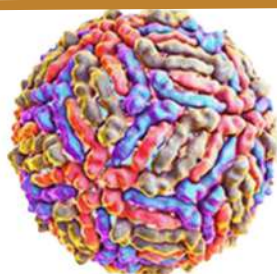


Virus del Oeste del Nilo (VON)

El virus del Nilo Occidental es un patógeno que puede ocasionar una enfermedad letal en el sistema nervioso humano. A pesar de ello, alrededor del 80% de los individuos infectados no manifiestan síntomas



Su principal forma de transmisión a las personas es a través de la picadura de mosquitos infectados del género *Culex*.

Su ciclo de vida involucra a aves como hospedadoras naturales y a mosquitos como vectores (figura 1); y se encuentra comúnmente en regiones como África, Europa, Oriente Medio, América del Norte y Asia occidental [1].

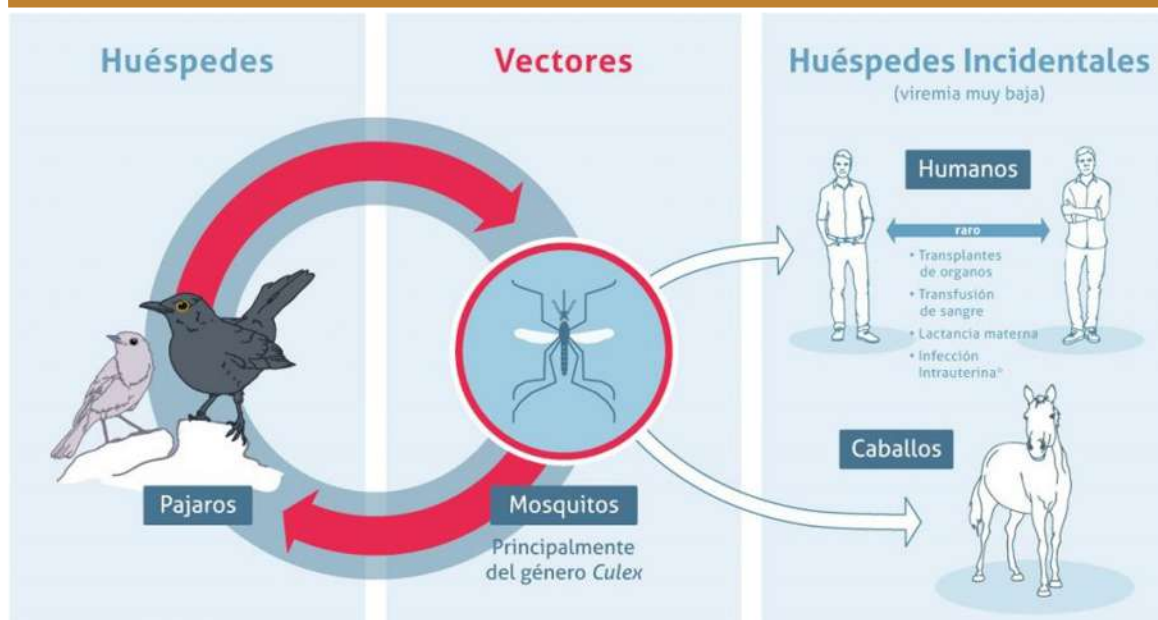


Figura 1. El ciclo de transmisión del Virus del Nilo Occidental. El virus circula entre pájaros y mosquitos. Los humanos y los caballos son anfitriones incidentales.

Epidemiología Actual (caso EUA)

Con la llegada del verano y la temporada de mosquitos, se incrementa el riesgo de infección con el virus del oeste del Nilo. Recientemente, se han detectado casos del virus en varias regiones de Estados Unidos de América (EUA), incluyendo California, Illinois, Texas, Iowa, Nebraska y Arizona. Desde 2005 hasta 2019, en EUA, el número anual de casos osciló entre 712 y 5,674 casos por año (figura 2) [1]. Aunque tanto el número como la distribución espacial de casos de VON han variado considerablemente, en los últimos 5 años, el número total de casos contiguos se ha estabilizado en aproximadamente 2,000 casos por año [2].

Muchos de los casos ocurren en condados con centros de población grandes en el oeste de EUA, sin embargo, la incidencia del VON ha sido particularmente alta en la región de las grandes llanuras del norte del país. Dado que cada etapa del ciclo de transmisión del VON es sensible a las condiciones ambientales, es posible que el ambiente esté influyendo en el patrón espacial de su incidencia [3].

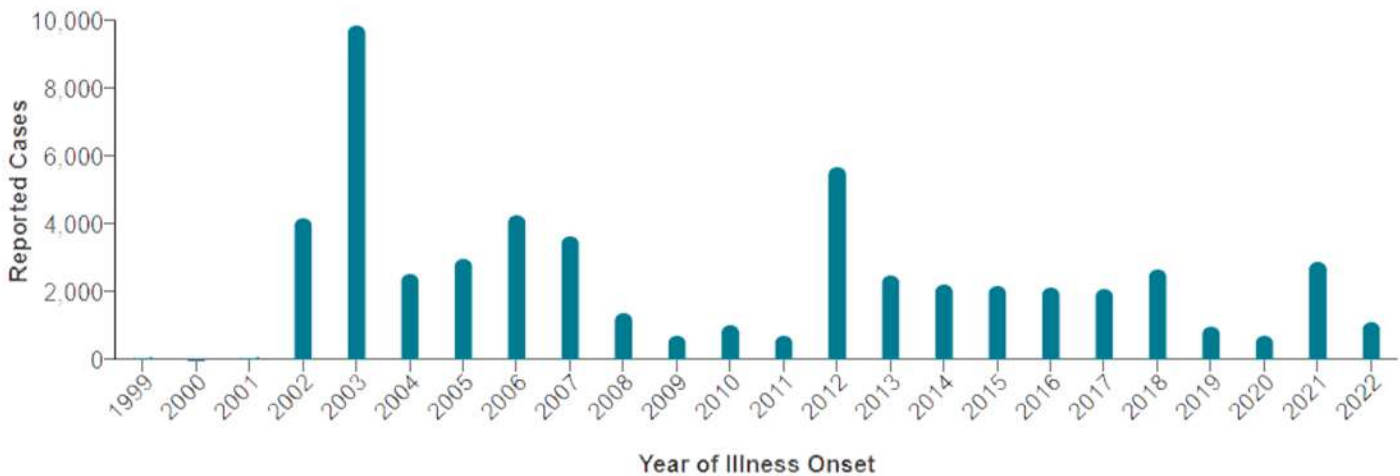


Figura 2. Casos de enfermedad humana por virus del oeste del Nilo según el año de inicio de la enfermedad, 1999-2022.

Predicción espacio-temporal de VON 7 como herramienta de vigilancia epidemiológica

Los brotes zoonóticos están relacionados con factores ambientales y socioeconómicos que podrían afectar a especies hospedadoras, vectores y reservorios [4]. Los modelos permiten la comprensión multi-nivel necesaria de los patrones temporales y espaciales de enfermedades infecciosas y, en consecuencia, son útiles para predecir el riesgo de brotes [5]. Dado que los datos ambientales son continuos y no se pueden establecer umbrales claros para predecir una enfermedad zoonótica, la lógica difusa proporciona un enfoque adecuado para modelar las relaciones entre los brotes de enfermedades y los datos ambientales.

Predicción espacio-temporal de VON 7 como herramienta de vigilancia epidemiológica

En un reciente estudio de predicción realizado por García-Carrasco JM y colaboradores en Europa en el 2021, demostraron la relación de ciertas características topográficas e hidrográficas, así como algunas actividades humanas relacionadas con la agricultura y la cría de ganado, con la aparición de brotes de VON. El predictor ambiental más significativo para el VON fue el aumento en el rango anual de temperatura. Esto está relacionado con la diversidad y abundancia de especies de aves migratorias reproductoras y portadoras del virus del oeste del Nilo que son atraídas por la abundancia periódica de alimentos y hábitats que las especies residentes competidoras no pueden utilizar completamente [6].

En este contexto, la investigación es esencial para identificar las interacciones subyacentes y los factores desencadenantes de enfermedades. Comprender cómo las condiciones ambientales, las características geográficas y las actividades humanas influyen en la propagación de estas permite una mejor prevención y control de los brotes, allanando el camino para una salud pública más efectiva y resiliente.



Referencias

1. U.S. CDC. (2021). Final Cumulative Maps & Data for 1999–2021. <https://www.cdc.gov/westnile/statsmaps/cumMapsData.html>
2. Petersen, L. R., Carson, P. J., Biggerstaff, B. J., Custer, B., Borchardt, S. M., & Busch, M. P. (2013). Estimated cumulative incidence of West Nile virus infection in US adults, 1999–2010. *Epidemiology and Infection*, 141(3), 591–595. PMID: 22640592, 10.1017/S0950268812001070
3. Morgan E. Gorris, James T. Randerson, Shane R. Coffield, Kathleen K. Treseder, Charles S. Zender, Chonggang Xu, & Carrie A. Manore. (2023). Assessing the Influence of Climate on the Spatial Pattern of West Nile Virus Incidence in the United States. *Environmental Health Perspectives*, 131(4), CID: 047016. <https://doi.org/10.1289/EHP10986>
4. Olivero, J., Fa, J. E., Real, R., Farfán, M. A., Márquez, A. L., Vargas, J. M., et al. (2017). Mammalian biogeography and the Ebola virus in Africa. *Mammal Review*, pp. 24–37. <https://doi.org/10.1111/mam.12074>
5. Barker, C. M. (2019). Models and Surveillance Systems to Detect and Predict West Nile Virus Outbreaks. *Journal of Medical Entomology*, 56, 1508–1515. <https://doi.org/10.1093/jme/tjz150> PMID: 31549727
6. García-Carrasco, J.-M., Muñoz, A.-R., Olivero, J., Segura, M., & Real, R. (2021). Predicting the spatiotemporal spread of West Nile virus in Europe. *PLoS Neglected Tropical Diseases*, 15(1), e0009022. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0009022>

Agosto 2023



ITRASIG
Instituto Traslacional de
Singularidad Genómica



ITRASIG
Instituto Traslacional de
Singularidad Genómica