

Zambrano, Z.; Torralba, J.; Rivera, D.; Briceño de Urbaneja, I.; Amouroux, P. Análisis comparativo de modelos de distribución espacial para *Hemiberlesia rapax* (Hemiptera: Diaspididae) en Chile

Análisis comparativo de modelos de distribución espacial para *Hemiberlesia rapax* (Hemiptera: Diaspididae) en Chile

Zambrano, Zahylis ¹ Torralba, Jesús ² Rivera, Daniela ³ Briceño de Urbaneja, Idania ^{1,2,4} Amouroux, Paul ^{1,4}

¹ Magíster en Teledetección, Escuela de Agronomía, Facultad de Ciencias, Ingeniería y Tecnología, Universidad Mayor, Chile

² Grupo de Cartografía GeoAmbiental y Teledetección (CGAT), Departamento de Ingeniería Cartográfica, Geodesia y Fotogrametría, Universitat Politècnica de València, Camí de Vera s/n, 46022, Valencia, España

³ Centro GEMA: Genómica, Ecología y Medio Ambiente, Facultad de Ciencias, Ingeniería y Tecnología, Universidad Mayor, Chile

⁴ Hémera Centro de Observación de la Tierra, Escuela de Agronomía. Facultad de Ciencias, Ingeniería y Tecnología, Universidad Mayor, Chile

ORCID: Torralba 0000-0001-8644-8604 Rivera 0000-0002-1725-423X Briceño de Urbaneja 0000-0002-1722-636X Amouroux 0000-0002-3321-7842

Correspondencia: zahylis.zambrano@mayor.cl jetorpe@upv.es daniela.rivera@umayor.cl idania.briceno@umayor.cl paul.amouroux@umayor.cl

RESUMEN

La escama *Hemiberlesia rapax* es un insecto de distribución mundial, reconocido como plaga agrícola en diversos cultivos de importancia económica. En Chile, ha sido registrada desde Arica hasta La Araucanía, lo que evidencia su capacidad de adaptación a diferentes condiciones ambientales y plantas hospederas. Ante su impacto ecológico y productivo, resulta esencial disponer de herramientas predictivas que orienten estrategias de monitoreo y manejo fitosanitario. Por ello, el objetivo del presente trabajo es comparar la capacidad predictiva de cinco algoritmos de distribución espacial (MaxEnt, RF, GAM, GLM, CTA) y un modelo de ensamblaje usando el paquete de BIOMOD2 en R. Se emplearon 329 registros de presencia y 659 pseudoausencias. Las variables predictoras incluyeron 27 factores relacionados con información bioclimática, topográfica y de vegetación, que tras un análisis de colinealidad se redujeron a ocho. La validación se realizó mediante pruebas cruzadas y métricas de desempeño (ROC/AUC, TSS y KAPPA). Los resultados obtenidos evidencian que los modelos MaxEnt y RF alcanzaron los mayores valores de TSS y AUC, mientras que GAM y CTA presentaron desempeños más bajos. Sin embargo, el modelo ensamblado integró la información de los algoritmos individuales, logrando un mejor equilibrio predictivo y reduciendo la incertidumbre. El análisis espacial identificó tres núcleos principales de idoneidad: zonas costeras y valles del Norte Grande, la franja central entre Coquimbo y Biobío, y sectores fragmentados en La Araucanía. En conclusión, el enfoque de ensamblaje constituye una herramienta robusta para predecir la distribución potencial de *H. rapax*, aportando insumos clave para la gestión agrícola y la planificación de estrategias de control de esta especie en ecosistemas naturales y productivos.

Palabras clave: BIOMOD2, ensamblaje de modelos, nicho ecológico, teledetección, Coccomorpha.

Fecha de recepción: 8 febrero 2026 · Fecha de aceptación: 8 febrero 2026


Análisis comparativo de modelos de distribución espacial para *Hemiberlesia rapax* (Hemiptera: Diaspididae) en Chile

Zambrano, Zahylis ⁽¹⁾, Torralba, Jesús ⁽²⁾, Rivera, Daniela ⁽³⁾, Briceño de Urbaneja, Idania ^(1,2,4), Amouroux, Paul ^(1,4)


⁽¹⁾ Magíster en Teledetección, Escuela de Agronomía, Facultad de Ciencias, Ingeniería y Tecnología, Universidad Mayor, Chile.

zahylis.zambrano@mayor.cl.

⁽²⁾ Grupo de Cartografía GeoAmbiental y Teledetección (CGAT), Departamento de Ingeniería Cartográfica, Geodesia y Fotogrametría, Universitat Politècnica de València, España.

 0000-0001-8644-8604, jetorpe@upv.es.

⁽³⁾ Centro GEMA: Genómica, Ecología y Medio Ambiente, Facultad de Ciencias, Ingeniería y Tecnología, Universidad Mayor, Chile.

 0000-0002-1725-423X, daniela.rivera@umayor.cl.

⁽⁴⁾ Hémera Centro de Observación de la Tierra, Escuela de Agronomía. Facultad de Ciencias, Ingeniería y Tecnología, Universidad Mayor, Chile.

 0000-0002-1722-636X, idania.briceno@umayor.cl ;  0000-0002-3321-7842, paul.amouroux@umayor.cl.

Resumen: La escama *Hemiberlesia rapax* es un insecto de distribución mundial, reconocido como plaga agrícola en diversos cultivos de importancia económica. En Chile, ha sido registrada desde Arica (18°S) hasta La Araucanía (38°S), lo que evidencia su capacidad de adaptación a diferentes condiciones ambientales. Ha sido registrada en 16 familias de plantas hospederas. Ante su impacto productivo, resulta esencial disponer de herramientas predictivas que orienten estrategias de monitoreo y manejo fitosanitario. Por ello, el objetivo del presente trabajo es comparar la capacidad predictiva de cinco algoritmos de distribución espacial (MaxEnt, RF, GAM, GLM, CTA) y un modelo de ensamblaje usando el paquete de BIOMOD2 en R. Se emplearon 329 registros de presencia y 659 pseudoausencias. Las variables predictoras incluyeron 27 factores relacionados con información bioclimática, topográfica y de vegetación, que tras un análisis de colinealidad se redujeron a ocho. La validación se realizó mediante pruebas cruzadas y métricas de desempeño (ROC/AUC, TSS y KAPPA). Los resultados obtenidos evidencian que los modelos MaxEnt y RF alcanzaron los mayores valores de TSS y AUC, mientras que GAM y CTA presentaron desempeños más bajos. Sin embargo, el modelo ensamblado integró la información de los algoritmos individuales, logrando un mejor equilibrio predictivo y reduciendo la incertidumbre. El análisis espacial identificó tres núcleos principales de idoneidad: zonas costeras y valles del Norte Grande, la franja central entre Coquimbo y Biobío, y sectores fragmentados en La Araucanía. En conclusión, el enfoque de ensamblaje constituye una herramienta robusta para predecir la distribución potencial de *H. rapax*, aportando insumos clave para la gestión agrícola y la planificación de estrategias de control de esta especie en ecosistemas naturales y productivos.

Palabras clave: BIOMOD2, ensamblaje de modelos, nicho ecológico, teledetección, Coccoomorpha.

Comparative Analysis of Spatial Distribution Models for Hemiberlesia rapax (Hemiptera: Diaspididae) in Chile

Abstract: *Hemiberlesia rapax* is a globally distributed scale insect recognized as an agricultural pest affecting a wide range of economically important crops. In Chile, it has been recorded from Arica (18°S) to La Araucanía (38°S), demonstrating a high capacity to adapt to diverse environmental conditions. Moreover, it was registered in 16 host plant families. Given its ecological and productive impact, predictive tools are essential to support monitoring programs and phytosanitary management strategies. Therefore, the aim of this study was to compare the spatial distribution predictions generated by five species distribution algorithms (MaxEnt, Random Forest, GAM, GLM, and CTA) and an ensemble model, implemented using the BIOMOD2 package in R. A total of 329 presence records and 659 pseudo-absence were used. Predictor variables included 27 bioclimatic, topographic, and vegetation-related factors, which were reduced to eight after a

*collinearity analysis. Model validation was performed using cross-validation and performance metrics (ROC/AUC, TSS, and Kappa). The results indicate that MaxEnt and Random Forest achieved the highest TSS and AUC values, whereas GAM and CTA showed lower predictive performance. However, the ensemble model integrated the outputs of individual algorithms, providing a more balanced prediction and reducing overall uncertainty. Spatial analysis identified three main suitability cores: coastal areas and valleys of northern Chile, the central zone between Coquimbo and Biobío, and fragmented sectors in La Araucanía. Overall, the ensemble approach represents a robust framework for predicting the potential distribution of *H. rapax* and provides valuable inputs for agricultural management and control planning in both natural and productive ecosystems.*

Keywords: BIOMOD2, Ensemble modeling, Ecological niche, Remote sensing, Coccoomorpha.

1. INTRODUCCIÓN

Los modelos de distribución de especies (MDE) son una herramienta clave para analizar y predecir la presencia geográfica de un organismo basándose en variables bióticas y abióticas (Beery *et al.*, 2021). Para ello, es necesario integrar datos de teledetección y algoritmos de aprendizaje automático. La aplicación de estos enfoques a insectos sigue siendo limitada, debido a la escasez de datos sobre su ocurrencia y a la dificultad de capturar procesos ecológicos que operan a escalas espaciales finas y que puedan compararse con la biología de estos organismos (Senf *et al.* 2017).

Los insectos de la familia *Diaspididae* incluyen numerosas especies fitófagas de importancia económica, como *Hemiberlesia rapax* (Comstock, 1881). Esta especie corresponde a una escama armada polífaga y cosmopolita, registrada en más de 80 familias de plantas hospederas (García Morales *et al.*, 2016). En Chile, la especie se distribuye desde la Región de Arica y Parinacota (18°S) hasta La Araucanía (39°S), en algunos casos afectando cultivos y plantas ornamentales y es una de las más polífaga (Amouroux *et al.*, 2017, Normark *et al.* 2025). Su carácter sésil, en la mayor parte del ciclo de vida, hace que su distribución esté fuertemente condicionada por factores ambientales locales y por la disponibilidad de vegetación adecuada.

En este contexto, el objetivo de este trabajo es comparar la capacidad predictiva de cinco algoritmos de modelización: máxima entropía (MaxEnt), *Random Forest* (RF), modelo lineal generalizado (GLM), modelo aditivo generalizado (GAM), árboles de clasificación (CTA) y un modelo ensamblado, para estimar la distribución espacial potencial de *H. rapax* en Chile continental a partir de la integración de variables bioclimáticas, topográficas y de vegetación derivadas de productos de teledetección. Se pretende identificar áreas de alta idoneidad ambiental aportando información relevante para la gestión agrícola y el monitoreo fitosanitario.

2. MATERIAL Y MÉTODOS

El área de estudio corresponde al territorio continental de Chile (Fig. 1), caracterizado por un marcado gradiente latitudinal y climático, que abarca desde zonas desérticas en el norte hasta condiciones templadas y frías en el sur. La combinación de diferentes

temperaturas y precipitaciones ha dado origen a una variedad de gradientes ambientales que han favorecido el desarrollo de distintos ecosistemas.

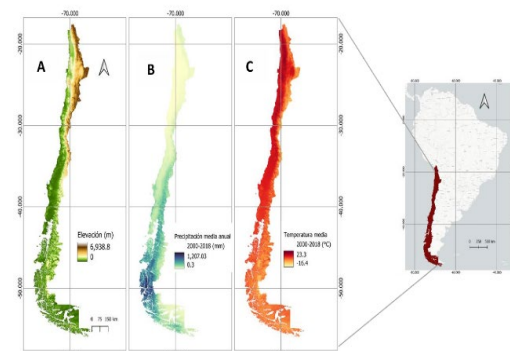


Figura 1. Territorio continental de Chile. Ejemplo de tres variables predictoras utilizadas en los modelos: (A) elevación, (B) precipitación media anual y (C) temperatura.

2.1. Variables bióticas

Se usaron registros de presencia de *H. rapax* recopilados entre 2015 y 2024, provenientes de muestreos de campo y bases de datos institucionales. Para reducir el sesgo de muestreo, los datos fueron filtrados espacialmente con una grilla de 250 m², dejando un único registro por celda para disminuir la sobrerepresentación de áreas muy muestreadas, lo que permitió seleccionar un total de 329 presencias. Las pseudoausencias, generadas en una relación presencia/ausencia de 1: 2 (n=659), se obtuvieron mediante el método *Surface Range Envelope* (SRE), que permite delimitar el nicho ambiental de la especie y evitar su asignación en áreas potencialmente adecuadas.

2.2. Variables abióticas

Se consideraron 27 variables ambientales relacionadas con factores bioclimáticos, topográficos y de vegetación, seleccionadas en función de la ecología y el ciclo de vida de la especie. Las variables bioclimáticas se obtuvieron del conjunto CHELSA (2000-2018), mientras que la información topográfica se derivó del modelo SRTM. Se estimaron los índices de vegetación normalizada (NDVI), el índice de vegetación mejorada (EVI) y el índice de humedad (NDMI) a partir de datos del sensor *Moderate Resolution Imaging Spectroradiometer* (MODIS) procesados en *Google Earth Engine* (GEE). La

información del hábitat potencial de *H. rapax* se obtuvo del proyecto MapBiomias Chile. Todas las capas fueron reproyectadas, alineadas espacialmente y reescaladas a 250 m. Para reducir la colinealidad entre predictores se aplicaron análisis de correlación de Spearman y el factor de inflación de la varianza (VIF), seleccionando finalmente 8 variables con valores de correlación <0,7 y VIF <10 (Dormann *et al.*, 2013).

2.3. Modelización y validación

La distribución espacial potencial de *H. rapax* se modeló con el paquete Biomod2 en R (Thuiller *et al.*, 2024), utilizando 5 algoritmos: MaxEnt, RF, GLM, GAM y CTA, con los parámetros por defecto de cada modelo. Adicionalmente, se construyó un modelo ensamblado que combinó las predicciones de los algoritmos individuales mediante la media ponderada de las probabilidades de los modelos seleccionados (EMmean) y el promedio por comité de dichos modelos (EMca). La evaluación del desempeño se realizó mediante validación cruzada utilizando las métricas AUC, TSS y Kappa. Solo los modelos con valores de AUC > 0,8 y TSS > 0,7 fueron considerados en el modelo ensamblado (Li *et al.*, 2024).

3. RESULTADOS

Los cinco algoritmos individuales mostraron un alto desempeño predictivo en la modelización de la distribución potencial de *H. rapax*. RF y MaxEnt (aunque este último fue el más restrictivo) presentaron las métricas con los mejores desempeños, con valores promedio de AUC superiores a 0,95 y TSS mayores a 0,85, lo que indica una elevada capacidad para discriminar áreas adecuadas y no adecuadas para la presencia de la especie. Los modelos GLM, GAM y CTA mostraron desempeños ligeramente inferiores, aunque dentro del rango aceptable para los MDE (Tabla 1).

Tabla 1. Promedio y desviación estándar de las tres métricas principales evaluadas en los cinco modelos individuales (MaxEnt, RF, GLA, GAM y CTA) y el ensamblado.

Modelo	Métrica	Promedio	Desviación estándar
MaxEnt	TSS	0.886	0.037
	ROC	0.99	0.004
	Kappa	0.872	0.041
RF	TSS	0.858	0.036
	ROC	0.991	0.003
	Kappa	0.873	0.032
GLM	TSS	0.841	0.036
	ROC	0.985	0.005
	Kappa	0.847	0.038
GAM	TSS	0.789	0.05
	ROC	0.973	0.009
	Kappa	0.745	0.044
CTA	TSS	0.804	0.042
	ROC	0.916	0.014
	Kappa	0.785	0.037

Modelo	Métrica	Promedio	Desviación estándar
Ensamblado	TSS	0.889	0.035
	ROC	0.981	0.008
	Kappa	0.876	0.039

Con respecto a la importancia de las variables ambientales, se observó un patrón consistente entre los modelos. La temperatura media del trimestre más seco (bio9) fue el predictor más influyente en todos los algoritmos, concentrando entre el 45% y el 75% de la contribución total. Variables como la elevación y el índice EVI contribuyeron de manera secundaria. Cabe destacar que el modelo de RF asignó pesos más equilibrados a las demás variables seleccionadas (Fig. 2).

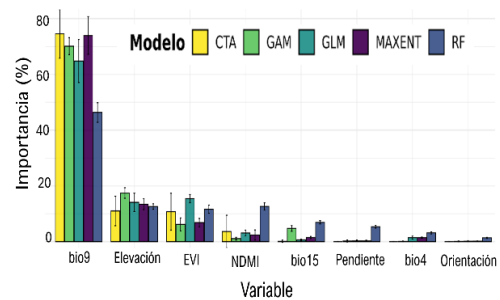


Figura 2. Importancia relativa, en porcentaje, de los ocho predictores utilizados en los modelos.

El modelo ensamblado (combinación de los cinco algoritmos individuales) integró las fortalezas de cada método y generó una proyección espacial más estable y coherente (Fig. 3). La distribución potencial de *H. rapax* mostró tres núcleos principales de idoneidad ambiental: (i) zonas costeras y valles del Norte Grande, (ii) una franja continua entre las regiones de Coquimbo y Biobío, y (iii) áreas fragmentadas en la región de La Araucanía. En contraste, las regiones más australes del país presentaron condiciones predominantemente inadecuadas para la especie. En comparación con los modelos individuales, el modelo ensamblado redujo la sobreestimación o la subestimación de las áreas idóneas observadas en algunos algoritmos, proporcionando una estimación más equilibrada de la distribución potencial de la especie a escala nacional.

4. DISCUSIÓN Y CONCLUSIÓN

Los resultados confirman la utilidad de los MDE y de datos de teledetección para analizar la idoneidad ambiental en insectos fitófagos a escala nacional. Las diferencias observadas entre algoritmos individuales evidencian que cada método responde de manera distinta a la estructura de los datos, a la relación entre las variables ambientales y a la presencia de la especie. En este contexto, RF destacó por su alto desempeño predictivo, lo que concuerda con estudios previos que evidencian su eficacia en sistemas ecológicos complejos y no lineales (Azrag *et al.*, 2022; Amiri *et al.*, 2020). La importancia de la temperatura media del trimestre más seco (bio9) sugiere que las condiciones térmicas estivales es un factor limitante clave para la distribución

potencial de *H. rapax*. Este resultado es coherente con la biología de la especie, cuyo ciclo de vida y la supervivencia de los estadios juveniles están estrechamente condicionados por el estrés térmico y la disponibilidad hídrica de las plantas hospederas durante los meses más secos del año.

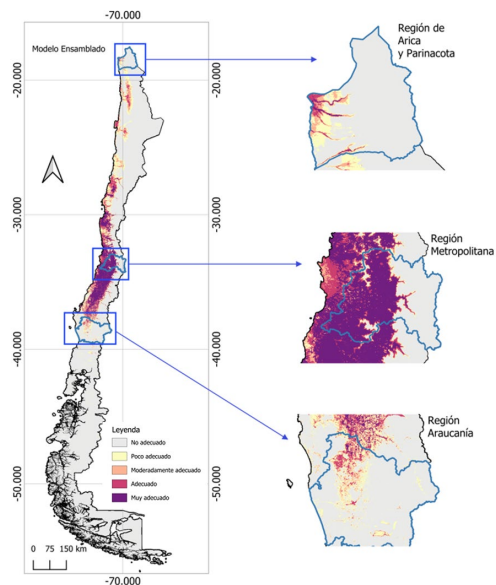


Figura 3. Modelo de distribución espacial potencial de *H. rapax* ensamblado.

El modelo ensamblado permitió integrar las fortalezas de los algoritmos individuales, reduciendo la variabilidad entre predicciones y generando una estimación espacial más equilibrada (Hao *et al.*, 2020). La identificación de las áreas con alta idoneidad ambiental, como, por ejemplo, las zonas norte y central de Chile, permite identificar estas áreas como prioritarias para el monitoreo y vigilancia fitosanitaria de *H. rapax*, sobre todo en lugares como la región de Antofagasta, donde no se ha registrado su presencia hasta el momento.

5. AGRADECIMIENTO

Este proyecto fue financiado por ANID FONDECYT Postdoctorado #3180344 y ANID 667 FONDECYT iniciación en investigación 11230859. Asimismo, agradecemos a la Ingeniera Agrónoma Ilianía Astorga del Servicio Agrícola y Ganadero del Ministerio de Agricultura, Chile por facilitar datos de *H. rapax* en Chile continental.

6. REFERENCIAS

Amiri, M., Tarkesh, M., Jafari, R., & Jetschke, G. (2020). Bioclimatic variables from precipitation and temperature records vs. remote sensing-based bioclimatic variables: Which side can perform better in species distribution modeling? *Ecological Informatics*, 57. <https://doi.org/10.1016/j.ecoinf.2020.101060>

Amouroux, P., Crochard, D., Germain, J. F., Correa, M., Ampuero, J., Groussier, G., Kreiter, P., Malausa, T., & Zaviezo, T. (2017). Genetic diversity of armored scales (Hemiptera: Diaspididae) and soft scales

(Hemiptera: Coccidae) in Chile. *Scientific Reports*, 7(1). <https://doi.org/10.1038/s41598-017-01997-6>

Azrag, A. G. A., Mohamed, S. A., Ndlela, S., & Ekesi, S. (2022). Predicting the habitat suitability of the invasive white mango scale, *Aulacaspis tubercularis*; Newstead, 1906 (Hemiptera: Diaspididae) using bioclimatic variables. *Pest Management Science*, 78(10), 4114–4126. <https://doi.org/10.1002/ps.7030>

Beery, S., Cole, E., Parker, J., Perona, P., & Winner, K. (2021). Species Distribution Modeling for Machine Learning Practitioners: A Review. Proceedings of 2021 4th ACM SIGCAS Conference on Computing and Sustainable Societies, COMPASS 2021, 329–348. <https://doi.org/10.1145/3460112.3471966>

Dormann, C. F., Elith, J., Bacher, S., Buchmann, C., Carl, G., Carré, G., Marquéz, J. R. G., Gruber, B., Lafourcade, B., Leitão, P. J., Münkemüller, T., McClean, C., Osborne, P. E., Reineking, B., Schröder, B., Skidmore, A. K., Zurell, D., & Lautenbach, S. (2013). Collinearity: A review of methods to deal with it and a simulation study evaluating their performance. *Ecography*, 36(1): 27–46. <https://doi.org/10.1111/j.1600-0587.2012.07348.x>

García Morales, M., Denno, B. D., Miller, D. R., Miller, G. L., Ben-Dov, Y., & Hardy, N. B. (2016). ScaleNet: a literature-based model of scale insect biology and systematics. Database: *The Journal of Biological Databases and Curation*, 2016. <https://doi.org/10.1093/database/bav118>

Hao, T., Elith, J., Lahoz-Monfort, J. J., & Guillera-Aroita, G. (2020). Testing whether ensemble modelling is advantageous for maximising predictive performance of species distribution models. *Ecography*, 43(4), 549–558. <https://doi.org/10.1111/ecog.04890>

Li, Q., Cao, S., Wang, L., Hou, R., & Sun, W. (2024). Impacts of Climate Change on the Potential Distribution of Three *Cytospora* Species in Xinjiang, China. *Forests*, 15(9), 814. <https://doi.org/10.3390/f15091617>

Normark BB, Normark RD, García Morales M, Claps LE, Amouroux P. Identity of the native South American armored scale insect species (Hemiptera: Coccoomorpha: Diaspididae) widely misidentified as the North American species *Diaspidiotus ancylus* Putnam. *Annals of the Entomological Society of America*. 2025 Jul 7;118(4):358-370. <https://doi.org/10.1093/aesa/saaf027>

Senf, C., Seidl, R., & Hostert, P. (2017). Remote sensing of forest insect disturbances: Current state and future directions. In *International Journal of Applied Earth Observation and Geoinformation* (Vol. 60, pp. 49–60). Elsevier B.V. <https://doi.org/10.1016/j.jag.2017.04.004>

Thuiller, W., Georges, D., Gueguen, M., Engler, R., Breiner, F., Lafourcade, B., Patin, R., & Blancheteau, H. (2024). Package “biomod2” Ensemble Platform for Species Distribution Modeling (pp. 1–133). <https://biomodhub.github.io/biomod2/>