

SPECIES, una nueva plataforma web para comprender mejor la biodiversidad

Oswaldo Flores y Laura Vargas-Paradas

Abril 20, 2017

No. 3/2017

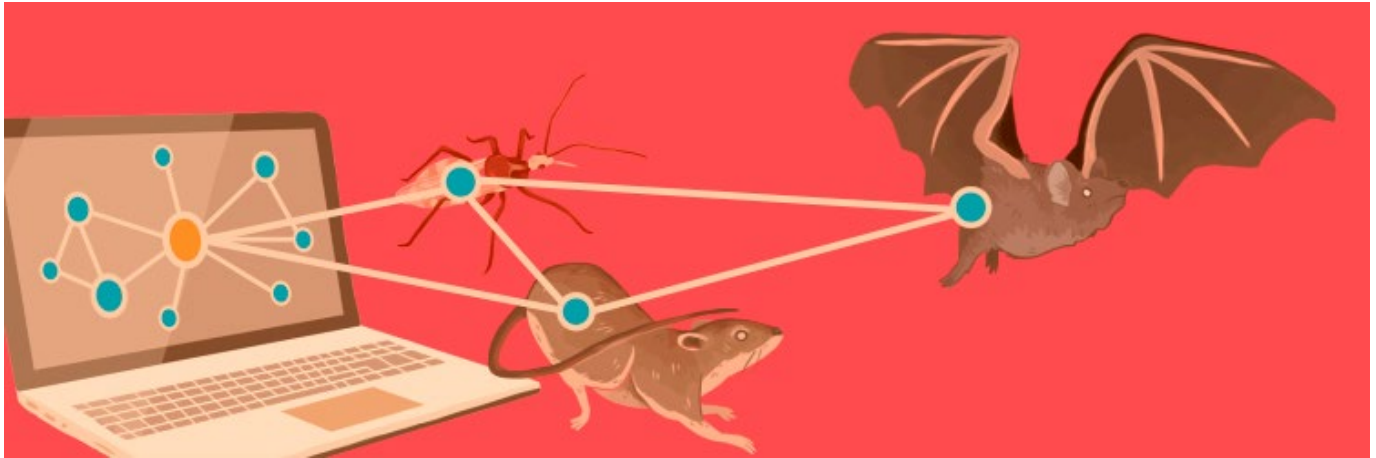


Ilustración: Joram Patiño, 2017

Se estima que el acervo digital sobre la biodiversidad contiene información de entre de 2 y 3 mil millones de ejemplares biológicos distribuidos en todo el planeta. Esta información representa un gran conocimiento sobre la diversidad biológica y su distribución geográfica.

Ahora será posible analizar esta información desde una perspectiva integral. El Centro de Ciencias de la Complejidad [C3] de la Universidad Nacional Autónoma de México y la Comisión Nacional para el Conocimiento y uso de la Biodiversidad (CONABIO) desarrollaron conjuntamente una nueva plataforma web interactiva llamada SPECIES, que utiliza minería de datos espaciales para analizar los registros de las recolectas del Sistema Nacional de Información sobre Biodiversidad en conjunto con capas climáticas y topográficas –del relieve del terreno—.

La minería de datos permite analizar e integrar grandes volúmenes de información para identificar patrones, correlaciones y otras asociaciones. SPECIES o Sistema Para la Exploración de Información Espacial es un software de uso libre y “una plataforma de análisis de datos espaciales”, explica Raúl Sierra, coordinador de Ecoinformática de la CONABIO. “Está enfocada a la exploración de datos y a armar modelos de manera interactiva lo que permite un acceso más fluido”.

La plataforma cuenta con dos módulos: nicho ecológico, que permite caracterizar el área donde se localizan los grupos de organismos y estimar su distribución potencial y, comunidad ecológica, que permite la construcción de redes complejas inferenciales, esto es, “el modelo permite hacer pronósticos sobre las posibles relaciones que pueden existir entre las especies”, explica Constantino González-Salazar, investigador posdoctoral del C3 y miembro del equipo que desarrolló [SPECIES](#).

Estas redes son de gran importancia ya que ayudan a la comprensión de las interacciones que se dan entre especies animales, vegetales y su ambiente. Normalmente, se requiere mucho trabajo de campo para identificar este tipo de relaciones, pero con SPECIES el trabajo se facilita: “cuando se estudian las interacciones entre los organismos hay que ir a campo y observar quién se come a quién, lo cual limita [el estudio] sólo a lo que ves y se requiere mucho esfuerzo, tiempo y dinero”, explica González-Salazar, doctor en biología. Con SPECIES las interacciones pueden deducirse del análisis de datos y los biólogos o ecólogos pueden, con esta información, hacer búsquedas e investigaciones más dirigidas.

DESCUBRIENDO INTERACCIONES

Para conocer cómo se distribuye una especie en particular y qué factores favorecen o limitan su distribución es necesario conocer su nicho ecológico.

Los factores que pueden afectar a una especie pueden ser bióticos (las diferentes especies con las que convive la especie de interés) o abióticos (el tipo de terreno, el clima, la altitud, etc.). Con SPECIES es posible identificar cuáles variables inciden en la distribución de un grupo de organismo en particular y se genera un mapa con un gradiente de condiciones que van desde las más óptimas hasta las menos óptimas. Estos modelos permiten estudiar diversos escenarios a los que puede enfrentarse una especie e inferir las condiciones que podrían favorecer su proliferación o llevarlos a la extinción.

Otra aplicación de SPECIES es la posibilidad de comprender con mayor detalle las interacciones entre diversos grupos de organismos y su medio ambiente. Para hacerlo, el modelo se representa en una red compuesta de nodos y aristas, donde los nodos representan a las especies y las aristas son los grados de asociación estadística entre ellas.

DE LA TEORÍA A LA PRÁCTICA

Utilizando SPECIES, ha sido posible estudiar enfermedades que son transmitidas de los animales al hombre, llamadas enfermedades zoonóticas. Tal es el caso de la Leishmaniasis y la enfermedad de Chagas, transmitidas por la picadura de insectos y prevalentes en nuestro país. Un elemento crucial en las zoonosis es identificar a todos los posibles animales que pueden albergar al parásito y, por lo tanto, ser potenciales reservorios de la enfermedad.

En un artículo publicado en la revista [PLoS One en 2016](#), se utilizó SPECIES para pronosticar qué otras especies de animales pueden ser probables hospederos del parásito que causa la Leishmaniasis. “Para México sólo se habían identificado 8 hospederos y en un proyecto realizado en conjunto con otras instituciones, se encontraron 22 nuevas especies hospederas del parásito”, explica el Dr. González-Salazar, coautor del trabajo. El estudio fue muy relevante pues una vez identificados los potenciales hospederos, un grupo multidisciplinario de diez instituciones académicas diferentes, realizó el muestreo sistemático que permitió validar el modelo y confirmar los pronósticos. Con los nuevos datos fue posible elaborar un mapa más amplio y mejor definido de riesgo integrando la distribución del insecto vector y los potenciales hospederos mamíferos.

En el caso de la [enfermedad de Chagas](#), los investigadores buscaban comprender mejor el patrón de transmisión de la enfermedad, que involucra conocer con detalle cuáles son las especies del insecto que la transmiten (chinches triatominas) y los potenciales hospederos, conocidos y no conocidos. Dependiendo de su distribución, con SPECIES se infirieron vectores potenciales y hospederos. Luego, se construyó un modelo predictivo que permitió evaluar la probabilidad de que estas especies entren en contacto.

De esta forma fue posible probar diversas hipótesis sobre las interacciones entre especies (epidemiología ecológica). Para validar el modelo, los investigadores mostraron que los hospederos pronosticados como potenciales coincidían con hospederos previamente confirmados como los más importantes. Finalmente, este estudio permitió pronosticar diferencias en la capacidad que tienen las distintas especies de chinches triatominas para transmitir la enfermedad de Chagas: dependiendo de su ubicación geográfica, las más cercanas a un hospedero tienen mayor probabilidad de transmitir la enfermedad.

DÓNDE ESTÁ EL ZIKA

Ante la emergencia que representa el virus del Zika y el peligro de su transmisión, SPECIES mostró ser una herramienta de gran utilidad para pronosticar el papel potencial de hospederos no humanos en mantener la infección por el virus.

El virus del Zika, y sus parientes el virus del dengue, chikungunya y el de la fiebre amarilla, tienen ciclos de vida que involucran hospederos entre diversos mamíferos y aves. El vector (mosquitos hembra del género *Aedes*), se alimenta de la sangre de estos animales y puede transmitir la enfermedad a los humanos por lo que es importante identificar hospederos animales que contribuyan a mantener al virus en un ecosistema. A la fecha, existe poca información sobre el tema.

Por ejemplo, se conocen seis especies de murciélagos que han resultado positivos para el virus del dengue en México pero no se ha identificado aún ningún animal que pueda albergar chikungunya y Zika, ni en México ni en el continente.

En febrero de este año, González-Salazar y sus colaboradores, desarrollaron [un modelo](#) para pronosticar la presencia de enfermedades emergentes usando SPECIES. El modelo incluye factores bióticos que regularmente no se toman en consideración en la mayoría de los estudios de nicho. Para el estudio incluyeron 427 especies de mamíferos terrestres que ocurren en México, para los cuales existen poco más de 37,000 ejemplares colectados en localidades georeferenciadas. Para el insecto, contaban con 302 puntos de recolección.

La plataforma permitió identificar una lista de mamíferos que pueden ser alimento potencial para los mosquitos (y por tanto ser potenciales hospederos) y un mapa que pronostica la probable interacción de 427 parejas de vectores-hospederos.

Los investigadores encontraron que 5 de las 6 especies de murciélagos identificadas como hospederos para dengue aparecen dentro de las primeras 50 especies potenciales para hospedar al virus del Zika. Más aún, 7 de las 10 especies más relevantes identificadas en este estudio son murciélagos, dos de las cuales han sido identificadas como positivas para dengue.

Es importante notar que las asociaciones estadísticas, como las que derivan de estos análisis, no son prueba de que exista una interacción causal entre las especies, pero es un buen indicador para que los investigadores realicen estudios dirigidos a mayor profundidad y en campo.

En el área de la salud, herramientas como la minería de datos y plataformas como SPECIES permitirán comprender mejor los escenarios más probables para la dispersión de enfermedades ayudando a dirigir los esfuerzos de prevención y a optimizar recursos económicos.

“SPECIES puede ser utilizado por los investigadores que les interesa estudiar la interacción entre especies, su ecosistema, el análisis de comunidades [...] y también para sistemas de validación”, explica el Dr. Sierra. “Nos gustaría ahora empezar a meter especies que son comunes a México y otros países, como Estados Unidos, Centro América, Canadá”.