

A APLICAÇÃO DE SISTEMAS DE INFORMAÇÃO GEOGRÁFICA NA MODELAÇÃO DA DISTRIBUIÇÃO DE VECTORES DE DOENÇAS: O MOSQUITO VECTOR DA MALÁRIA *ANOPHELES ATROPARVUS* EM PORTUGAL CONTINENTAL

César Capinha¹; Eduardo Gomes²; Eusébio Reis¹; Jorge Rocha¹; Carla A. Sousa²; Virgílio E. do Rosário³; A. Paulo G. Almeida²

¹ Centro de Estudos Geográficos – Universidade de Lisboa, Alameda da Universidade, 1600-214 Lisboa

² Unidade de Entomologia Médica – Instituto de Higiene e Medicina Tropical – Universidade Nova de Lisboa, Rua da Junqueira, 96, 1349-008 Lisboa

³ CMDT-LA – Instituto de Higiene e Medicina Tropical – Universidade Nova de Lisboa, Rua da Junqueira, 96, 1349-008 Lisboa

(cesarcapinha@hotmail.com; eduardojonas@gmail.com; jrocha@fl.ul.pt; eusebioreis@campus.ul.pt; casousa@ihmt.unl.pt; virgilio.rosario@ihmt.unl.pt; palmeida@ihmt.unl.pt)

RESUMO

A malária constituiu um dos principais problemas de saúde pública da primeira metade do século XX em Portugal. Actualmente, embora não se registem casos autóctones, a ocorrência constante de casos importados, associados a uma potencial capacidade de transmissão dos seus agentes infecciosos (plasmódios) pelo mosquito *Anopheles atroparvus*, mantém presente o risco de futuras infecções endémicas. No sentido de melhor se conhecer a distribuição desta espécie em Portugal Continental foram efectuados diversos modelos de distribuição potencial desta espécie vectora. Com base em vários levantamentos de campo referentes à presença de espécies do complexo *Anopheles maculipennis* e diversos factores ambientais considerados influentes na sua distribuição, foram utilizados cinco métodos correlativos distintos: distância de Mahalanobis; rede neuronal artificial; regressão logística binária; máxima entropia e algoritmo genético. A validação efectuada através do índice *kappa* permitiu identificar os modelos provenientes da regressão logística binária e máxima entropia como os de melhor desempenho preditivo. Com vista à redução da incerteza, os cinco modelos foram posteriormente combinados sob a forma de mapas binários. O seu resultado foi confrontado com as principais áreas de incidência de malária em Portugal na primeira metade do século XX, tendo-se verificado uma elevada concordância espacial entre as duas representações.

1. Introdução

A malária também conhecida em Portugal como paludismo ou sezonismo é ainda um dos principais problemas de saúde global. Em 2006, foram estimados cerca de 247 milhões de casos, causando aproximadamente um milhão de mortes, maioritariamente crianças com menos de 5 anos de idade (WHO, 2008). A infecção malárica ocorre após a entrada no organismo humano de um protozoário do género *Plasmodium*, veiculada por várias

espécies de mosquitos do género *Anopheles* designadas como vectores da doença. Em Portugal a malária foi endémica, registando-se elevadas taxas de incidência até aos finais da primeira metade do século XX (Bruce-Chwatt e Zulueta, 1977; Cambournac, 1994). De acordo com o índice esplénico existiam seis zonas sazonáticas ou palúdicas: a bacia do Douro, do Mondego, alto e baixo Tejo, Sado e Guadiana (Cambournac, 1942). A Organização Mundial de Saúde considerou a malária extinta em Portugal em 1973, depois de extensas campanhas de controlo (Bruce-Chwatt e Zulueta, 1977) com os últimos casos autóctones a serem registados em 1956/7. Não obstante, após a erradicação foi ainda detectado um caso esporádico em 1975, no distrito de Beja (Antunes *et al.*, 1987). O mosquito vector era *Anopheles atroparvus* Van Theil, 1927 (*Diptera, Culicidae*), membro do complexo de espécies gémeas *Anopheles maculipennis* (Cambournac, 1942).

Actualmente, são conhecidas em Portugal, cinco espécies potenciais transmissoras da doença, sendo *An. maculipennis* s.l. o grupo anofelínico de maior abundância e mais ampla distribuição, podendo ser encontrado por todo o país (Almeida *et al.*, 2008). A ocorrência constante de casos de malária importada, nas últimas décadas em Portugal, associada à possível capacidade de transmissão dos seus agentes infecciosos por *An. atroparvus* (Sousa, 2008), mantém presente a possibilidade de ocorrência de futuras infecções endémicas.

A distribuição de *An. atroparvus* em Portugal tem sido alvo de vários estudos. No entanto, não é ainda conhecida uma representação espacialmente contínua da sua distribuição. Este trabalho apresenta o primeiro modelo espacialmente contínuo da forma como *An. atroparvus* se distribui ao longo do território de Portugal Continental. Tal representação apresenta diversas potencialidades, sendo no presente contexto a averiguação de risco de infecção do vector, através de processos de análise espacial, uma das mais promissoras. Na possível ocorrência de futuros surtos da doença, esta informação pode ainda constituir-se como uma base útil na elaboração de cartas de risco de infecção humana. Para a sua realização foram utilizados cinco métodos correlativos distintos que conjugam registos da distribuição da espécie para o território, com diversos factores ambientais. Os resultados obtidos foram posteriormente confrontados com a distribuição histórica da malária em Portugal.

2. Dados e métodos

2.1 Dados de abundância e distribuição da espécie em Portugal Continental

No âmbito dos Projectos EDEN e “Arbovirus dos mosquitos de Portugal” foram realizadas diversas iniciativas relativas ao estudo de *An. atroparvus*. Uma destas teve como principal objectivo estimar a abundância de espécies pertencentes ao complexo *Anopheles maculipennis*, da qual a espécie em estudo faz parte. Estes levantamentos foram efectuados em instalações propícias à sua existência, como estábulos e pecuárias, tendo sido

realizados em várias localidades distribuídas por Portugal Continental entre 2001 e 2004. Os valores obtidos foram ponderados pela frequência conhecida de *An. atroparvus* relativamente às outras espécies integrantes do complexo para cada local de levantamento. A variabilidade das instalações, nomeadamente a implementação de medidas antiparasitárias e diferentes graus de isolamento ao exterior levou à existência de uma elevada irregularidade de valores de abundância, mesmo para locais muito próximos. No sentido de reduzir a incerteza destes valores procedeu-se à sua ordenação, tendo-se considerado apenas os situados acima do sexto decil como representativos de locais com maior adequabilidade à espécie. Além dos registos anteriores que actuam como registos de presença, foram ainda considerados registos de ausências. Para este trabalho, incluíram-se nesta categoria os locais onde a frequência de espécies do complexo apresentou valores extremamente reduzidos (<2%) comparativamente à frequência de outras espécies de mosquitos. Destes procedimentos resultaram um total de 76 registos de ocorrência e 16 de ausência.

2.2 Factores ambientais considerados

A obtenção de variáveis com maior potencial preditivo baseadas no conhecimento existente acerca dos factores que interferem na distribuição das espécies em questão é tida como um dos grandes passos a dar na modelação de *habitats* potenciais (Araújo e Guisan, 2006). Neste sentido foi efectuada uma revisão adequada do conhecimento existente acerca dos factores ecológicos tidos como influentes na distribuição da espécie objecto de estudo. Da conjugação deste com os dados disponíveis consideraram-se cinco variáveis independentes: temperatura máxima média do trimestre mais quente, temperatura mínima média do trimestre mais frio, precipitação total anual média, disponibilidade e adequabilidade de zonas húmidas e disponibilidade e adequabilidade de uso de solo agrícola.

A inclusão de modelos representativos da variação espacial da temperatura foi considerada tendo em conta a influência que esta tem, quer de forma directa sobre o comportamento e fisiologia da espécie (Cambournac e Hill, 1938), quer de forma indirecta, através da influência desta sobre outros factores ecológicos.

A utilização de valores de precipitação foi considerada devido à potencial acção directa que desempenha sobre a capacidade produtiva dos criadouros, como verificado para outras espécies (Paaijmans *et al.*, 2007), assim como sobre a disponibilidade e características de *habitat* dos três primeiros estádios de vida de *An. atroparvus*, nomeadamente nos regimes dos cursos de água, profundidade de massas de água e disponibilidade de charcos temporários.

A inclusão de informação relativa à proximidade e abundância de zonas húmidas, depende-se como de elevada importância para a espécie considerando a sua relação directa com a disponibilidade de *habitat* para os três primeiros estádios do seu ciclo de vida. O facto de um modelo correspondente aos limites espaciais destas áreas de interesse ser de natureza discreta, levou a que, no contexto deste trabalho, fosse necessária a sua trans-

formação para uma superfície contínua. A forma utilizada para estabelecer esta continuidade foi através do cálculo da sua densidade espacial. Esta densidade foi calculada de forma simples, correspondendo ao número de células que contêm determinada tipologia de zona húmida num raio de 10 km. O valor de 10 km foi um valor definido subjectivamente, mas que se considera permitir caracterizar toda a envolvência do local do registo referente à disponibilidade deste tipo de áreas. Além disso foi ainda considerada a atribuição de diferentes ponderações a cada uma das áreas, de acordo com a adequabilidade indicada na sua caracterização ecológica e em conjugação com o conhecimento de especialistas.

A utilização de um modelo de densidade de uso de solo agrícola pretende actuar como indicador da aptidão à existência de explorações animais, ao ar livre, ou dentro de instalações. Esta aproximação parte do pressuposto, ainda que generalista, de que as áreas com maior intensidade agrícola apresentam maior apetência a possuir explorações de animais, quer como actividade económica, quer para consumo doméstico. À semelhança do modelo relativo às zonas húmidas procedeu-se, com recurso a conhecimento de especialistas, à ponderação das classes de uso por apetência à existência de animais.

A realização dos dois modelos anteriores baseou-se integralmente na informação *Corine Land Cover 2000*, sendo as variáveis climáticas derivadas do projecto *Worldclim* (Hijmans *et al.*, 2005). Esta informação foi toda compatibilizada em estruturas de dados matriciais independentes com resolução espacial de 1 km².

2.3 Criação de conjuntos de calibração e de validação

Anteriormente à implementação dos métodos preditivos considerados, procedeu-se à separação da informação dependente sob a forma de dados de calibração e dados de validação através de extracção aleatória. Considerando a existência de um número total relativamente reduzido de registos ($n=92$), foi considerada a utilização de um método de validação cruzada com separação de registos por conjuntos. Este método consiste na geração de vários conjuntos de registos de validação independentes, sendo o modelo calibrado com os restantes registos, tantas vezes quanto o número de conjuntos. Cada um destes modelos é então validado pelo respectivo conjunto de registos inicialmente retido para este efeito.

A utilização deste método evita uma excessiva utilização de registos de validação como acontece aquando da utilização de um conjunto único. Assim, foram considerados três conjuntos, cada um dos quais com 13 registos aleatoriamente seleccionados, 2 do conjunto de ausências e 11 do conjunto das presenças. Este valor corresponde à extracção de cerca de 15% do número total de cada tipo de registos por conjunto. A utilização de valores de percentagem idênticos para as duas classes permite que a prevalência da espécie, transmitida pelos registos de calibração, permaneça inalterada.

2.4 Modelos preditivos utilizados

2.4.1 – Distância de Mahalanobis

A distância de Mahalanobis corresponde a uma medida de afastamento n -dimensional a um valor médio de um conjunto de dados. Esta medida, quando aplicada à modelação da distribuição de espécies, como é o caso, calcula a similaridade existente entre o valor multidimensional médio do conjunto de registos de presenças da espécie e cada um dos locais da área de estudo considerada.

2.4.2 – Rede neuronal artificial

As redes neuronais artificiais correspondem a modelos heurísticos não paramétricos com uma estrutura baseada no funcionamento das redes neuronais biológicas. A informação integrada neste tipo de modelo circula entre várias camadas através de ligações designadas de arcos. Este fluxo no presente caso tem como objectivo apreender as associações existentes entre os padrões das variáveis não dependentes e a dependente.

Foi utilizada uma rede do tipo perceptrão múltipla camada com uma camada oculta, contendo esta um número de neurónios idêntico ao número de variáveis independentes utilizadas.

2.4.3 – Regressão logística binária

A regressão logística binária corresponde a um modelo estatístico pertencente à classe dos modelos lineares generalizados. De um modo simples, esta calcula a probabilidade de determinado tipo de resposta da variável dicotómica em função do valor das variáveis independentes. A estimação dos parâmetros é realizada por uma função de máxima verosimilhança. Para isso os parâmetros são testados de forma iterativa sendo escolhidos os que apresentarem a máxima verosimilhança com os dados da amostra.

2.4.4 – Máxima entropia

O princípio da máxima entropia aplicado à modelação da distribuição de espécies encontra-se implementado no *software Maxent* (Philips *et al.*, 2006). Este modelo tenta, após um conjunto de iterações, encontrar a distribuição probabilística de máxima entropia com base nas limitações impostas pelos dados relativos à distribuição da espécie e às condições ambientais ao longo de toda a área de estudo. Estas últimas são obtidas através da geração aleatória de pseudo-ausências e, como tal, os registos referentes à ausência da espécie não são integrados nesta aplicação.

2.4.5 – Algoritmo genético

Os algoritmos genéticos correspondem a algoritmos heurísticos com capacidades adaptativas e que se baseiam nas teorias da selecção natural e genética. A aplicação deste princípio à distribuição de espécies é feita através da aplicação informática GARP (Stockwell

e Peters, 1999). Esta aplicação apresenta um conjunto de algoritmos que intentam alcançar as regras que melhor resumem a relação entre as ocorrências conhecidas da espécie e os factores associados à sua presença. À semelhança do método anterior o GARP também não integra registos de ausências.

3. Resultados

3.1 Modelos de adequabilidade de *habitat*

A validação das representações obtidas (Figura 1) constitui-se como uma etapa fundamental no processo de modelação da distribuição de espécies. Só com esta informação é possível avaliar a validade e aplicabilidade dos modelos obtidos. No contexto do presente trabalho, a avaliação preditiva permite ainda hierarquizar os diferentes modelos obtidos.



Figura 1 – Modelos de adequabilidade de habitat obtidos pelos diferentes métodos utilizados: a) distância de *Mahalanobis*, b) rede neuronal artificial, c) regressão logística binária, d) máxima entropia, e) algoritmo genético.

Para a quantificação do erro de cada um optou-se pela utilização do índice *kappa* (Cohen, 1960). Este índice exprime o grau de concordância existente nas classificações correctas, além do que seria esperado de se obter meramente ao acaso. Esta medida varia entre o valor máximo de 1, representando uma concordância total, e valores de 0 ou inferiores, que indicam uma concordância idêntica à esperada de obter ao acaso.

Para se proceder à aplicação deste índice é necessário estabelecer um valor limite de separação entre áreas consideradas adequadas e inadequadas para cada espécie. Para estas é então calculado o grau de concordância existente com os registos binomiais retidos para validação (para mais detalhes, consultar Cohen, 1960; Landis e Koch, 1977). De forma a tentar abranger todo o espectro de variação dos resultados dos modelos optou-se por uma divisão em 20 intervalos de igual amplitude entre os valores mínimo e máximo, procedendo-se ao cálculo da medida para cada um deles. A Tabela 1 apresenta o desempenho máximo obtido pelo índice *kappa* para cada um dos cinco métodos considerados.

Tabela 1 – Valor máximo obtido pelo índice *kappa* para cada um dos métodos utilizados: DM – distância de Mahalanobis; RNA – rede neuronal artificial; RLB – regressão logística binária; ME – máxima entropia; AG – algoritmo genético.

	DM	RNA	RLB	ME	AG
Máx. <i>kappa</i>	0,42	0,51	0,77	0,72	0,51

3.2 Comparação entre adequabilidade obtida e distribuição de malária no país

De forma a verificar a adequabilidade de *habitat* obtida para o vector como indicador de áreas sujeitas a malária foi efectuada a sua comparação com a distribuição da malária aquando do seu endemismo em Portugal, de acordo com Cambournac (1942). Para caracterizar a distribuição da doença o autor baseou-se em valores de índices esplénicos por concelho, tendo considerado apenas aqueles com valores superiores a 2%. Este refere que de acordo com os critérios que adoptou, a doença encontra-se directamente associada à existência de elevadas abundâncias de *An. atroparvus*. O autor refere ainda que apenas raramente se verificam casos de intenso anofelismo sem a ocorrência de malária, tal como o oposto, ou seja o endemismo da doença com reduzidas abundâncias do seu vector. Estas considerações indicam que a representação da distribuição da doença aquando da sua endemicidade se constitui como um bom indicador da adequabilidade do território a *An. atroparvus*.

Para efectuar a comparação dos resultados obtidos com os desta distribuição foi necessário transformar os modelos de adequabilidade em mapas binários. Esta transformação foi feita com base nos valores de adequabilidade que apresentaram valor máximo

de *kappa*, tendo-se, para os que apresentaram mais que um limite nesta situação, optado pelo seu valor médio. De forma a reduzir a incerteza associada aos resultados obtidos por um único modelo preditivo foi efectuada a combinação de todos os modelos de adequabilidade realizados (Araújo e New, 2007). Esta consistiu na simples sobreposição de áreas tidas como adequadas e não adequadas à espécie. Para se efectuar a comparação com as áreas de distribuição da malária foram extraídos dois modelos desta combinação, um contendo as áreas de concordância de adequabilidade para os cinco modelos *versus* restantes áreas e um segundo contendo a concordância de adequabilidade de pelo menos quatro modelos *versus* restantes áreas. A Figura 2 apresenta a configuração espacial destes dois modelos anteriores e da distribuição da malária obtida por Cambournac (1942).

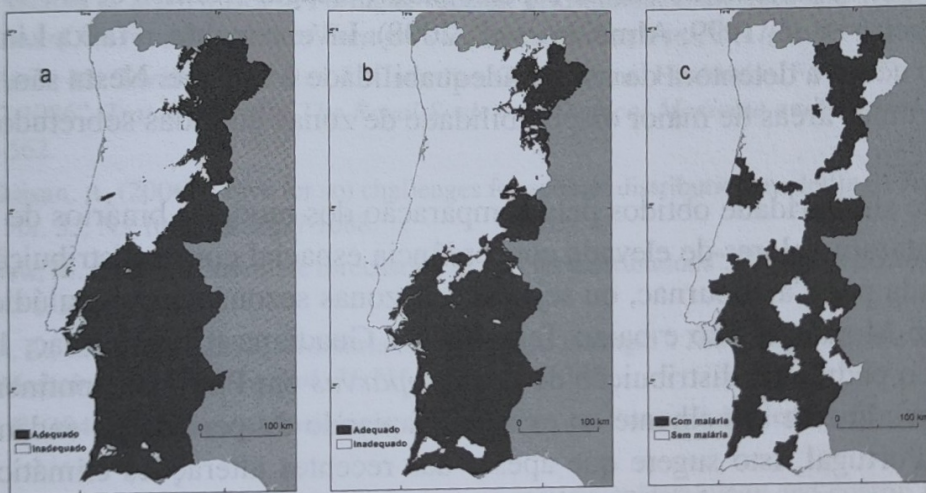


Figura 2 – Modelos binários de adequabilidade e distribuição endémica da malária em Portugal Continental: a) concordância de 4 modelos, b) concordância de 5 modelos e c) distribuição endémica da malária, segundo Cambournac (1942).

De forma a quantificar o grau de similaridade espacial entre os dois modelos com a distribuição da doença foi calculado o índice *kappa*. O mapa binário com concordância dos cinco modelos obteve um valor de $\kappa = 0,61$, tendo o de concordância de quatro modelos obtido um valor de $\kappa = 0,56$.

4. Discussão de resultados e conclusões

Os valores de validação obtidos para os modelos de adequabilidade à espécie permitem identificar os modelos obtidos com recurso à regressão logística e máxima entropia como os de melhor desempenho preditivo (máx. $\kappa = 0,77$ e máx. $\kappa = 0,72$, respectivamente). Segundo Landis e Koch (1977), o resultado máximo de κ destes dois modelos corresponde à existência de um nível de concordância excelente ($\kappa \geq 0,7$). O modelo resultante da rede neuronal artificial e do algoritmo genético apresentaram um valor idêntico de

$\kappa = 0,51$, que segundo os mesmos autores, representa, ainda assim, um bom nível de concordância. O nível máximo de concordância obtido pelo modelo da distância de *Mahalanobis* foi o mais baixo, com $\kappa = 0,42$, no limiar mínimo dos valores considerados representativos de um bom nível de concordância.

Através de uma análise visual aos modelos que apresentaram melhor desempenho preditivo (Figura 1) é possível identificar a existência de uma elevada adequabilidade de *habitat* a *An. atroparvus* para grande parte do território de Portugal Continental. Estas áreas estendem-se de uma forma relativamente homogénea por todo o Sul do país e ao longo de uma faixa que compreende a generalidade do Norte e Centro Interior. A elevada adequabilidade obtida para estes locais coincide com resultados obtidos por diversos trabalhos referentes a levantamentos desta espécie para Portugal (Ramos *et al.*, 1978; Pires *et al.*, 1982; Ribeiro *et al.*, 1999; Almeida *et al.*, 2008). Inversamente, a faixa Litoral Norte e Centro surge como a detentora de menor adequabilidade à espécie. Nesta são, no entanto, excepção algumas áreas de maior disponibilidade de zonas húmidas sobretudo junto à foz do rio Mondego.

Os valores de similaridade obtidos pela comparação dos modelos binários de adequabilidade apresentaram valores de elevada concordância espacial com a distribuição da malária apresentada por Cambournac, ou seja, as seis zonas sazonáticas ou palúdicas, a bacia do Douro, do Mondego, alto e baixo Tejo, Sado e Guadiana (Cambournac, 1942). Estes indicam que o padrão de distribuição de *An. atroparvus* em Portugal Continental permanece substancialmente semelhante ao existente aquando do período de endemicidade de malária em Portugal. Isto sugere que apesar das recentes alterações climáticas no país, nomeadamente o aumento de temperatura, a distribuição da espécie se mantém relativamente similar à existente há cerca de sete décadas. Esta estabilidade é particularmente significativa tendo em consideração que desde 1975 o país registou uma subida da temperatura média na ordem dos 0,5 °C/década (Miranda *et al.*, 2006). Sendo na Península Ibérica que o *An. atroparvus* atinge o seu extremo meridional e como tal algumas das temperaturas mais elevadas em toda a sua área de distribuição é, como tal, expectável que as populações mais a Norte se mantenham resistentes a possíveis incrementos de temperatura nas próximas décadas.

A elevada concordância espacial existente entre os modelos obtidos e a distribuição endémica da doença permitem ainda inferir que a aplicação de modelos de adequabilidade de *habitat* a vectores podem constituir-se como um bom indicador na discriminação de áreas sujeitas à ocorrência das doenças que transmitem.

Agradecimentos

Esta publicação foi parcialmente financiada pelos projectos: (i) “EDEN-Emerging Diseases in an European Changing Environment” (EU grant GOCE-2003-010284 EDEN); (ii) “Arbovirus dos mosquitos de Portugal” (POCTI/35775/ESP/2000). Os conteúdos desta publicação são da responsabilidade dos autores e não reflectem necessariamente a visão da Comissão Europeia.

Referências Bibliográficas

- Almeida, A.; Galão, R.; Sousa, C.; Novo, M.; Parreira, R.; Pinto, J.; Piedade, J.; Esteves, A.; (2008). “Potential mosquito vectors of arboviruses in Portugal: species, distribution, abundance and West Nile infection”. *Transactions of the Royal Society of Tropical Medicine and Hygiene*, Vol. 102, N.º 8, Págs. 823-832.
- Antunes, F.; Forte, M.; Tavares, L.; Botas, J.; Carvalho, C.; Carmona, H.; Araújo, F.; (1987). “Malaria in Portugal 1977-1986”. *Transactions of The Royal Society of Tropical Medicine and Hygiene*, Vol. 81, N.º 4, Págs. 561-562.
- Araújo, M.; Guisan, A. (2006). “Five (or so) challenges for species distribution modelling”. *Journal of Biogeography*, Vol. 33, N.º 10, Págs. 1677-1688.
- Araújo, M.; New, M. (2007). “Ensemble forecasting of species distributions”. *Trends in Ecology & Evolution*, Vol. 22, N.º 1, Págs. 42-47.
- Bruce-Chwatt, L.; Zulueta, J. (1977). “Malaria eradication in Portugal”. *Transactions of the Royal Society of Tropical Medicine and Hygiene*, Vol. 71, N.º 3, Págs. 232-240.
- Cambournac, F. (1942). *Sobre a epidemiologia do sezonismo em Portugal*. Sociedade Industrial de Tipografia, Lda.
- Cambournac, F. (1994). “Contribution to the history of malaria epidemiology and control in Portugal and some other places”. *Parassitologia*, Vol. 36, N.º 1-2, Págs. 215-222.
- Cambournac, F.; Hill, R. (1938). “The biology of *Anopheles maculipennis*, var. *atroparvus* in Portugal”. *Transactions of the Third International Congress of Tropical Medicine and Malaria*, Vol. 2, Págs. 178-184.
- Cohen, J. (1960). “A Coefficient of Agreement for Nominal Scales”. *Educational and Psychological Measurement*, Vol. 20, N.º 1, Págs. 37-46.
- Hijmans, R.; Cameron, S.; Parra, J.; Jones, P.; Jarvis, A. (2005). “Very high resolution interpolated climate surfaces for global areas”. *International Journal of Climatology*, Vol. 25, N.º 15, Págs. 1965-1978.
- Landis, J.; Koch, G. (1977). “The measurement of observer agreement for categorical data”. *Biometrics*, Vol. 33, N.º 1, Págs. 159-174.
- Miranda, P.; Valente, A.; Tomé, A.; Trigo, R.; Coelho, F.; Aguiar, A.; Azevedo, F. (2006). “O clima em Portugal nos Séculos XX e XXI, In Alterações climáticas em Portugal. Cenários, Impactos e Medidas de Adaptação. Gradiva.
- Paaijmans, K.; Wandago, M.; Githeko, A.; Takken, W. (2007). “Unexpected High Losses of *Anopheles gambiae* Larvae Due to Rainfall”. *Plos One*, Vol. 2, N.º 11, Pág. e1146.
- Phillips, S.; Anderson, R.; Schapire, R. (2006). “Maximum entropy modeling of species geographic distributions”. *Ecological modelling*, Vol. 190, Págs. 231-259.

- Pires, C.; Ribeiro, H.; Capela, R.; Ramos, H. (1982). "Research on the Mosquitoes of Portugal (Diptera, Culicidae) VI – The mosquitoes of Alentejo". *Anais do Instituto de Higiene e Medicina Tropical*, Vol. 8, Págs. 79-101.
- Ramos, H.; Ribeiro, H.; Pires, C.; Capela, R. (1978). "Research on the mosquitoes of Portugal (Diptera, Culicidae) II – The mosquitoes of Algarve". *Anais do Instituto de Higiene e Medicina Tropical*, Vol. 5, N.º 1/4, Págs. 237-256.
- Ribeiro, H.; Ramos, H.; Pires, C. (1999). "Os mosquitos do Parque Natural da Serra da Estrela (*Insecta, Diptera, Culicidae*)". Garcia de Horta, *Série Zoológica*, Vol. 23, N.º 1, Págs. 119-168.
- Sousa, C. (2008). "Malaria vectorial capacity and competence of *Anopheles atroparvus* Van Thiel, 1927 (Diptera: Culicidae): Implications for the potencial re-emergence of malaria in Portugal". Dissertação de Doutoramento, Universidade de Lisboa.
- Stockwell, D.; Peters, D. (1999). "The GARP Modeling System: problems and solutions to automated spatial prediction". *International Journal of Geographical Information Science*, Vol. 13, N.º 2, Págs. 143-158.
- WHO (2008). "World Malaria Report 2008". *World Health Organization*.