta prevalencia con aquella determinada en el proceso de barrido que incluye 48,766 hatos.

MATERIALES Y MÉTODOS

Para el desarrollo del trabajo se decidió usar como modelo al estado de Jalisco, principalmente porque cuenta con información capturada sobre la prevalencia de la tuberculosis bovina para los años de 1999 al 2003, con un aproximado de 2 millones de animales, donde se incluye el nombre, la dirección y el número de animales reactores a la tuberculina de cada rancho.

Los ranchos considerados en el estudio fueron seleccionados al azar utilizando como marco muestral el padrón de ranchos de la base de datos electrónica de la Comisión Estatal para la

this initial information— a model that represents spatial continuity. The best possible value for each location or block to be estimated from the measured data can then be obtained, accompanied by the Kriging variance as a measure of the error of the estimation performed⁽¹⁹⁻²²⁾. Therefore, the purpose of this research was to evaluate the usefulness of spatial and GS methods in the prediction of BTB prevalence and distribution in Jalisco, Mexico, using information from a sample of herds, and to compare this to that determined by the scanning procedure that includes 48,766 herds.

MATERIALS AND METHODS

Jalisco was chosen as a model for this research mainly because this Mexican State has entries about BTB prevalence from 1999 to 2003, corresponding to 2 million cattle; which includes—each ranch name, address, and number of tuberculin-test reactors.

Herds included in this study were selected at random from the Jalisco's State Commission for the Eradication of Bovine Tuberculosis (*COETB*) ranch-register electronic database. Sample size was determined using a 6 % herd hypothetical prevalence, with a 1 % absolute error and a 95 % confidence level, yielding a total of 2,162 herds. In order to decrease random error, a proportional, per-cluster strategy was used. The state of Jalisco is divided into several Development Districts. Each cluster represented one district, so that the number of herds included in the sample was proportional to the number of herds reported for each District.

Coordinates of some herds ($n= 1,200$) were obtained directly using a hand-held geopositioning device (GEKO 301, GARMIN Ltd), while coordinates of the remaining herds were obtained either from Mexico's National Institute of Statistics Geography and Informatics [INEGI]'s data base, or using the "Google Earth" Internet software for those herds not recorded in the INEGI's data base.

In order to predict BTB prevalence and spatial distribution, the Kriging geostatistical method, Geostatistical Analyst Extension, ArcView 8 (ESRI) was used. ArcView was directly applied for map

Erradicación de la Tuberculosis Bovina (COEETB) del estado de Jalisco. El tamaño de la muestra se determinó utilizando una prevalencia hipotética de hato del 6 %, con un margen de error del 1 % y una confiabilidad del 95 %, lo que proporcionó un total de 2,162 hatos. Para disminuir el error aleatorio, la estrategia de muestreo fue proporcional y por conglomerados, los cuales estuvieron constituidos por los Distritos de Desarrollo en que está dividido el Estado, de modo que el número de hatos a incluir en la muestra fue proporcional al número de hatos reportados para cada Distrito.

Las coordenadas de una parte de los ranchos (n= 1, 200) se obtuvieron de manera directa utilizando un geoposicionador manual (GEKO 301 de GARMIN Ltd) y las coordenadas del resto se obtuvieron de las bases de datos del Instituto Nacional de Estadística, Geografía e Informática (INEGI), o bien utilizando el paquete de Internet "Google Earth" cuando la localización del hato no se encontraba en la base de datos de INEGI.

Para predecir la distribución espacial de la prevalencia de TBB se utilizó el método geoestadístico de Krigeaje de la extensión Geostatistical Analyst de ArcView 8 (ESRI); utilizando directamente este último en la elaboración de los mapas. Para evaluar la eficacia de estimación

preparation. In order to evaluate Kriging's efficacy for BTB estimates, the prediction map was compared with a general county-level BTB distribution map, which included information from 48,766 herds.

RESULTS

The total number of herds in the sample was 2,287. Table 1 shows the number and percentage of herds included in the sample for each of the eight Development Districts within the State of Jalisco. Districts with the largest number of herds were Ciudad Guzmán and Lagos de Moreno, with 11 % and 9 % of the total herds included in the study, respectively. The scanning information showed that among herds included in the study, the Districts with the highest numbers of positive herds were Zapopan and Lagos de Moreno 44 and 41 %, respectively), while Districts with the highest prevalence of tuberculin-test reactors were Zapopan, 7 %; Lagos de Moreno, 5 %; and La Barca, 3 %. All other Districts showed prevalence rates < 1%.

As far as prediction results are concerned, Figure 1 shows Kriging-predicted BTB prevalence distribution based on a 2,287 herds. Prediction clearly shows that in the North, Costs, and South regions of Jalisco BTB prevalence is < 0.3 %,

Cuadro 1. Tasa de prevalencia por hato y por cabeza en los hatos seleccionados por Distrito en el estado de Jalisco para predecir la distribución de la tuberculosis bovina

Table 1. Herd and animal prevalence rates per District in Jalisco, Mexico; 1999-2005, to predict the distribution of bovine tuberculosis throughout geographic information systems and geostatistics

District	Selected herds (n)	TPHD	Positive herds (n)	Positive herds (%)	Tested animals (n)	Reactors (n)	Reactors (%)
Zapopan	209	3.8	92	44.0	8,096	571	7.0
Lagos de Moreno	758	8.7	311	41.0	37,684	2,041	5.0
Ameca	133	2.0	6	4.5	3,283	13	0.4
Tomatlán	283	4.4	4	1.4	8,969	17	0.1
El Grullo	142	3.3	10	7.0	2,889	10	0.3
La Barca	221	2.5	42	19.0	6,870	216	3.0
Cd. Guzmán	398	10.7	5	1.2	11,890	104	0.9
Colotlán	143	3.1	18	12.6	3,872	18	0.5
Total	2,287		488		83,553	2,990	3.6

TPHD= Proportion of selected herds from the total per District.

de la tuberculosis bovina del método de Krigeaje, el mapa de predicción se comparó con un mapa de distribución municipal de la enfermedad utilizando la información de 48,766 hatos.

RESULTADOS

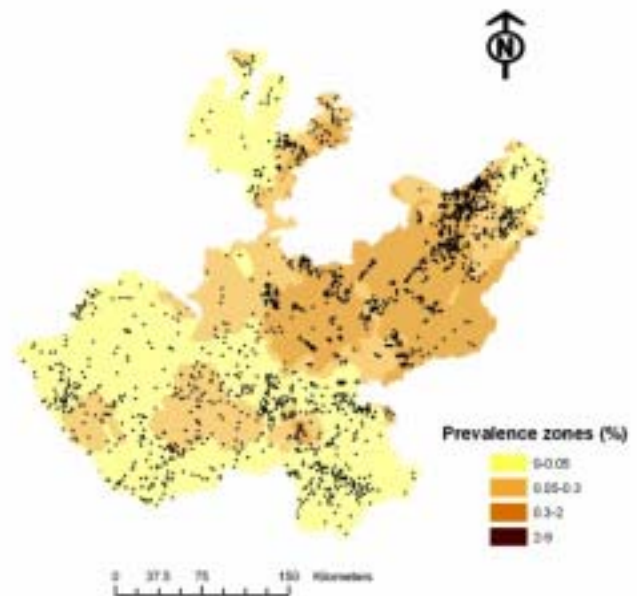
El número total de ranchos muestreados fue de 2,287. En el Cuadro 1 se muestra el número y el porcentaje de hatos incluidos en la muestra por cada uno de los ocho Distritos de desarrollo que componen el estado de Jalisco. Los Distritos que más hatos proporcionaron al estudio fueron Ciudad Guzmán y Lagos de Moreno, con el 11 y el 9 %, respectivamente. De la información del barrido se encontró que para los hatos incluidos en el estudio los Distritos con mayor número de hatos positivos fueron Zapopan y Lagos de Moreno, con 44 y 41%, respectivamente; mientras que los de mayor prevalencia de animales reactivos fueron Zapopan con un 7 %, seguido por Lagos de Moreno con el 5 % y La Barca con el 3 %. El resto de los municipios tuvo una prevalencia menor al 1 %.

En cuanto a los resultados de la predicción, la Figura 1 muestra la distribución de la prevalencia de la TBB estimada por Krigeaje con base en una muestra de 2,287 hatos. La predicción claramente indica que en la parte norte, costas y sur del estado la prevalencia de la tuberculosis es menor al 0.3%, con algunas zonas pequeñas donde puede ser de alrededor del 2 %, mientras que en el centro y la zona conocida como “Los altos de Jalisco”, la prevalencia puede llegar a ser mayor al 2 %. Estos resultados son muy similares a los presentados en la Figura 2, donde las zonas de distribución de la tuberculosis están basadas en información por municipio de 48,766 hatos, lo que demuestra la utilidad y la ventaja del uso de los métodos de geoestadística (Krigeaje) en la predicción de la enfermedad con base en una muestra representativa del total de la población de hatos en el Estado.

Desde el punto de vista estadístico, el modelo del semi-variograma fue esférico, con un rango mayor a 3.77 y 0.39 “nuggets”, quedando de la siguiente manera: $0 * \text{Spherical}[3.7773] + 70.524 * \text{Nugget}$. Este modelo esférico indica que la variación de los

Figura 1. Zonas de prevalencia de la tuberculosis bovina predicha por Krigeaje en el estado de Jalisco. Los puntos indican localización geográfica de los hatos incluidos en la muestra

Figure 1. Kriging-predicted bovine tuberculosis prevalence zones in the State of Jalisco. Dots show the geographic location of the herds included in the sample



with only minor zones where prevalence rates approach 2 %. In the Central and “Los Altos” regions, prevalence exceeds 2 %. These results resemble those shown in Figure 2, where BTB distribution areas are based on information at the county level including 48,766 herds. These results show the usefulness and convenience of using GIS and geostatistical (Kriging) methods for disease prediction based on a representative sample.

From the statistical standpoint, the semivariogram model was spherical in shape, with a range > 3.77 , and 0.39 “nuggets”, as follows: $0 * \text{Spherical}[3.7773] + 70.524 * \text{Nugget}$. This spherical model shows that the variation of regression residuals attributed to spatial dependence can be estimated by the semivariogram when spatial scales are < 3.77 . Based on the semivariogram model for BTB prevalence estimation in Jalisco, BTB spatial variation attributed to spatial autocorrelation was

residuales de la regresión atribuidos a la dependencia espacial puede ser estimada por el semi-variograma cuando las escalas espaciales son menores de 3.77. Con base en el modelo del semi-variograma para la estimación de la prevalencia de tuberculosis bovina en Jalisco, la variación espacial de la TBB atribuida a la autocorrelación espacial fue estimada y mapeada con Kriging. La validación cruzada mostró que el mapa de predicción estimado de la TBB en Jalisco es insesgado, como lo indica el error estandarizado promedio (0.01369), el error estándar promedio (0.918) y la media de los errores de predicción (-0.1218), este último indicativo de sesgo; un valor de 0 indica no sesgo.

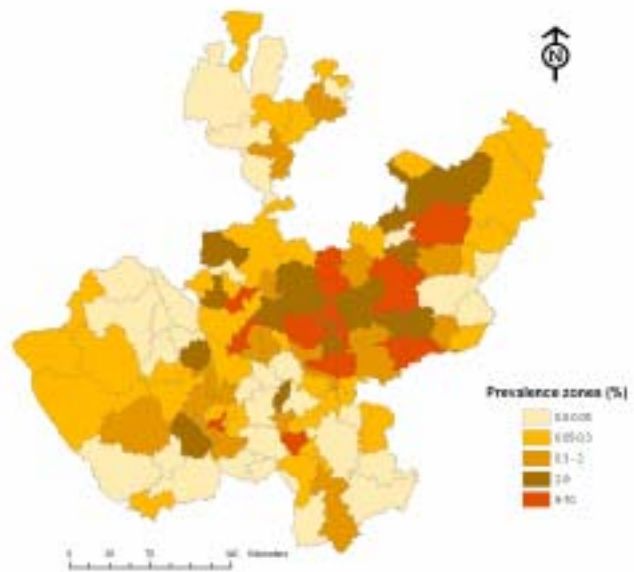
DISCUSIÓN

Es conocido que las enfermedades no siguen una distribución espacial aleatoria, más bien responden a la distribución del huésped, del agente etiológico y de las condiciones ambientales asociadas a estos: la tuberculosis es un claro ejemplo. De acuerdo a la distribución observada en los mapas y al conocimiento que se tiene de la enfermedad, se puede ver que las zonas de mayor prevalencia de TBB coinciden con la distribución de diferente tipo de ganado; la zona centro y la zona de “Los altos de Jalisco” tienen mayormente ganado especializado en la producción de leche, donde se conoce que por las características de explotación, el hacinamiento y el estrés, la prevalencia de la enfermedad es mucho mayor que en ganado especializado en carne, el que generalmente tiene condiciones de explotación extensiva y las probabilidades de contacto entre individuos es mucho menor. Esto indica que pueden existir factores de riesgo que pueden ser incorporados al modelo de evaluación geoestadística con Krigeaje que pueden proporcionar estimaciones con mayor grado de precisión de la distribución de las enfermedades en las poblaciones. El objetivo del presente trabajo no consideró de momento la inclusión de otras variables aparte de la prevalencia de la enfermedad.

Una de las dudas que siempre se tienen cuando se trabajan fuentes de datos secundarias es la confiabilidad de la información. En este caso se

Figura 2. Zonas de prevalencia de tuberculosis bovina por municipio en el estado de Jalisco en el proceso de barrido

Figure 2. Per-municipality bovine tuberculosis prevalence zones in the State of Jalisco, using the scanning procedure



estimated and mapped using the Kriging methodology. Cross validation showed that the estimated prediction map of BTB in Jalisco is unbiased, which shows the average standardized error (0.01369), the average standard error (0.918), and the mean of prediction errors (-0.1218), the latter showing bias. A 0 value means no bias.

DISCUSSION

It is well accepted that diseases do not follow a random spatial distribution, but they rather respond to the distribution of the host, the etiological agent, and associated environmental conditions; BTB is a clear example. In agreement with the distribution observed in the maps and in accordance with our knowledge about this disease, it is evident that zones with higher BTB prevalence match the distribution of different breeds of cattle. Central Jalisco and the zone known as “Los Altos de Jalisco” (Jalisco’s highlands) have large populations

utilizó información de la COEETB de Jalisco, que es la misma que de manera constante, de al menos dos veces por año, la Comisión Revisora del Departamento de Agricultura de los Estados Unidos (USDA, por sus siglas en inglés) está analizando para dictaminar el estatus sanitario del Estado y certificarlo para que pueda exportar animales al país del norte, lo que nos da confianza de la calidad de la misma.

CONCLUSIONES E IMPLICACIONES

La similitud de las zonas de prevalencia de tuberculosis bovina en ambos mapas, demuestra que los sistemas de información geográfica apoyados con métodos geoestadísticos son de mucha utilidad para predecir la prevalencia de la tuberculosis bovina, o de cualquier otra enfermedad, en una región dada con un considerable ahorro potencial de recursos.

AGRADECIMIENTOS

Se agradece a la COEETB-Jalisco por haber proporcionado información sobre dictámenes de prueba de ganado en los hatos del Estado, a la MC Marina Durán Aguilar del CENID-FA por su asesoría en el manejo de la información en SAS y al Doctor José Quintín Cuador Gil de la Universidad de Pinar del Río en Cuba por su asesoría en el uso de métodos geoestadísticos. Proyecto parcialmente financiado por CONACYT. Proyecto No. SAGARPA-2003-C01-128.

LITERATURA CITADA

1. Epidemiología. Sistema Nacional de Vigilancia Epidemiológica. Sistema Nacional de Vigilancia Epidemiológica. Sistema Único de Información. México 1997;(2):1-4.
2. Ramírez CE. Día mundial contra la tuberculosis 24 de marzo de 1998. Neumología y Cirugía de Tórax, México 1998; (57):1-4.
3. Gutierrez M, Vincent B, Aubert D. Molecular fingerprinting of *Mycobacterium tuberculosis* and risk factors for tuberculosis transmission in Paris, France and surrounding area. *J Clin Microbiol* 1998;(32):486-492.

of dairy cattle. It is well known that farming, overcrowding and stress factors promote a much higher prevalence of BTB in dairy cattle than in beef cattle, since the latter are typically held under extensive farming conditions with much lower probabilities of direct contact among animals. This shows that potential risk factors exist that could be incorporated into the Kriging geostatistical evaluation model, which might yield more precise estimates of disease distribution among populations. For the times being, this study did not include other variables besides disease prevalence.

Information reliability is frequently questioned when secondary data sources are used for analytical studies. Our study used information from *COEETB-Jalisco*. This is the same information used constantly (at least twice a year) by the US Department of Agriculture (USDA) Commission to resolve about and certify the health status of cattle in Jalisco for exports to the US. This gives us confidence about the quality of the information.

CONCLUSIONS AND IMPLICATIONS

Similarity of areas of BTB prevalence and distribution in both maps indicates that the combination of geographic information systems and geostatistical methods is extremely useful to predict the prevalence of BTB or any other diseases within a given region with tremendous potential resource savings.

ACKNOWLEDGEMENTS

Our gratitude to COEETB-Jalisco for having provided us with information about cattle test registries; Marina Durán Aguilar, MSc, CENID-FA, for her assistance in management of information in SAS; and Dr. José Quintín Cuador Gil, Pinar del Río University, Cuba, for his advise on the use of geostatistical methods. This project was partially funded by Mexico's National Science and Technology Council (*CONACYT*) project No. SAGARPA-2003-C01-128.

End of english version

INFORMACIÓN GEOGRÁFICA EN LA PREDICCIÓN DE TUBERCULOSIS

4. Fernández D. El control de la tuberculosis: neumología y cirugía de tórax. México 1997;(56):116-118.
5. O'Reilly LM, Daborn CJ. The epidemiology of *Mycobacterium bovis* infections in animals and man: a review. Tubercle and Lung Disease 1995;(6):1-46.
6. WHO. Report of the WHO group on zoonotic tuberculosis (*Mycobacterium bovis*) with the participation of FAO: World Health Organization. Veter Public Health 1994:1-43.
7. Brooker S, Michael E. The potential of geographical information systems and remote sensing in the epidemiology and control of human helminth infections. Advan Parasitol 2000;(47):246-279.
8. Zenilman JM, Glass G, Shields T, Jenkins PR, Gaydos JC, McKee KT. 2002, Geographic epidemiology of gonorrhoea and chlamydia on a large military installation: application of GIS systems. Sex Transm Inf 2002;(78):40-44.
9. Barroto RJ, Martínez-Piedra R. Geographical patterns of cholera in Mexico 1991-1996. Int J Epidemiol 2000;(29):764-772.
10. Zeman P. Objective assessment of risk maps of tick-borne encephalitis and Lyme Borreliosis bases on spatial patterns of located cases. Int J Epidemiol 1997;(26):1121-1130.
11. Hay SI, Omumbo JA, Craig MH, Snow RH. Earth observation, geographic information systems and *Plasmodium falciparum* Malaria in Sub-Sahara Africa. Advan Parasitol 2000;(47):174-215.
12. Kleinsschmidt I, Bagayoko G, Craing M, Sueur L. A partial statistical approach to malaria mapping. Int J Epidemiol 2000;(29):355-361.
13. Randolph SE. Ticks and tick-borne disease systems in space and from space. Advan Parasitol 2000;(47):217-243.
14. Rogers DJ. Satellites, space, time and the African Trypanosomiasis. Advan Parasitol 2000;(47):130-171.
15. Gotway CA. Fitting semivariogram models by weighted least squares. Short Note. Computers & Geosciences 1991;17(1):171-72.
16. Rivoirard J, Guiblin P. Global estimation variance in presence of conditioning parameters. Baafi EY, Schofield NA editors. Geostatistics Wollongong'96 1997;(1):246-257.
17. Matheron G. "La Théorie des Variables Regionalisées et ses Applications". Les Cahiers du Centre de Morphologie Mathématique de Fontainebleau. Fascicule 5, Ecole de Mines de Paris. 1997.
18. Zhang R, Myers DE, Warrick AW. Estimation of the spatial distribution of soil chemical using pseudo cross-variograms. Soil Sci Soc Amer 1992;56(5):1444-1452.
19. Armstrong M, Carignan J. "Géostatistique Linéaire, Application au Domaine Minier". École de Mines de Paris. 1997.
20. Abasov MT, Djafarov IS, Askerov GI. Computer based system for exploration, optimization, and reserve estimation at the Bakhar field, South Apsheron, Azerbaijan, SSR. Computers & Geosciences 1990;16(2):245-249.
21. De Fouquet C. Quelques Rappels Sur les Méthodes Géostatistiques. Centre de Géostatistique, Ecole des Mines de Paris, Fontainebleau, France. 1996.
22. Carr JR. Numerical analysis for the geological sciences. First edition. USA: Prentice Hall Inc; 1995.

CAPÍTULO VII

Spatial epidemiology of bovine tuberculosis in Mexico

Horacio Zendejas Martínez, Feliciano Milián Suazo, José Quintín Cuador Gil, ,
Gustavo Cruz Bello, Ana María Anaya Escalera, Gabriel Huitrón Márquez & Leticia
García Casanova

Veterinaria Italiana 2007; 43(3):629 -634.

Spatial epidemiology of bovine tuberculosis in Mexico

Horacio Zendejas Martínez, Feliciano Milián Suazo, José Quintín Cuador Gil, Gustavo Cruz Bello, Ana María Anaya Escalera, Gabriel Huitrón Márquez & Leticia García Casanova

Summary

The purpose of this study was to use geographic information systems (GIS) and geostatistical methods of ordinary kriging to predict the prevalence and distribution of bovine tuberculosis (TB) in Jalisco, Mexico. A random sample of 2 287 herds selected from a set of 48 766 was used for the analysis. Spatial location of herds was obtained by either a personal global positioning system (GPS), a database from the *Instituto Nacional de Estadística Geografía e Informática* (INEGI) or Google® Earth. Information on TB prevalence was provided by the Jalisco Commission for the Control and Eradication of Tuberculosis (COEETB). Prediction of TB was obtained using ordinary kriging in the geostatistical analyst module in ArcView™ 8. A predicted high prevalence area of TB matching the distribution of dairy cattle was observed. This prediction was in agreement with the prevalence calculated on the total 48 766 herds. Validation was performed taking estimated values of TB prevalence at each municipality, extracted from the kriging surface and then compared with the real prevalence values using a correlation test, giving a value of 0.78, indicating that GIS and kriging are reliable tools for the estimation of TB distribution based on a random sample. This resulted in a significant savings of resources.

Keywords

Cattle, Geographic information system, Kriging, Mexico, *Mycobacterium bovis*, Tuberculosis.

Epidemiologia spaziale applicata alla tubercolosi bovina in Messico

Riassunto

Scopo di questo lavoro è stato l'utilizzo dei sistemi informativi geografici e dei metodi di "ordinary kriging" per prevedere la prevalenza e la distribuzione della tubercolosi bovina (TB) a Jalisco, Messico. È stato selezionato un campione casuale di 2.287 capi da una popolazione di 48.766. La localizzazione spaziale dei capi è stata ottenuto per mezzo di un GPS o da un database de l' Instituto Nacional de Estadística Geografía e Informática (INEGI) o attraverso l'uso di Google® Earth. Le informazioni sulla prevalenza della TB sono state fornite dalla Commissione Jalisco per il controllo e l'eradicazione della tubercolosi (COEETB). La previsione per la tubercolosi bovina è stata ottenuta utilizzando kriging nel modulo di analisi geostatistica in ArcView™ 8. Il sistema ha predetto alta prevalenza di tubercolosi bovina coincidente con la distribuzione degli allevamenti. I livelli di prevalenza predetti dal modello sono risultati in accordo con i livelli di prevalenza calcolati sul totale di 48.766 capi. La validazione è stata effettuata considerando i valori stimati di prevalenza di TB in ogni municipalità, estratti dalla superficie kriging e quindi comparati con i valori reali di prevalenza utilizzando test di correlazione, assegnando un valore di 0.78, indicante che il GIS e il kriging sono strumenti affidabili per la stima, basata sull'analisi di un campione casuale, della distribuzione della TB, ne consegue un notevole risparmio di risorse.

Parole chiave

Bovini, Kriging, *Mycobacterium bovis*, Messico, Sistema informativo geografico, Tubercolosi.

Programa Nacional de Epidemiología, Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias, Apartado Postal 1-1168, Querétaro, Qro. 7601, Mexico
mchoraciozendejas@gmail.com

Introduction

Like many countries, Mexico has experienced an increase in the incidence of tuberculosis (TB) in humans (1). The increase in population density in suburban areas and poverty (8), the presence of the human immunodeficiency virus (HIV) and some other debilitating diseases (4) and the presence of strains resistant to antibiotics, are some of the factors responsible for this phenomenon.

The primary aetiology of TB in humans is *Mycobacterium tuberculosis*, however, *M. bovis*, the agent of TB in cattle is responsible for about 5% to 10% of all human cases (13). Infections of humans from cattle are caused by close contact with infected animals or by the ingestion of unpasteurised milk or cheese made with raw milk and infected secretions (6, 7). Thirty percent of the 7 million litres of milk produced annually in Mexico do not go to pasteurising plants, which is one of the reasons why TB has to be eliminated in cattle.

TB in cattle also needs to be eliminated for economic reasons. Mexico exports an average of 1.2 million calves every year to the United States and Mexico has been regionalised in accordance with disease prevalence, i.e. only free states are allowed to export animals. This constraint represents a problem for states that do not have accreditation of disease-free status as animal movements are banned, not only to foreign countries, but also to other states within the country. For non-accredited states to be included in the exporting programme, it is necessary to provide scientific evidence of TB status. Consequently, these states need to estimate prevalence rapidly at low cost and should provide scientifically valid data that will be acceptable to trade partners. We believe this can be accomplished by using geographic information systems (GIS) and geo-statistical methods in a representative sample of herds.

GIS is one of the tools for organising and analysing information for a better understanding of disease epidemiology. GIS consists of computational systems, databases and digitalised spatial location (points, lines, polygons). GIS has been widely used to study the spatial and temporal distribution of

diseases in different parts of the world (2, 3, 16).

In veterinary epidemiology, the need for mapping locations of herds is a priority. In any epidemic disease it helps to monitor and analyse disease spread and it also provides a very useful tool to evaluate different strategies of control measures. GIS can be incorporated into a more general information system aimed at recording and reporting information but, at the same time, specific functions and tools can be integrated for cluster analysis, spatio-temporal trends and modelling of disease distribution (12). Perez *et al.* (14) applied spatial statistics and monitoring data to identify clusters of bovine TB in Argentina, with the aim of focusing efforts on the eradication of the disease. GIS has also been used to determine the association between TB status and distances to badger setts (10) to decide on control strategies to solve the problem.

GIS frequently interacts with specific and advanced spatial methodologies to accomplish the objectives set. Geo-statistics is one example through which it is possible to estimate unknown values on a continuous surface for a specific variable using sampled point values (5, 15), minimising the variance of error in the estimation (11). Geo-statistics can be applied to predict disease prevalence in areas that have not been sampled, starting from point prevalence observations. In this study, prevalence and distribution estimates of bovine TB in Mexico have been calculated through geo-statistical techniques, such as ordinary kriging.

Materials and methods

Obtaining field observations can be expensive, laborious and time consuming. Thus, it can be extremely useful to predict a location value where we have no recorded field observation. The process of obtaining such values for a variable of interest at an unsampled location based on neighbour measurements is called interpolation. Kriging is a group of geo-statistical techniques used to interpolate the values at unobserved locations from

observations of its value at nearby locations. It returns unbiased spatial predictions (the mean of errors is 0) and the prediction mean-squared error, a measure of uncertainty or variability in the predicted values is minimised. Kriging uses the semi-variogram, a function of distance and direction separating two locations, to analyse and quantify the spatial autocorrelation in the data. The semi-variogram is then used to establish the contribution of each data point to the prediction of new values at the unsampled locations (8). The most important statistical assumption supporting kriging is stationarity, which means that statistical characteristics (such as mean and variance) do not depend on the exact spatial locations. Thus, the mean and variance of a variable at one location is equal to the mean and variance at another location. Furthermore, the correlation between any two measured points depends only on the vector that separates them and not on their exact location. When the working data cannot satisfy this assumption of stationarity, there are several techniques that can be used to perform the kriging method (e.g. detrending) (4, 9, 11, 17).

To emphasise the usefulness of GIS techniques in predicting the prevalence of TB, one state of Mexico was selected as a study area. Information collected between 1995 and 2005 regarding tuberculin-testing was analysed. A complete database of 2 400 000 records from 48 776 herds was accessed. Bovine TB prevalence was calculated for each herd by dividing the number of positive animals to the tuberculin test by the total number of animals tested, multiplied by 100. A positive bovine TB herd was one with herd-prevalence greater than zero.

A total of 2 286 herds, a little more than the 2 074 estimated with 6% population prevalence, 1% error and a 95% confidence level, were randomly selected from a total of 48 766 to be used in the study. The sample was stratified according to cattle population (per county) and breed (beef or dairy). All selected herds were geo-referenced using a global positioning system (GPS) (Geko 301, Garmin Ltd), data from the National Institute for

Statistics, Geography and Informatics (INEGI) or by Google® Earth.

A prediction of bovine TB prevalence was calculated using geo-statistical techniques (ordinary kriging). The spatial pattern of the sampled herds was analysed by the semi-variogram technique using the geo-statistical analyst extension of the ArcView™ 8.1 package (Environmental Systems Research Institute, Inc., Redlands, California). Point prevalence calculated in each sampled herd was interpolated through ordinary kriging and a continuous surface was calculated to estimate the unsampled points.

Results

A total of 2 286 herds in the Mexican state of Jalisco were used in the study.

Figure 1 shows the continuous surface generated by ordinary kriging of TB-prevalence in the study area. Prediction clearly shows free, low and high prevalence areas. As expected, high prevalence areas correspond to high population densities of dairy cattle, where it is known that transmission and persistence of bovine TB is more likely to occur. To evaluate accuracy of prediction, estimated values of TB prevalence at each municipality extracted from the kriging surface were compared with the real prevalence values using a correlation test and a value of 0.78 was obtained. Figure 2 shows the distribution of TB based on the total number of herds, namely: 48 776. This map was generated by using the results of the tuberculin test applied to the 48 766 herds in Jalisco, Mexico, that were provided by the official government TB campaign.

Discussion

It is well known that disease distribution is not random. Rather, it follows a distribution pattern similar to that of the aetiology, host and vectors, when these are involved, and the appropriate environmental conditions; TB is no different. Figures 1 and 2 show the prevalence rates of bovine TB in the study area. Those areas with higher prevalence rates

correspond to areas of higher dairy population density, which clearly indicates that dairy cattle are the main risk for TB persistence and dissemination and that, in order to eliminate the disease, dairy herds must be the focus of attention. Nevertheless, it can be presumed that additional information, such as herd size, herd-population dynamics, breed population

density, regional population density and regional population dynamics would increase the accuracy of the prediction. Currently, all this type of information is being collected to complete the study. Kriging is an interpolation method that has proved to be useful in numerous practical applications. However, it is necessary that specific assumptions are

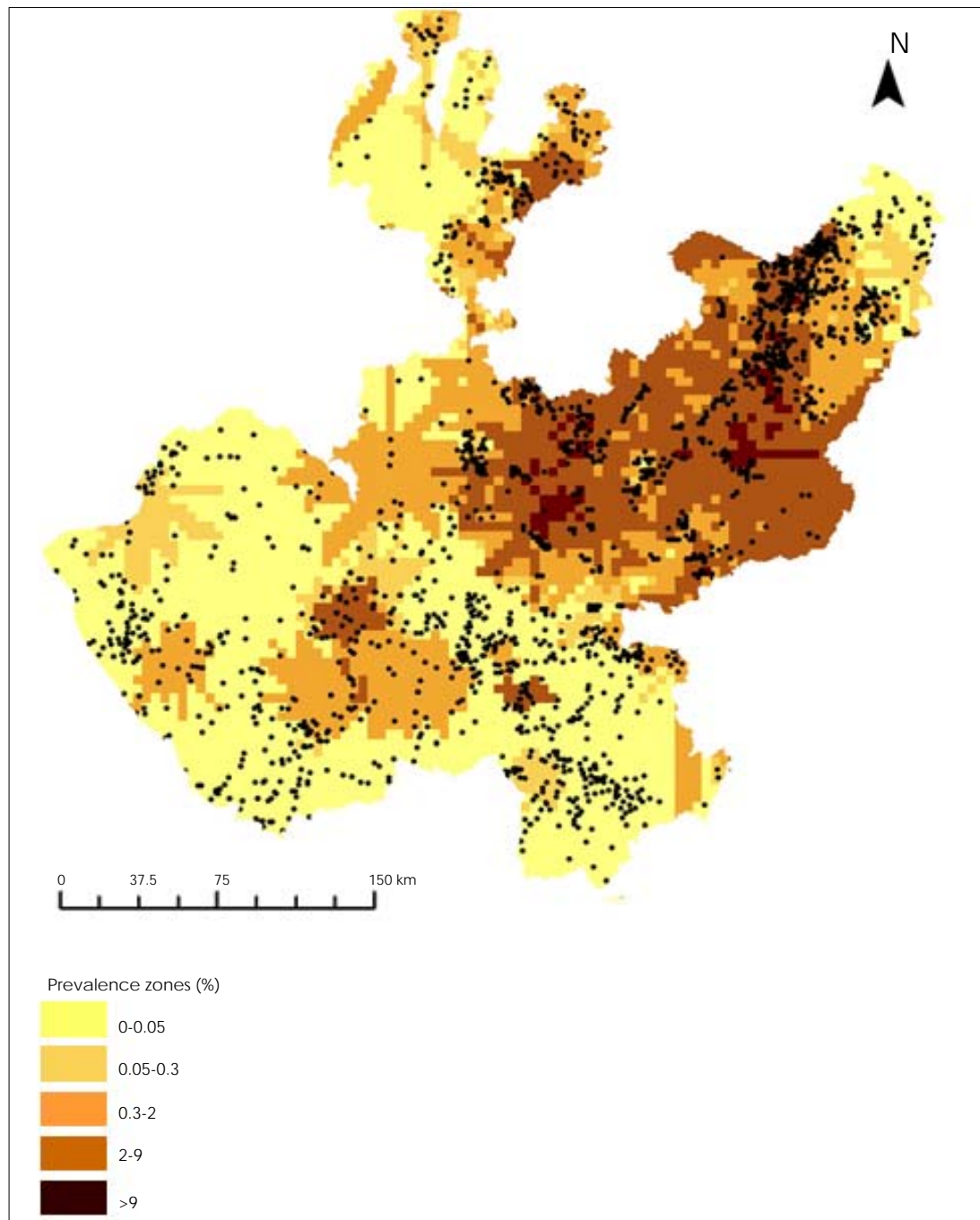


Figure 1
Kriging-predicted bovine tuberculosis prevalence zones in the state of Jalisco, based on a 2 286 sample of herds
Dots show the geographic location of herds included in the sample

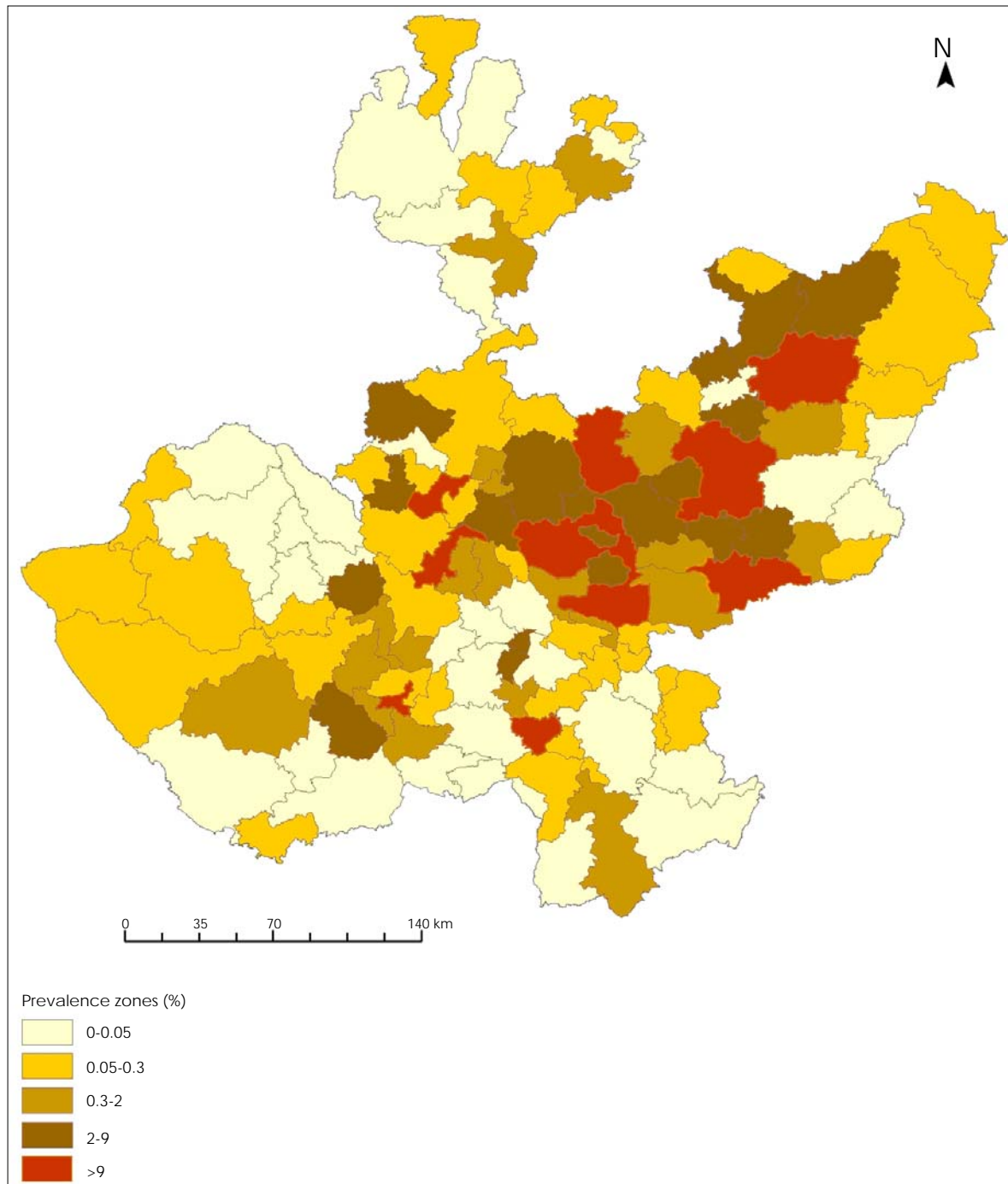


Figure 2
Bovine tuberculosis prevalence zones in the State of Jalisco, by municipality, based on a total of 48 766 herds sampled using the scanning procedure

respected in the dataset analysed. In this case, ordinary kriging was used as a tool to estimate bovine TB prevalence in areas that had not been sampled, taking into account spatial autocorrelation and variability. Further analysis would be helpful to verify the optimal sample size required to obtain reliable

estimates in the entire study area, saving resources as far as possible.

Acknowledgments

We would like to thank the Jalisco Commission for the Control and Eradication of Tuberculosis (COEETB) for all tuberculin-

testing data. Sincere thanks are also extended to Marina Duran for helping in the analysis of the database in SAS.

Grant support

This study was funded by the *Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología de México* (CONACYT) Project No. SAGARPA-2003-C01-128.

References

1. Anon. 1997. Epidemiología. Sistema Nacional de Vigilancia Epidemiológica, Sistema Único de Información, México. *Sist Nac Vigil Epidemiol*, **2**, 1-4.
2. Briggs D.J. & Elliott P. 1995. The use of geographical information systems in studies on environment and health. *World Health Stat Q*, **48**, 85-94.
3. Brooker S. & Michael E. 2000. The potential of geographical information systems and remote sensing in the epidemiology and control of human helminth infections. *Adv Parasitol*, **47**, 246-279.
4. Fernández D. 1997. El control de la tuberculosis, México. *Neumología Cirugía Tórax*, **56**, 116-118.
5. Gotway C.A. 1991. Fitting semivariogram models by weighted least squares. Short Note, *Comp Geosci*, **17** (1), 171-172.
6. Grange J.M. 1995. Human aspects of *Mycobacterium bovis* infection. In *Mycobacterium bovis* infection in animals and humans (C.O. Thoen & J.H. Steele, eds). Iowa State University Press, Ames, 29-45.
7. Gillespie J.H. & Timoney J.F. 1983. The *Mycobacterium* genus. In Hagan and Bruner's microbiology and infectious diseases of domestic animals, 8th Ed. Cornell University Press, New York, 270-302.
8. Gutierrez M., Vincent B. & Aubert D. 1998. Molecular fingerprinting of *Mycobacterium tuberculosis* and risk factors for tuberculosis transmission in Paris, France and surrounding area. *J Clin Microbiol*, **32**, 486-492.
9. Krivoruchko K. & Gotway C.A. 2004. Creating exposure maps using kriging. *Publ Health GIS News Info*, January, 1-8.
10. Martin S.W., Eves J.A., Dolan L.A., Hammond R.F. Griffin J.M., Collins J.D. & Shoukri M.M. 1997. The association between the bovine tuberculosis status of herds in the east Offaly Project Area, and the distance to badger sett, 1988-1993. *Prev Vet Med*, **31**, 113-125.
11. Matheron G. 1997. La théorie des variables régionalisées et ses applications. Les Cahiers du Centre de Morphologie Mathématique de Fontainebleau. Fascicule 5, École de Mines de Paris, Fontainebleau, 212.
12. Norstrom M. 2001. Geographical information system (GIS) as a tool in surveillance and monitoring of animal diseases. *Acta Vet Scan. Suppl.*, **94**, 79-85.
13. O'Reilly L.M. & Daborn C.J. 1995. The epidemiology of *Mycobacterium bovis* infections in animals and man: a review. *Tubercle Lung Dis*, **6**, 1-46.
14. Perez A.M., Ward M.P., Torres P. & Ritacco V. 2000. Use of spatial statistics and monitoring data to identify clustering of bovine tuberculosis in Argentina. *Prev Vet Med*, **56**, 63-74.
15. Rivoirard J. & Guiblin P. 1997. Global estimation variance in presence of conditioning parameters. In *Geostatistics Wollongong '96*, Vol. 1 (E.Y. Baafi & N.A. Schofield, eds). Centre de Géostatistique, École des Mines de Paris, Fontainebleau, 246-257.
16. Robinson T.P. 2000. Spatial statistics and geographical information systems in epidemiology and health public. *Adv Parasitol*, **47**, 82-127.
17. Zhang R., Myers D.E. & Warrick A.W. 1992. Estimation of the spatial distribution of soil chemical using pseudo cross-variograms. *Soil Sci Soc Am J*, **56** (5), 1444-1452.

CAPÍTULO VIII

Coarse-scale spatial and ecological analysis of tuberculosis in cattle: an investigation in Jalisco, Mexico

Horacio Zendejas-Martínez, A. Townsend Peterson, Feliciano Milián -Suazo

Geospatial Health 3(1), 2008, pp. 29-38.

Coarse-scale spatial and ecological analysis of tuberculosis in cattle: an investigation in Jalisco, Mexico

Horacio Zendejas-Martínez¹, A. Townsend Peterson², Feliciano Milián-Suazo³

¹Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias (INIFAP), Centro de Investigación Regional Norte-Centro, Matamoros, Coahuila, C.P. 27440, México; ²Natural History Museum and Biodiversity Research Center, The University of Kansas, Lawrence, KS 66045, USA; ³Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias-CENID, FyMA, Programa Nacional de Epidemiología, Colón, Querétaro, C.P. 76280, México

Abstract. We have tested the hypothesis that coarse-scale environmental features are associated with spatial variation in bovine tuberculosis (BTB) prevalence, based on extensive sampling and testing of cattle in the state of Jalisco, Mexico. Ecological niche models were developed to summarize relationships between BTB occurrences and aspects of climate, topography and surface. Model predictions, however, reflected the distributions of dairy cattle *versus* beef cattle, and the non-random nature of sampling any cattle, but did not succeed in detecting environmental correlates at spatial resolutions of 1 km. Given that the tests employed seek any predictivity better than random expectations, making the finding of no environmental associations conservative, we conclude that BTB prevalence is independent of coarse-scale environmental features.

Keywords: ecological niche modeling, geographical information systems, tuberculosis, cattle, Mexico.

Introduction

Tuberculosis is highly prevalent in many developing countries. According to the World Health Organization, there are about 14 million human cases in the world, 80% of which are confined to developing countries (WHO, 2008). Although human tuberculosis is primarily caused by *Mycobacterium tuberculosis*, the etiological agent in cattle (*Mycobacterium bovis*) is also capable of causing disease in humans (Grange and Yates, 1994). Eradicating *M. bovis* from livestock is there-

fore significant also for human health and welfare.

Bovine tuberculosis (BTB) is not randomly distributed. Although the prevalence in beef cattle in Mexico is low (2.9%), it is considerably higher in dairy cattle (11.1%), largely owing to low participation by dairy farmers in the national campaign for control and elimination of the disease (Díaz et al., 2004). The national BTB control campaign in Mexico focused on involving farmers by means of certification of farms as BTB-free after three consecutive negative tuberculin test results. Despite these control measures, BTB transmission to cattle of initially disease-free herds has frequently been reported (Feliciano Milián-Suazo, unpublished data). The sudden BTB outbreaks in certified BTB-free herds raise the question if *M. bovis* can survive undetected and that environmental factors are involved in the development of the infection into full-blown disease. This situation brings up the question of spatial relationships between BTB occurrence and the ecological setting: a solid spatial and environmental under-

Corresponding author:
Horacio Zendejas-Martínez
Instituto Nacional de Investigaciones Forestales
Agrícolas y Pecuarias (INIFAP)
Centro de Investigación Regional Norte-Centro
Blvd. Profesor José Santos Valdéz 1200 pte.
Matamoros, Coahuila, C.P. 27440, México
Tel. +52 419 292 0036/0249; Fax +52 419 292 0033
E-mail: mchoraciozendejas@gmail.com

standing of BTB distribution might facilitate the work of the national programme by identification of areas of higher or lower BTB transmission risk.

Ecological niche modeling (ENM) offers a new suite of tools and inferences for understanding broad spatial patterns in disease prevalence (Peterson, 2006a, 2007). These techniques, borrowed from the biodiversity community (Peterson, 2006b), relate known occurrences of species to raster geographical information system (GIS) maps summarising relevant features of ecological landscapes (e.g. climate, topography, soils and land cover). The result is a spatial, environmental model that summarises conditions under which the species is expected to be absent, *versus* potentially present (Araújo et al., 2005; Thuiller et al., 2005; Pearson et al., 2006). This type of model can be used to explore ecological characteristics of species or disease transmission phenomena (Peterson, 2006b), an application investigated in this contribution.

Although *M. bovis* is known to be an obligate intracellular pathogen, experimental results indicate that it can survive without this prerequisite, particularly under humid conditions (Williams and Hoy, 1930; Maddock, 1933; Genov, 1965). Indeed, recent reports confirm survival in farm environments outside the animal host, and that climatic conditions may influence survival rates (Duffield and Young, 1985; Young et al., 2005). Hence, the

purpose of this study was to test the hypothesis that environmental characteristics might govern BTB transmission on spatial scales broader than microclimates and very local events: our central question is whether environmental correlates offer *any* significant explanatory power regarding BTB distribution in certain locals, in this case in Jalisco.

Materials and methods

Data

The state of Jalisco in central-western Mexico is divided into eight political districts that vary in BTB prevalence (Table 1; Fig. 1). A key point is that BTB prevalence rates are markedly higher in districts with larger concentrations of dairy cattle (Milián-Suazo et al., 2000). In all, 87% of the dairy cattle population is concentrated in the northeastern part of the state, while the northern, southeastern, and western coastal zones hold mostly beef cattle (Milián-Suazo and Huitrón, 2001). Herd information and data regarding tuberculosis prevalence (i.e. proportion of reactors within herds) were obtained from the official registries of the Jalisco BTB campaign. A total of 2,400,000 records were available in the dataset, which correspond to 48,776 herds tested between 1995 and 2005. From those, a random sample of 2,286 herds were selected for the study.

Table 1. Herds and animals positive to the tuberculin test in selected farms by district in the state of Jalisco, Mexico, 1995-2005.

District	Number of herds in the sample	Positive herds	Proportion of herds positive	Animals tested	Animals positive	Positive animals per district (%)
Coastal						
Tomatlán	283	4	0.01	8,969	17	0.2
El Grullo	142	10	0.07	2,889	10	0.4
Interior						
Zapopan	209	92	0.44	8,096	571	0.7
Lagos de Moreno	758	311	0.41	37,684	2,041	5.4
Ameca	133	6	0.05	3,283	13	0.4
La Barca	221	42	0.19	6,870	216	3.1
Cd. Guzmán	398	5	0.12	11,890	104	0.9
Colotlán	143	18	0.13	3,872	18	0.5
Total	2,287	488		83,553	2,990	

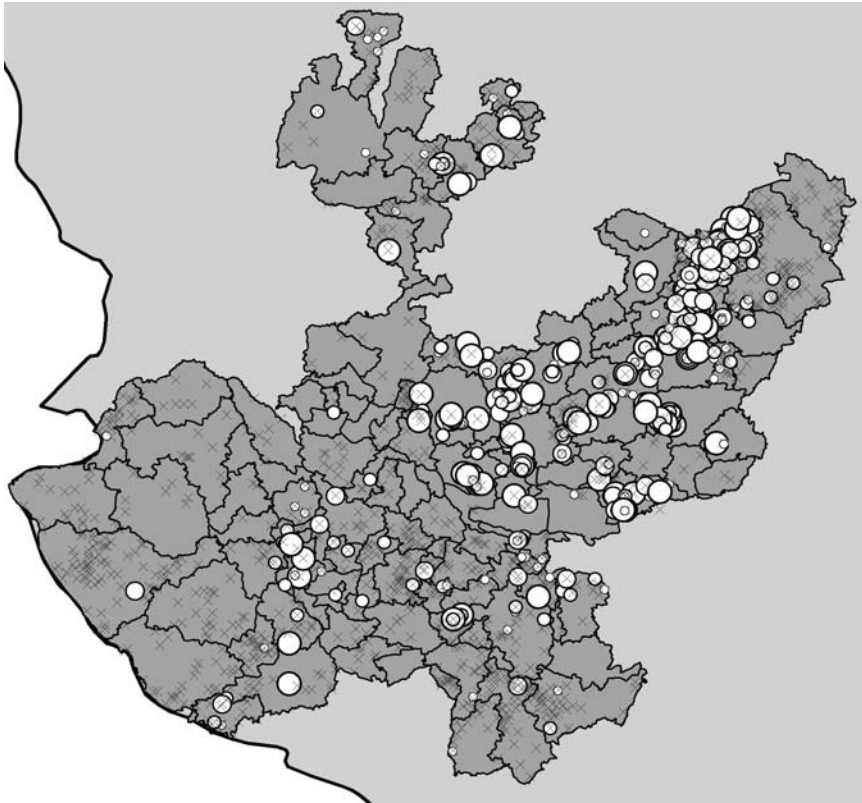


Fig. 1. Map of the Mexican state of Jalisco, showing municipal boundaries (thin outlines), as well as the limits of the north-eastern Jalisco region within which some analyses were focused (angular line and area to the north and east). Cattle herds sampled are shown by prevalence detected: X = zero prevalence, small circles = 6% prevalence, medium-sized circles = 6-12% prevalence, larger circles = 12-20% prevalence, largest circle >20% prevalence.

Sample size was estimated considering overall 6% herd prevalence, and the goal of a 95% confidence level and 1% error. Probability-based proportional sampling, with stratification according to herd population by political district, was used to set final sample sizes. From these herds, a workable (but still sufficiently large) sample of animals was selected and the fine-resolution of spatial locations of herds was derived from measurements using a Geko 301 handheld global positioning system (GPS) unit (Garmin, Ltd., Olathe, Kansas, USA).

Our spatial inferences were based on modeling ecological niches of species, here defined as the set of conditions under which a species is able to maintain stable populations without immigration subsidy (Grinnell, 1917, 1924). Niche modeling tech-

niques relate known occurrences (as geographic coordinates) to environmental variables (in the form of digital raster maps of relevant ecological parameters) to outline of the overall ecological dimensions of the ecological niche of the species. ENM algorithms search for non-random associations between occurrences of the species and raster geographical information system (GIS) maps of relevant environmental dimensions, which can be used to identify areas that fit the ecological requirements of the species (Soberón and Peterson, 2005).

In the present analysis, we based initial models on points at which any cow had been found to be tuberculosis-positive (i.e., prevalence >0%). Later analyses focused only in dairy cattle areas in northeastern Jalisco and only on high-prevalence (i.e. >20%) sites

as compared to zero-prevalence sites. The latter were restricted to zero-prevalence sites that were >1.41 km (= the corner-to-corner diagonal distance across a 1-km grid square) from any presence site to assure that no tuberculosis-positive cow had been detected anywhere within the same grid square.

We used 22 raster GIS datasets to summarize environmental variation across Jalisco: four aspects of topography (elevation, slope, aspect and a compound topographic index), all derived from the Hydro-1K digital elevation dataset (USGS, 2001); seven climate features (annual mean temperature, mean diurnal temperature range, maximum temperature of warmest month, minimum temperature of coldest month, annual precipitation, precipitation of the wettest month, and precipitation of the driest month) all from the WorldClim dataset (Hijmans et al., 2005); and remotely-sensed normalized difference vegetation index (NDVI) data, representing monthly composites for February-December 1995 from the Advanced Very High Resolution Radiometer (AVHRR) sensor (UMD, 2001). The NDVI data were chosen to coincide with the initiation of prevalence data gathering, but they more than anything represent the typical trajectory of “greenness” through the course of a year. The spatial resolution of all environmental data sets was 1 km, so no re-sampling to different resolutions was necessary.

Ecological niche modeling (ENM)

Numerous approaches have been applied to the challenge to develop niche models using presence-only occurrence data (Elith et al., 2006). Among the many choices, two stand out, both based on evolutionary computing principles: the genetic algorithm for rule-set prediction (GARP) (Stockwell and Noble, 1992; Stockwell and Peters, 1999) and Maxent (Phillips et al., 2004, 2006), which uses maximum entropy probability fitting. GARP has seen the broadest application in such applications, whereas recent comparative evaluations of ENM algorithms have generally evaluated Maxent favourably (Elith et al., 2006). We used both

approaches throughout this study. However, as the results of the two approaches were qualitatively identical, we report only the GARP results.

GARP is an evolutionary-computing approach that uses inferential methods (logistic regression, range rules, negated range rules, atomic rules) to generate rules regarding distributions of species in ecological space, which are then “evolved” in an iterative process of rule selection, evaluation, testing and incorporation (or rejection). Testing is based on random subsets re-sampled from available occurrence data, separated from the outset into extrinsic training data (50% of points), and intrinsic training and testing data (25% each). The latter two suites of points are related to equal numbers of points randomly re-sampled from the set of points where the species has not been recorded (“pseudo-absences”). To avoid complications caused by different levels of prevalence, intrinsic training and test data and corresponding pseudo-absence data are re-sampled randomly with replacement to create equal-sized data sets with equal representation of presences and absences (1,250 points each).

Given the inherently stochastic nature of GARP, the algorithm produces alternative model solutions for the same input data, so we followed the filtering and consensus methods of Anderson et al. (2003) to choose optimal models from among alternatives. For each model, 100 replicate models were generated; the 20 models with the lowest omission error (measured as failure to predict points in the extrinsic testing dataset) were retained, and then the 10 models with the proportional area predicted closest to the median were selected. This “best subset” of multiple replicate models was summed for each grid square to obtain a map summarising the final predictions for the potential distribution of BTB.

Validating model predictions

Throughout this analysis we developed model validations schemes based on spatially independent subsets of available occurrence data. In general, both for Jalisco as a whole, as well as when limited to north-

east Jalisco, circles with 100 km diameters (the size arbitrarily chosen to optimize the presence of both high and low prevalence) were located in strategic regions, i.e. three areas selected by eye to cross zones with a prevalence >20% and zones with zero-prevalence herds to assure maximal diversity in the response variable. Occurrences from within the circles were omitted from model training, i.e. our predictions were based on all points *outside* of the circle in question, and then projected into each circle. Independent occurrences from within the circle were then overlaid onto the predictions and coincidence of predictions and independent test data tallied.

The hypothesis that coincidence between independent test points and predictions by the model was greater than that expected at random was assessed as follows. We assumed that random predictive success would follow the proportion of the total area of the test circle covered by the model prediction. We used a cumulative binomial probability distribution to calculate the probability of achieving the observed level of coincidence by chance, given a probability of success equal to the proportional area predicted present. It should be noted that this test is seeking any detectable predictive ability, and may not offer sufficiently elevated confidence to constitute a useful prediction (M. Turelli, personal communication). However, given the negative result obtained, it becomes a very sensitive test for ecological correlates.

Finally, to confirm lack of predictivity, we compared environmental conditions of “cattle presence” *versus* “cattle absence” and “infected” *versus* “non-infected” cattle using Wilcoxon tests. In the former comparisons, we contrasted cattle sample points (without regard to BTB status) with values of environmental parameters at 1,000 randomly placed points across northeastern Jalisco. In the latter comparisons, we contrasted environmental parameters associated with BTB-positive and BTB-negative herds.

Results

Tests of the ENM ability to anticipate distributions of independent test occurrence points repre-

senting detections of tuberculosis-positive cattle across all of Jalisco were developed based on three 100 km circles (Fig. 2). In all three cases, predictions within the test circles were statistically significantly more coincident with independent test data than random expectations (all $P < 0.001$; Table 2). Nonetheless, in spite of this apparent indication of “predictivity” of BTB distributions, we noted that areas of high prediction coincided with areas in which dairy cattle are most frequent, suggesting that our models might simply be reconstructing distributions of dairy cattle, as opposed to anything specific to areas of high BTB prevalence. As a result, given that the northeastern portion of the state represented a clear concentration of BTB-positive cattle, and given the contrasting regional distributions of dairy and beef cattle, we focused further tests in northeastern Jalisco to see if niche models could discriminate BTB-present sites from BTB-absent sites within dairy cattle areas.

Within northeastern Jalisco, again, we used three 100 km circles to test model predictivity into regions from which no input data participated in model development (Fig. 2). Once again, the modelled predictions were statistically significantly better than random expectations (all $P < 0.001$; Table 2). However, the BTB presence-based model predicted points of zero BTB prevalence just as well, or better than, as it did BTB presences (also $P < 0.001$). Predictions based only on high-prevalence sites were not statistically significantly predictive of distributions of BTB-positive cattle. In this sense, our results suggest that the BTB presence-based models are only predicting the non-random nature of dairy cattle distributions or cattle sampling for BTB within northeastern Jalisco, rather than detecting unique environmental features of BTB-infected dairy cattle distributions.

Finally, outside of the niche modeling framework, we compared the simple environmental characteristics of points of known high BTB prevalence *versus* those of known zero prevalence (Figs. 3 and 4), and of “cattle presence” *versus* “cattle absence” based on 1,000 randomly placed points (representing absence) using Wilcoxon tests. In the latter compar-

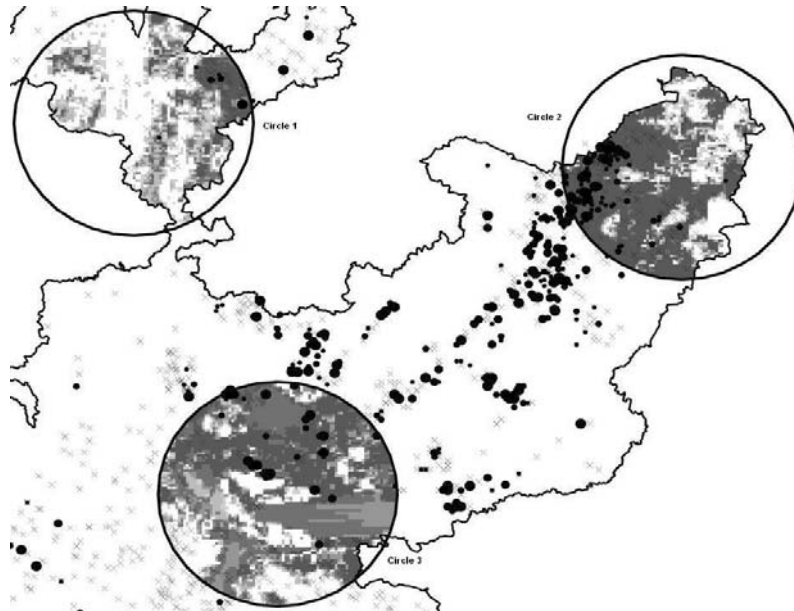


Fig. 2. Details of three areas in Jalisco, Mexico, from which spatial subsets of available occurrence data were excluded (sequentially) from model construction to provide an independent test of model prediction. Each circle is 100 km in diameter; shown inside each are the model predictions developed based on points outside the circle, with the independent test points from within that circle overlaid (results summarized in Table 2). Circle sizes reflect prevalence, as in Figure 1. Shading inside circles indicates best-subsets GARP model agreement in predicting presence: white areas = 5 of 5 models predict absence, darkest gray = 5 of 5 models predict potential presence.

ison (cattle presence *versus* cattle absence), we observed significant differences ($P < 0.05$) in 14 out of 22 environmental variables. In the former case, comparing infected *versus* non-infected cattle herds, only four out of 22 variables (maximum temperature of warmest month, annual precipitation, precipitation of wettest month, precipitation of driest month) showed significant ($P < 0.05$) dif-

ferences. Hence, these results suggest that environmental conditions are more closely related to cattle presence than to high BTB prevalence. Distances to the nearest road showed statistically significant differences in both the comparison of “cattle presence” *versus* “cattle absence” ($P < 0.001$) and in the comparison of infected *versus* non-infected herds ($P = 0.019$).

Table 2. Summary of tests carried out regarding the ability of ENMs to anticipate distributions of independent test occurrence points representing distributions of tuberculosis-positive cattle in Jalisco and in a restricted area of northeastern Jalisco, based on the regions shown in Figure 3. “--” indicates probabilities above the threshold of $\alpha = 0.05$.

Test	Presences correctly predicted	Total number of presences available	Proportion of area predicted presence	P
All Jalisco				
Circle 1	4	7	0.114	<0.001
Circle 2	108	108	0.565	<0.001
Circle 3	25	47	0.298	<0.001
Northeastern Jalisco				
Circle 1, prevalence >0%	9	54	0.163	--
Circle 2, prevalence >0%	108	228	0.497	--
Circle 3, prevalence >0%	160	191	0.729	<0.001
Circle 3, prevalence >20%	26	31	0.768	--

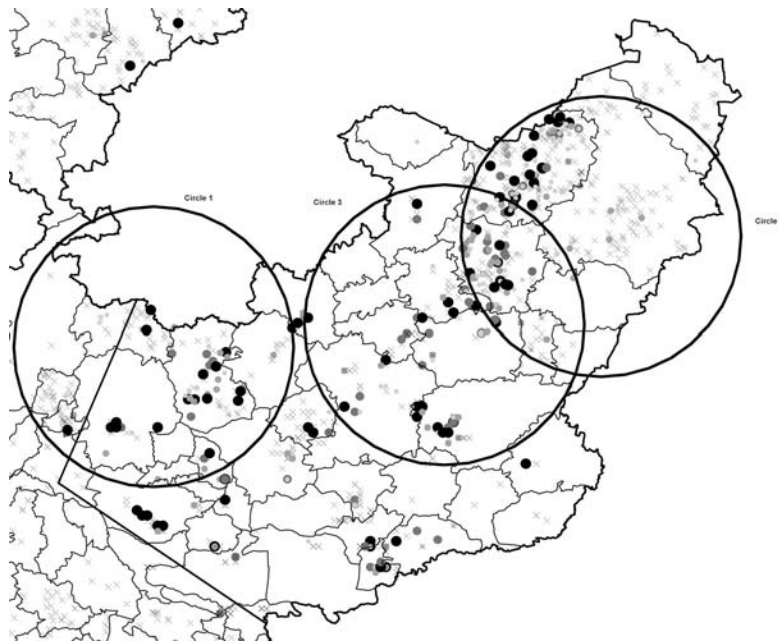


Fig. 3. Summary and illustration of tests carried out in northeastern Jalisco, Mexico, showing the three test circles (100 km diameter) and the distribution of sampling points and their respective prevalence (circle sizes reflect prevalence, as in Fig. 1).

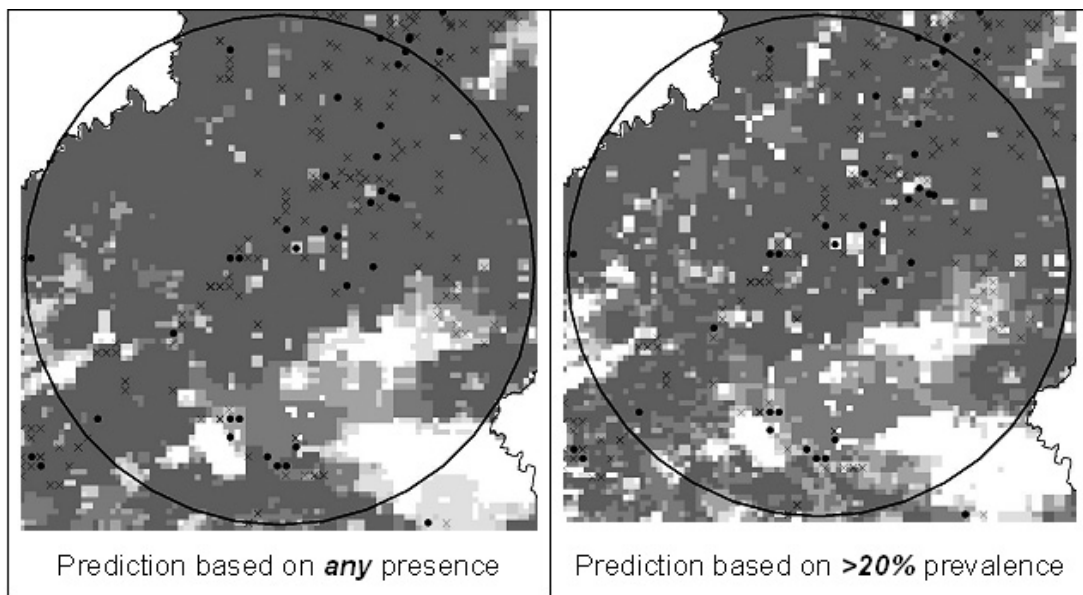


Fig. 4. Example results (circle 3, Fig. 3) from tests carried out regarding prediction of BTB cases, as contrasted with absences (zero prevalence) in northeastern Jalisco, Mexico. Each circle is 100 km in diameter, and shown inside each are the model predictions developed based on points *outside* the circle, with the independent test points from within that circle overlaid (X = zero prevalence, • >20% prevalence). Shading inside circles indicates best-subsets GARP model agreement in predicting presence: white = 5 of 5 models predict absence, darkest gray = 5 of 5 models predict potential presence.

Discussion

Influences of external environmental conditions on the survival of *M. bovis* have been reported earlier. For example, *M. bovis* exposed in open pasture remained viable and virulent for at least seven weeks in the English summer (Maddock, 1933). *M. bovis* mixed artificially with cow faeces and exposed on pasture land survived at least 35 weeks in the winter, 28 weeks in autumn, and up to 14 weeks in the summer, in southern England; survival time increased when protected from direct sunlight (Williams and Hoy, 1930). In northern Europe, *M. bovis* mixed with organic matter survived 22-47 weeks when exposed to sunlight at 24-34°C, but up to 104 weeks if buried 5 cm below the surface of shaded soil and 52 weeks if at a depth of 1 cm (Genov, 1965). Vaccine strain *M. bovis* (Bacillus Calmette-Guérin; BCG) remains viable in soil for >15 months and significant levels of *M. bovis* DNA and RNA persist in the field, suggesting presence of viable cells as an environmental reservoir for infection, a potential risk to cattle (Young et al., 2005).

The reports cited, however, focus on the micro-environments presented within particular farms rather than on broader-scale ecological settings. At some spatial extent, such broader-scale influences probably do indeed exist – we doubt that *M. bovis* would be transmitted particularly effectively in more extreme environments such as the Arctic or the driest deserts. Still, our results suggest quite clearly that, at the scale of Jalisco, or the northeastern portion of Jalisco, coarse-scale environmental influences are not discernable for BTB prevalence. Rather, major factors affecting BTB prevalence appear to be more related to the spatial distribution of dairy cattle herds, and perhaps to particular conditions of cattle management.

Prevalence of BTB is much higher in dairy than in beef cattle, owing to at least two reasons: management practices and food supply. In the study area, dairy cattle maintained in very intensive production conditions, with large numbers of animals kept per unit

area, which increases the chances of disease transmission by close contact between animals. Also, dairy farms are located close to urban areas, mostly with temperate weather, where food supply is available. Such weather conditions can increase the chances of survival for *Mycobacterium*. Beef cattle, on the contrary, are raised in dry coastal areas, with few cattle per unit area, and lots of sunshine, conditions that reduce disease transmission and survival of *Mycobacterium*. We were unable to relate BTB prevalence with macro-environmental conditions in the present study; however, we did not analyze micro-environments, where factors such as humidity, temperature, or season influence prevalence of the disease.

Our analysis of coarse resolution BTB prevalence correlates is certainly complicated by micro-scale factors. That is, particular management practices in certain herds may affect prevalence dramatically, creating broad background variation from which the coarse-resolution spatial environmental variation that we sought would have to be discerned. We failed to detect coarse-scale environmental correlates against the background of other possible factors acting on different spatial and temporal scales. However, we report our results as a benchmark for other such studies that may use more refined or more sensitive techniques.

More generally, in previous disease applications of ENM techniques (Peterson, 2006a), the focus has been on detecting environmental correlates of geographic distributions of species and successfully predicting distributions of disease transmission phenomena. In this case, however, we applied several quite-sensitive approaches to detecting such niche dimensions and making such predictions, but failed to demonstrate significant associations. Moreover, this suite of tests addresses the hypothesis of any nonrandom similarity of the two niches (in this case, infected *versus* non-infected cattle herds), however subtle (M. Turelli, personal communication). As such, our negative result represents a conservative test, and coarse-scale environmental correlates of BTB transmission appear to be lacking.

Acknowledgements

We thank the faculty of the Istituto Zooprofilattico Sperimentale dell'Abruzzo e del Molise "G. Caporale" for a kind invitation to its OIE conference on GIS in veterinary activities, where the discussions towards this collaboration were initiated.

References

- Anderson RP, Lew D, Peterson AT, 2003. Evaluating predictive models of species' distributions: criteria for selecting optimal models. *Ecol Modell* 162, 211-232.
- Araújo MB, Whittaker RJ, Ladle RJ, Erhard M, 2005. Reducing uncertainty in projections of extinction risk from climate change. *Global Ecol Biogeogr* 14, 529-538.
- Díaz OF, Estrada CC, Arriaga DC, 2004. Métodos alternos en el diagnóstico de la tuberculosis bovina. 12ª reunión anual del consejo técnico consultivo nacional de salud animal (CONASA). Pachuca Hidalgo, 6 de diciembre del 2004. Foro: tuberculosis y paratuberculosis en México, México, pp. 12-22.
- Duffield BJ, Young DA, 1985. Survival of *Mycobacterium bovis* in defined environmental conditions. *Vet Microbiol* 10, 193-197.
- Elith J, Graham CH, Anderson RP, Dudík M, Ferrier S, Guisan A, Hijmans RJ, Huettmann F, Leathwick JR, Lehmann H, Li J, Lohmann LG, Loiselle BA, Manion G, Moritz C, Nakamura M, Nakazawa Y, Overton JM, Peterson AT, Phillips SJ, Richardson K, Scachetti-Pereira R, Schapire RE, Soberón J, Williams S, Wisz MS, Zimmermann NE, 2006. Novel methods improve prediction of species' distributions from occurrence data. *Ecography* 29, 129-151.
- Genov I, 1965. The effect of certain physical and chemical agents on *Mycobacterium avium*. *Vet Med Nanki Sof* 2, 97-107.
- Grange JM, Yates MD, 1994. Zoonotic aspects of *Mycobacterium bovis* infection. *Vet Microbiol* 40, 137-151.
- Grinnell J, 1917. Field tests of theories concerning distributional control. *Amer Nat* 51, 115-128.
- Grinnell J, 1924. Geography and evolution. *Ecology* 5, 225-229.
- Hijmans RJ, Cameron SE, Parra JL, Jones PG, Jarvis A, 2005. Very high resolution interpolated climate surfaces for global land areas. *Int J Climatol* 25, 1965-1978.
- Maddock ECG, 1933. Studies on the survival time of the bovine tubercle bacillus in soil, soil and dung, in dung and on grass, with experiments on the preliminary treatment of infected organic matter and the cultivation of the organism. *J Hyg* 33, 103-117.
- Milián-Suazo F, Huitrón MG, 2001. Diagnóstico situacional y epidemiológico de las campañas de control y erradicación de la tuberculosis y brucelosis bovina en el estado de Jalisco, 1995-1999. Comisión estatal para la erradicación de la tuberculosis bovina y brucelosis en el estado de Jalisco, Mexico. Instituto Nacional de Investigaciones Forestales Agrícolas y Pecuarias, pp. 17-41.
- Milián-Suazo F, Salman MD, Ramirez C, Payeur JB, Rhyan JC, Santillan M, 2000. Identification of tuberculosis in cattle slaughtered in Mexico. *Am J Vet Res* 61, 86-89.
- Pearson RG, Thuiller W, Araújo MB, Martinez-Meyer E, Brotons L, McClean C, Miles L, Segurado P, Dawson TP, Lees DC, 2006. Model-based uncertainty in species range prediction. *J Biogeogr* 33, 1704-1711.
- Peterson AT, 2006a. Ecologic niche modeling and spatial patterns of disease transmission. *Emerg Inf Dis* 12, 1822-1826.
- Peterson AT, 2006b. Uses and requirements of ecological niche models and related distributional models. *Biodiv Inf* 3, 59-72.
- Peterson AT, 2007. Ecological niche modelling and understanding the geography of disease transmission. *Vet Ital* 43, 393-400.
- Phillips SJ, Anderson RP, Schapire RE, 2006. Maximum entropy modeling of species geographic distributions. *Ecol Modell* 190, 231-259.
- Phillips SJ, Dudík M, Schapire RE, 2004. A maximum entropy approach to species distribution modeling. Proceedings of the 21st International Conference on Machine Learning, Banff, Canada.
- Soberón J, Peterson AT, 2005. Interpretation of models of fundamental ecological niches and species' distributional areas. *Biodiv Inf* 2, 1-10.
- Stockwell D, Peters D, 1999. The GARP modelling system: problems and solutions to automated spatial prediction. *Int J Geogr Inf Sci* 13, 143-158.
- Stockwell DRB, Noble IR, 1992. Induction of sets of rules from animal distribution data: a robust and informative

- method of data analysis. *Math Comp Simul* 33, 385-390.
- Thuiller W, Richardson DM, Pysek G, Midgley F, Hughes GO, Rouget M, 2005. Niche-based modelling as a tool for predicting the risk of alien plant invasions at a global scale. *Glob Change Biol* 11, 2234-2250.
- UMD, 2001. AVHRR NDVI Data Set University of Maryland, <http://glcf.umiacs.umd.edu/index.shtml>, College Park, Maryland, USA (Accessed: August 2006).
- USGS, 2001. HYDRO1k Elevation Derivative Database, <http://edcdaac.usgs.gov/topo30/hydro/> U.S. Geological Survey, Washington DC, USA (Accessed: August 2006).
- WHO, 2008. Global tuberculosis control: surveillance, planning, finance. ISBN 978 9 24156354 3. World Health Organization, Geneva, Switzerland.
- Williams RS, Hoy WA, 1930. The viability of *B. tuberculosis (bovinus)* on pasture land, in stored faeces and in liquid manure. *J Hyg* 30, 413-419.
- Young JS, Gormley E, Wellington EM, 2005. Molecular detection of *Mycobacterium bovis* and *Mycobacterium bovis* BCG (Pasteur) in soil. *Appl Environ Microbiol* 71, 1946-1952.

CAPÍTULO IX

DISCUSIÓN

Es conocido que las enfermedades no siguen una distribución espacial aleatoria, más bien responden a la distribución del huésped, del agente etiológico y de las condiciones ambientales asociadas a estos: la tuberculosis es un claro ejemplo. De acuerdo a la distribución observada en los mapas y al conocimiento que se tiene de la enfermedad, se puede observar que las zonas de mayor prevalencia de TBB coinciden con la distribución de diferente tipo de ganado; la zona centro del estado y la zona de “Los altos de Jalisco” tienen mayormente ganado especializado en la producción de leche, donde se conoce que por las características de explotación, el hacinamiento y el estrés, la prevalencia de la enfermedad es mucho mayor que en ganado especializado en carne, el que generalmente tiene condiciones de explotación extensiva y las probabilidades de contacto entre individuos es mucho menor. Esto indica que pueden existir factores de riesgo que pueden ser incorporados al modelo de evaluación geoestadística con Krigeaje que pueden proporcionar estimaciones con mayor grado de precisión de la distribución de las enfermedades en las poblaciones. Considerando lo anterior en el presente trabajo se consideró la inclusión de variables climatológicas con la finalidad de evaluar la relación de estas variables con la persistencia de tuberculosis bovina utilizando las técnicas de modelaje de nicho ecológico.

Una de las dudas que siempre se tienen cuando se trabajan fuentes de datos secundarios es la confiabilidad de la información. En este caso se utilizó información de la Comisión Estatal para la Erradicación de la Tuberculosis Bovina y Brucelosis (COEETB) del estado de Jalisco, que es la misma que de manera constante, de al menos dos veces por año, la Comisión Revisora del Departamento de Agricultura de los Estados Unidos (USDA, por sus siglas en inglés) está analizando para dictaminar el estatus sanitario del Estado y certificarlo

para que pueda exportar animales al país del norte, lo que nos da confianza de la calidad de la misma.

El krigeaje es un método de interpolación que ha mostrado ser útil en numerosas aplicaciones prácticas, sin embargo, para realizar predicciones con un alto nivel de precisión y aprovechando al máximo las bondades del método, es necesario que los datos utilizados en el análisis cumplan con las suposiciones que el método requiere. En este caso utilizamos el krigeaje ordinario, como herramienta para estimar la prevalencia de tuberculosis bovina en áreas en las que no se cuenta con la información de ésta.

En estudios preliminares realizados por Wint y Cols., en el 2002, mostraron la utilidad de datos medioambientales en conjunto con datos multi temporales de satélite para describir la distribución de tuberculosis bovina en Gran Bretaña. Thompson y Scott en 2007 utilizaron el método lineal de krigeaje para evaluar la asociación de efectos de hato atribuibles a su localización en la seroprevalencia de enfermedades causadas por: *Mycobacterium avium* subsp. *Paratuberculosis* (MAP) y *Neospora caninum* (NC), mostrando que la seropositividad a NC en ganado productor de carne es una clara evidencia de la presencia de covariación espacial, sugiriendo que las causas ecológicas tienen un papel importante en ganado productor de carne, pero no sucedió lo mismo con el ganado productor de leche. Por otro lado, no se mostró evidencia entre la seropositividad a MAP y la covariación espacial tanto en ganado productor de leche como en ganado productor de carne.

Berke en el 2004 realizó un estudio en el que usó el método de krigeaje en conjunto con estimaciones empíricas de Bayes para minimizar los sesgos producidos por los mapas generados solamente con el método de krigeaje al generar mapas de rastreo de enfermedades.

Es importante destacar que el aporte fundamental que hace la geoestadística, es la estimación de variables a partir de las características estructurales de la información de exploración, es decir, de sus características de variabilidad y correlación espacial.

En diversos estudios se ha mostrado que factores medioambientales externos tienen influencia en la sobrevivencia de *M. bovis*, sin embargo, estos estudios se han enfocado en microambientes particulares (a nivel de una explotación bovina), en lugar de tomar en cuenta ambientes ecológico a una escala más amplia (municipal, estatal, etc). En los estudios realizados en este trabajo con las técnicas del modelaje de nicho ecológico no se encontró relación entre la prevalencia de tuberculosis bovina con condiciones medioambientales a una macro escala (estatal). Sin embargo, en este trabajo no se incluyeron análisis a nivel de micro-ambientales, en los que factores como la humedad y temperatura pudieran tener cierta influencia en la prevalencia de la enfermedad. Refiriéndonos es este último aspecto a factores de manejo particulares de cada hato y con características medioambientales propias de un hato o un grupo de hatos.

Peterson en el 2006 realizó trabajos de investigación en los que se enfocó en detectar correlaciones ambientales mediante las técnicas de modelaje de nicho ecológico, prediciendo de manera exitosa la distribución de los fenómenos de transmisión de enfermedad.

En nuestro trabajo de investigación se aplicaron estas técnicas de predicción con diversos enfoques y con diferentes niveles de sensibilidad y sin embargo, no se logró mostrar la asociación entre la prevalencia de la tuberculosis bovina y los factores medioambientales estudiados. Además, este conjunto de pruebas llevadas a cabo nos conducen a formular la hipótesis de una probable asociación no aleatoria entre 2 diferentes nichos de población (en este caso, hatos infectados versus hatos no infectados).

CAPÍTULO X

CONCLUSIONES E IMPLICACIONES

Principalmente, los análisis de validación y correlación entre los valores estimados por krigeaje y los valores medidos y la función variograma que se presenta como una herramienta útil para analizar la variabilidad espacial de los valores de prevalencia de tuberculosis bovina, medidos en cada hato seleccionado y además de manera visual la comparación de ambos mapas en los que se observa una marcada similitud de las zonas de prevalencia de tuberculosis bovina, muestra que los sistemas de información geográfica apoyados con métodos geoestadísticos son de mucha utilidad para predecir la prevalencia de la tuberculosis bovina, o de cualquier otra enfermedad, en una región dada con un considerable ahorro potencial de recursos. Aunado a esto, es factible suponer que información adicional como tamaño de hato, movilidad animal, concentración de la población animal por unidad de espacio y otros factores más que pudiesen ser de relevancia epidemiológica podrían incluirse en un modelo geoestadístico que permita mejorar las predicciones realizadas.

En los estudios realizados utilizando las técnicas de modelaje de nicho ecológico no se encontró una asociación no aleatoria entre la prevalencia de la tuberculosis bovina y los factores medioambientales estudiados a una macro escala (estatal). Sin embargo, nuestro trabajo de investigación sirve como punto de referencia para otros estudios en los que pudieran utilizar ya sea tanto técnicas más refinadas o sensibles y en los que se pueda considerar las influencias micro ambientales sobre la prevalencia de las enfermedades a estudiar.

CAPÍTULO XI

REFERENCIAS

Armstrong, M. y Carignan, J., 1997. "Géostatistique Linéaire, Application au Domaine Minier.", École de Mines de Paris, 112 p., "Géostatistique Linéaire, Application au Domaine Minier.", École de Mines de Paris, 112 p.

Abasov, M.T., Djafarov, I.S. y Askerov, G.I. 1990. Computer Based System for Exploration, Optimization, and Reserve Estimation at the Bakhar Field, South Apsheron, Azerbaijan, SSR, Computers & Geosciences, Vol. 16, No. 2, pp. 245 - 249

Beck LR, Rodriguez MH, Dister SW, Rodriguez AD, Rejmankova E, Ulloa A. 1994. Remote sensing as a landscape epidemiologic tool to identify villages at high risk for malaria transmission. Am J Trop Med Hyg; 51:271 -80.

Berke, O. 2004. Exploratory disease mapping: kriging the spatial risk function from regional count data. International Journal of Health Geographics; 3:18.

Borroto, RJ, R, Martínez-Piedra. 2000. Geographical patterns of cholera in Mexico 1991-1996.: Int.J Epidemiol, v. 29, p. 764-772.

Briggs, D.J., P Elliott. 1995. The use of geographical information systems in studies on environmental and health: Wld hlth statist.quart., v. 48, p. 85 -94.

Brooker, S., E Michael. 2000. The potential of geographical information systems and remote sensing in the epidemiology and control of human helminth infections: Advances in Parasitology, v. 47, p. 246 -279.

Brooker S, Hay SI, Bundy DA. 2002. Tools from ecology: useful for evaluating infection risk models? Trends Parasitol; 18:70-4.

Brownstein JS, Holford TR., Fish D. 2003. A climate-based model predicts the spatial distribution of the Lyme disease vector *Ixodes scapularis* in the United States. Environ Health Perspect. July.111(9):1152 -7.

Campos, H. 2002. Los diez mandamientos del acuerdo de medidas sanitarias y fitosanitarias de la organización mundial del comercio. MVZ gaceta 2a. época[4], 7-9. Hidalgo, México, Federación de Colegios y Asociaciones de Médicos Veterinarios Zootecnistas de México, A.C. Ref Type: Magazine Article.

Carr, J.R. 1995. Numerical Analysis for the Geological Sciences, Prentice Hall Inc, 592p.

Chauvet, P.1994. "Aide-Memoire de Géostatistique Minière", École des Mines de Paris, 210 p.

Chica-Olmo, M., 1987. Análisis Geoestadístico en el Estudio de la Explotación de Recursos Minerales. Tesis Doctoral, Universidad de Granada, España, 387 p.

Christakos, G., y Raghu, V.R. 1996. Dynamic Stochastic Estimation of Physical Variables, *Mathematical Geology*, Vol. 28, No. 3, pp. 34 -365.

Christensen, J. 2001. Epidemiological concepts regarding disease monitoring and surveillance.: *Acta vet.scand.*, v. Suppl. 94, p. 11 -16.

Christensen, R. 1993, Quadratic Covariance Estimation and Equivalence of Predictions, *Mathematical Geology*, Vol. 25, No. 5, pp. 541 -558.

Comisión Mexicana para la Erradicación de la Tuberculosis. 1994.

Cosivi, O.1994. Zoonotic tuberculosis (*Mycobacterium bovis*), epidemiology and public health aspect in developing countries. International Symposium on Bovine Tuberculosis in Animals and Human Beings, 9.

Cousins, D.V. 2001. *Mycobacterium bovis* infection and control in domestic livestock.: *Rev.sci.tech.*, v. 20 , p. 71 -85.

Crandall, M. 2002. The spatial place of GIS in Government Agriculture: *ArcUser*, v. April-June, p. 12-13.

Cressie, N. 1991. *Statistics for Spatial Data*. John Wiley and Sons. New York.

Cressie, N. y Grondona, M.O.1992. A Comparison of Variogram Estimation with Covariogram Estimation. *The Art of Statistical Sciences*, Chapter 15, pp. 191 -208.

Cuador-Gil, J. Q. y Quintero, A. 1999. Análisis estructural: punto de partida de todo estudio geoestadístico. *Revista Minería y Geología*, Vol. XVI, No. 3, pp.16 -22.

Curran, P.J. y Atkinson, P.M., 1998, *Geostatistics and Remote Sensing*, *Progress in Physical Geography*, 22, 1, pp. 61 -78.

David, M. 1977. *Geostatistical Ore Reserve Estimation*, Elsevier, Amsterdam, 364 p.

Davison, S., R.J Eckroade, S.W. Cassavant, S, Gallo. 2002. Using geographic information systems (GIS) technology to determine the location of commercial poultry flocks, support industry and live bird market systems companies, dealers and markets in Pennsylvania: *Convención Anual Asociación Nacional de Especialistas en Ciencias Avícolas*, v. 27, p. 146 -147.

Deutsch, C.V., 1994, Kriging With String of Data, *Mathematical Geology*, Vol. 26, No.5, pp. 623-638.

Deutsch, C.V. y Journel, A.G., 1998, "GSLIB: Geostatistical Software Library and User's Guide", Second Edition, Oxford University Press, 369 p.

Diario Oficial de la Federación. Secretaría de Agricultura, Ganadería, Desarrollo Rural, Pesca y Alimentación. Proyecto de Modificación a la Norma Oficial Mexicana NOM-031-ZOO-1995, Campaña Nacional contra la Tuberculosis Bovina (*Mycobacterium bovis*), 2ª. edición, lunes 3 de diciembre del 2007.

Elith, J., Graham, C.H., Anderson, R.P., Dudík, M., Ferrier, S., Guisan, A., Hijmans, R.J., Huettmann, F., Leathwick, J.R., Lehmann, H., Li, J., Lohmann, L.G., Loiselle, B.A., Manion, G., Moritz, C., Nakamura, M., Nakazawa, Y., Overton, J.M., Peterson, A.T., Phillips, S.J., Richardson, K., Scachetti -Pereira, R., Schapire, R.E., Soberón, J., Williams, S., Wisz, M.S., Zimmermann, N.E., 2006. Novel methods improve prediction of species' distributions from occurrence data. *Ecography* 29, 129-151.

Elnaiem DA, Connor SJ, Thomson MC, Hassan MM, Hassan HK, Aboud MA.1998. Environmental determinants of the distribution of *Phlebotomus orientalis* in Sudan. *Ann Trop Med Parasitol*; 92:877 -87.

Elnaiem DA, Schorscher J, Bendall A, Obsomer V, Osman ME, Mekkawi AM. 2003. Risk mapping of visceral leishmaniasis: the role of local variation in rainfall and altitude on the presence and incidence of kala-azar in eastern Sudan. *Am J Trop Med Hyg*; 68:10-7.

Evans, J.T., Smith, E.G., Banerjee, A., Smith, R.M., Dale, J., Innes, J.A., Hunt D., Tweddell, A., Wood, A., Anderson, C., Hewinson, R.G., Smith, N.H., Hawkey, P.M., Sonnerberg, P. 2007. Cluster of human tuberculosis caused by *Mycobacterium bovis*: evidence for person to person transmission in the UK. *Lancet*, 2007 Apr 14; 369 (9569):1270-6.

Fernández. 1997. El control de la tuberculosis: Neumología y Cirugía de Torax Méx., v. 56, p. 116-118.

Fuentes, M.V., 2006. Remote sensing and climate data as a key for understanding fasciolosis transmission in the Andes: review and update of an ongoing interdisciplinary project. *Geospat Health*. Nov; 1(1):59-70.

Gallardo A., 2006. Geoestadística. *Ecosistemas*. 2006/3. (URL: http://www.revistaecosistemas.net/articulo.asp?id=431&Id_Categoría=1&tipo=portada)

Gotway, C.A., 1991. Fitting Semivariogram Models by Weighted Least Squares, Short Note, *Computers & Geosciences*, Vol. 17, No. 1, pp.171 -72.

- Grange, J.M., 1995. Human aspects of *Mycobacterium bovis* infection., in COaSJH Thoen (ed), *Mycobacterium bovis* infection in animals and Humans: Iowa State, IOWA State University Press/ Ames, p. 29-45.
- Guillespie, J.H., J.F., Timoney. 1983. El género *Mycobacterium*. Hagan y Bruner Enfermedades infecciosas de los animales domésticos: New York, La Prensa Médica Científica, p. 228-261.
- Guisan A., W. Thuiller. 2005. Predicting species distribution: offering more than simple habitat models. *Ecology Letters*. 8:993-1009.
- Gutierrez, M., B. Vincent., D. Aubert. 1998. Molecular fingerprinting of *Mycobacterium tuberculosis* and risk factors for tuberculosis transmission in Paris, France, and surrounding area.: *J. Clin. Microbiol.*, v. 32, p. 486-492.
- Haas, T.C. 1992. Redesigning Continental-Scale Monitoring Networks, *Atmospheric Environment*, Vol. 26A, No. 18, pp. 3323-3333.
- Hay, S.I., J.A., Omumbo., M.H., Craig., R. W. Snow. 2000. Earth observation, geographic information systems and *Plasmodium falciparum* Malaria in Sub-Saharan Africa.: *Advances in Parasitology*, v. 47, p. 174-215.
- Hernández de Anda, J., E.T., Rentería., V.G., López., H.M., Montaña. 1997. An abattoir monitoring for diagnosis of tuberculosis in cattle in Baja California, Mexico.: *JAVMA*, v. 211, p. 709-711.
- Hueston, W.D. 1993. Assessment of national systems for surveillance and monitoring of animal health.: *Rev. sci. tech.*, v. 12, p. 1187-1196.
- Huitrón, M.G., S.F., Milián. 2001. Diagnóstico situacional y epidemiológico de las campañas de control y erradicación de la tuberculosis y brucelosis bovina del estado de Jalisco A.C., Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y pecuarias. 1, 1-51. Jalisco, México.
- Hutchinson, G.E. 1957. Concluding remarks. *Cold Spring Harbor Symposia on Quantitative Biology*, 22:415-427.
- Isaaks & Co. 1999. SAGE 2001, A Spatial and Geostatistical Environment for Variography, San Mateo, California, <http://www.isaaks.com>, 67 p.
- Isaaks, E.H., Srivastava R.M. 1989. An introduction to applied geostatistics. Oxford University Press, Nueva York.

Journel, A. G. y Huijbregts, C. J. 1978. Mining Geostatistics, Academic Press, NewYork,600p.

Kleinsschmidt,I., G., Bagayoko., M. Craing., L Sueur. 2000. A partial statistical approach to malaria mapping.: Int.J Epidemiol, v. 29, p. 355 -361.

Kristensen, T.K., Malone JB, McCarroll JC. 2001. Use of satellite remote sensing and geographic information systems to model the distribution and abundance of snail intermediate hosts in Africa: a preliminary model for *Biomphalaria pfeifferi* in Ethiopia. Acta Trop; 79:73-8.

Lamorey, G. y Jacobsom, E. 1995. Estimation of Semivariogram Parameters and Evaluation of the Effects of Data Sparsity, Mathematical Geology, Vol.27, No.3, pp. 327-358.

Lepin, O. V. y Ariosa, J. D., 1986, Búsqueda, Exploración y Evaluación Geólogo Económica de Yacimientos Minerales Sólidos. Editorial Pueblo y Educación. Ciudad de La Habana. Primera Parte, 348 p, Segunda Parte, 191 p.

MacArthur, R.H. 1972. Geographical Ecology : Patterns in the distribution of species. Harper and Row Publishers. New York.

Matheron, G. 1970. "La Théorie des Variables Regionalisées et ses Applications" Les Cahiers du Centre de Morphologie Mathematique de Fontainebleau, Fascicule 5, Ecole de Mines de Paris, 212 p.

Milesi FA., López de Casenave, J. 2005. El concepto de nicho en ecología aplicada : del nicho al hecho hay mucho trecho. *Ecol. Austral*, jul./dic. Vol. 15. No. 2, p. 131-148. ISSN 1667-782X.

Milian-Suazo F, Salman MD, Ramirez C, Payeur JB, Rhyan JC, Santillan M. Identification of tuberculosis in cattle slaughtered in Mexico. Am J Vet Res. 2000 Jan;61(1):86-9.

Neil,S.D., J.J., Hanna, J.J., O´Brin, R.M., McCracken.1989.Transmision of tuberculosis from experimentally infected cattle to in contact calves: The Veterinary Record, v. 124, p. 269-271.

Norstrom,M. 2001. Geographical information system (GIS) as a tool in surveillance and monitoring of animal diseases: Acta Vet.Scand., v. suppl. 94, p. 79-85.

O´Reilly,L.M., C.J., Daborn.1995, The epidemiology of *Mycobacterium bovis* infections en animals and man: a review.: Tubercle and lun g disease, v. 76, p. 1-46.

Peterson, A.T. 2006. Ecologic niche modeling and spatial patterns of disease transmission. *Emerg Inf Dis* 12, 1822-1826.

Phillips, P.L., J.B., Welch. 2003. The application remote sensing and GIS analysis to a primary screw worm (*Cochliomyia hominivorax*) outbreak in Chiapas, México. *Simposium Binacional de Modelaje y Sensores Remotos en Agricultura. Mexico - USA*, 123-128.

Randolph, S.E. 2000. Ticks and tick-borne disease systems in space and from space.: *Advances in Parasitology*, v. 47, p. 217-243.

Rejmankova E, Roberts D.R., Pawley A, Manguin S, Polanco J. Predicción of *Anopheles albimanus* densities in villages based on distances to remotely sensed larval habitats. *Am J Trop Med Hyg* 1995; 53:482-8.

Rivoirard, J. y Guiblin, P. 1997. Global Estimation Variance in Presence of Conditioning Parameters, E.Y. Baafi and N.A. Schofield (eds) *Geostatistics Wollongong'96*, Volume 1, pp. 246-257.

Robinson, T.P. 2000. Spatial statistics and geographical information systems in epidemiology and health public.: *Advances in Parasitology*, v. 47, p. 82-127.

Rogers, D.J. 2000. Satellites, space, time and the African Trypanosomiasis.: *Advances in Parasitology*, v. 47, p. 130-171.

Rogers D.J., Randolph S.E., Snow R.W., Hay S.I. 2002. Satellite imagery in the study and forecast of malaria. *Nature*; 415:710-5.

Secretaría de Agricultura, Ganadería y Desarrollo Rural. Norma Oficial Mexicana NOM-031-ZOO-1995. 35-58. 1996. México. Diario Oficial.

Secretaría de Salud. Centro Nacional de Vigilancia Epidemiológica y Control de Enfermedades. Dirección General Adjunta de Programas Preventivos. Programa Nacional para la Prevención y Control de la Tuberculosis. Tuberculosis en México. Reunión Nacional de Evaluación. Septiembre 25-27 del 2007. México, D.F.

Schaug, J., Iversen, T. y Pedersen, U. 1993. Comparison of Measurements and Model Results for Airborne Sulphur and Nitrogen Components with Kriging, *Atmospheric Environment*, Vol. 27A, No. 6, pp. 831-844.

Snow R.W., Craig M.H., Deichmann U, le Sueur D. 1999. A preliminary continental risk map for malaria mortality among African children. *Parasitol Today*; 15:99-104.

Soberón, J. y A.T., Peterson. 2005. Interpretation of models of fundamental ecological niches and species' distributional areas. *Biodiversity Informatics*, 2:1-10.

Thomson, M.C., Connor, S.J., D'Alessandro U, Rowlingson Z, Diggle P, Cresswell M.1999. Predicting malaria infection on Gambian children from satellite data and bed net use surveys: the importance of spacial correlation in the interpretation of the results. *Am J Trop Med Hyg*; 61:2-8.

Thompson, J.A., Scott, H.M. 2007. Bayesian kriging of seroprevalence to *Mycobacterium avium* subspecies *paratuberculosis* and *Neospora caninum* in Alberta beef and dairy cattle. *Can Vet J*; 48 -1281-1285.

Thuiller, W., M.B., Araújo y S. Lavorel. 2004. Do we need land-cover data to model species distributions in Europe? *Journal of Biogeography*, 31:353-361.

Wackernagel, H.1995. *Multivariate Geostatistic, an Introduction with applications*, Berlin: Springer, 256 p.

Weerts, H.J.T. y Bierkens, M.F.P.1993, *Geostatistical Analysis of Over Bank Deposits of Anatomising and Meandering Fluvial Systems; Rhine -Meuse Delta, The Netherlands, Sedimentary Geology*, 85, Elsevier Sciences Publishers B.V., pp. 221-232.

Wint, W.G.R., Robinson, T.P., Bourn, D.M., Durr, P.A., Hay, S.E.,Rogers, R., Rogers, D. 2002.Mapping bovine tuberculosis in Great Britain using environmental data. *TRENDS in Microbiology*; Vol.10, October.

WHO.1994. Report of the WHO group on zoonotic tuberculosis (*Mycobacterium bovis*) with the participation of FAO: World Health Organization.Veterinary Public Health., p. 1-43.

Zeman,P.1997. Objective assessment of risk maps of tick-borne encephalitis and Lyme Borreliosis bases on spatial patterns of located cases.: *Int.J Epidemiol*, v. 26, p. 1121-1130.

Zenilman,J.M., G., Glass., T., Shields., P.R., Jenkins., J.C., Gaydos, K.T. McKee.2002. Geographic epidemiology of gonorrhoea and chlamydia on a large military installation: application of GIS systems.: *Sex Transm Inf*, v. 78, p. 40 -44.

Zimmerman, D.L. 1993. Another Look at Anisotropy in Geostatistics, *Mathematical Geology*, Vol. 25, No. 4, pp. 453-470