

**Análisis biogeográfico del riesgo mundial de dengue**

A. Aliaga-Samanez<sup>1</sup>, M. Cobos-Mayo<sup>1</sup>, R. Real<sup>1</sup>, M. Segura<sup>2</sup> y J. Olivero<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Grupo de Biogeografía, Diversidad y Conservación, Departamento de Biología Animal, Universidad de Málaga, Facultad de Ciencias, Campus de Teatinos s/n, 29071, Málaga, España

<sup>2</sup>Centro de Vacunación Internacional, Subdelegación del Gobierno de Málaga, Dependencia de Sanidad, Recinto del Puerto, Muelle 3, local EM/EO3, Málaga, España

El dengue es una infección causada por un arbovirus del género flavivirus transmitido fundamentalmente por mosquitos *Aedes* en las zonas tropicales y subtropicales de África, América y Asia. Existen dos ciclos de transmisión: urbano y selvático. El primero ocurre entre humanos, y el segundo entre primates no-humanos, si bien existe la posibilidad de transmisión al ser humano en el ciclo selvático. En la última década, ha aumentado sustancialmente la importancia del dengue como una amenaza para la salud y una prioridad para los servicios sanitarios y la economía<sup>1</sup>. Por ello, es fundamental encontrar nuevas herramientas que permitan evaluar mejor el riesgo de transmisión de la enfermedad. La patogeografía aplica herramientas biogeográficas al estudio de la distribución de patógenos y de los factores que contribuyen a la aparición de nuevos brotes de enfermedad. Hasta el momento, se han publicado mapas de riesgo de dengue basados en la distribución de sus dos principales vectores, y exclusivamente centrados en el ciclo urbano. El presente estudio patogeográfico utiliza la Función de Favorabilidad como herramienta para definir las zonas de riesgo de transmisión de dengue al ser humano, basado en los casos registrados durante el s. XX, que pueden determinar la aparición de nuevos brotes a nivel mundial. Este estudio constituye la base para el posterior análisis de los cambios biogeográficos que la enfermedad está experimentando en el s. XXI. Se utilizan modelos que permiten detectar las zonas donde los factores histórico, ambiental, zoogeográfico y antropogénico podrían favorecer la transmisión. El factor histórico se ha representado mediante análisis de la tendencia puramente espacial mostrada por la enfermedad, y el factor zoogeográfico a través de patrones de distribución (corotipos) observados en los primates<sup>2</sup>. Con este estudio se aportan nuevas metodologías con el fin de encontrar zonas de riesgo vinculados a enfermedades que combinen ciclos zoonóticos y antroponóticos.

**Agradecimientos:** El presente trabajo ha sido financiado por la beca FPU16/06710 del Ministerio de Educación, Cultura y Deporte de España y por el proyecto CGL2016-76747-R del Ministerio de Economía, Industria y Competitividad y Fondos FEDER.

**Palabras clave:** favorabilidad; patogeografía; vector; zoonosis

**Referencias:**

1. WHO, 2012. Global strategy for dengue prevention and control 2012-2020.
2. 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.