

Biogeografía mundial de la fiebre amarilla

A. Aliaga-Samanez¹, R. Real¹, C. Koch-Jiménez¹, A. Martín-Taboada¹, M. Cobos-Mayo¹, I. Baro-Zamorano¹, J. Olivero¹

¹ Grupo de Biogeografía, Diversidad y Conservación, Departamento de Biología Animal, Universidad de Málaga, Facultad de Ciencias, 29071 Málaga, España.

La participación de enfoques científicos es necesaria para comprender la interacción entre el bienestar humano y la salud ecosistémica, sobre todo ante la emergencia global de enfermedades zoonóticas. La fiebre amarilla es una enfermedad vírica aguda, hemorrágica causada por un arbovirus del género *Flavivirus*. Los vectores del virus en el ciclo urbano, entre personas, son *Aedes aegypti* y *Aedes albopictus*; en el ciclo selvático, de carácter zoonótico (entre primates y accidentalmente a humanos) son los géneros *Haemagogus*, *Sabethes* y *Aedes*. La patogeografía, mediante la aplicación de herramientas y conceptos biogeográficos, permite comprender la distribución de los patógenos y los factores que condicionan que aparezcan nuevos brotes de enfermedad. El objetivo es comprender qué determina la aparición de brotes de la enfermedad, considerando los patrones de distribución de los grupos animales vinculados a los ciclos zoonóticos. El modelado espacial, aplicado a los sistemas patógenos, puede generar predicciones estadísticamente sólidas de las distribuciones geográficas del organismo causante de la enfermedad y los reservorios implicados en su mantenimiento [1,2]. Se presenta un mapa con la distribución de las áreas favorables para la aparición de casos de fiebre amarilla en humanos, basado en su incidencia durante el siglo XXI. El mapa es resultado de una combinación de variables ambientales y antropogénicas que favorecen la presencia del virus; de la tendencia espacial mostrada por éste durante las décadas anteriores; de la influencia ejercida por los ciclos selváticos en África y en el Sur de América; y de la presencia de condiciones favorables para los vectores. Los ciclos selváticos están influidos, a su vez, por la presencia de ciertos patrones de distribución (corotipos) mostrados por los primates. Olivero *et al.* [3] demostraron por primera vez que los patrones de distribución de los mamíferos contribuyen a explicar la distribución de un virus. La biodiversidad de mamíferos podría ser el factor de predicción más fuerte que explica las similitudes entre las regiones patogeográficas del mundo [4]. Este estudio brinda herramientas metodológicas que pueden ser aplicables a distintas enfermedades, especialmente aquellas que combinan ciclos zoonóticos y antroponóticos, y muestra áreas favorables a la aparición de fiebre amarilla incluso donde ésta no ha sido registrada.

Agradecimientos: El presente trabajo ha sido financiado por el proyecto CGL2016-76747-R del Ministerio de Economía, Industria y Competitividad y Fondos FEDER.

Palabras claves: fiebre amarilla; zoogeografía; corotipos; mosquitos

Referencias:

1. Peterson, A.T., 2006. Ecological niche modeling and spatial patterns of disease transmission. *Emerging Infectious Diseases*, **12**, 1822–1826.
2. Purse, B.V., Golding, N., 2015. Tracking the distribution and impacts of diseases with biological records and distribution modelling. *Biological Journal of the Linnean Society*, **115**, 664–677.
3. Olivero, J., Fa, J.E., Real, R., Farfán, M.Á., Márquez, A.L., Vargas, J.M., Gonzalez, J.P., Cunningham, A. A. & Nasi, R., 2017. Mammalian biogeography and the Ebola virus in Africa. *Mammal Review*, **47**, 24–37.
4. Murray, K.A., Preston, N., Allen, T., Zambrana-Torrelío, C., Hosseini, P.R. & Daszak, P., 2015. Global biogeography of human infectious diseases. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, **112**, 12746–12751.