







**ENFERMEDADES VIRALES TRANSMITIDAS POR VECTORES EMERGENTES Y REEMERGENTES: DIAGNÓSTICO Y PREVALENCIA**  
**VIRAL DISEASES TRANSMITTED BY EMERGING AND RE-EMERGING VECTORS: DIAGNOSIS AND PREVALENCE**

**Autores:**

**Alcívar Pino Evelyn Julissa<sup>1</sup>**   
**Pérez Rodríguez Karolayn Nicolle<sup>2</sup>**   
**Cedeño Loor Brithany Pierina<sup>3</sup>**   
**Castro Jalca Alexander Dario<sup>4</sup>** 

<sup>1</sup> Universidad Estatal del Sur de Manabí, Jipijapa, Ecuador;  
 Email: [alcivar-evelyn8104@unesum.edu.ec](mailto:alcivar-evelyn8104@unesum.edu.ec)

<sup>2</sup> Universidad Estatal del Sur de Manabí, Jipijapa, Ecuador;  
 Email: [perez-karolayn3447@unesum.edu.ec](mailto:perez-karolayn3447@unesum.edu.ec)

<sup>3</sup> Universidad Estatal del Sur de Manabí, Jipijapa, Ecuador;  
 Email: [cedeno-brithany2726@unesum.edu.ec](mailto:cedeno-brithany2726@unesum.edu.ec)

<sup>4</sup> Universidad Estatal del Sur de Manabí, Jipijapa, Ecuador;  
 Email: [alexander.castro@unesum.edu.ec](mailto:alexander.castro@unesum.edu.ec)

**DOI: <https://doi.org/10.31243/id.v19.2024.2363>**

**RESUMEN**

La propagación de enfermedades virales a través de vectores emergentes y reemergentes representa una preocupación significativa para la salud a nivel mundial, estos vectores, principalmente artrópodos, actúan como intermediarios al transmitir virus de individuos o animales infectados a otros. El objetivo principal fue describir las enfermedades virales transmitidas por vectores emergentes y reemergentes, diagnóstico y prevalencia. La metodología aplicada fue un diseño documental de tipo descriptivo y exploratorio. Entre los principales resultados se obtuvo que el virus del ébola se encuentra más presente en territorios pertenecientes a África, Uganda y Guinea, el Dengue refleja una epidemiología variable llegando a tener una prevalencia de hasta el 94% en territorios como Colombia; entre los principales se encontraban el mosquito *Aedes aegypti*, la garrapata *Hyalomma*, mosquitos *Culex*; entre los métodos diagnósticos más utilizados se encuentran, anticuerpos IgG, IgM, antígeno NS1, RT-PCR, PCR cuantitativa, y la secuenciación de próxima generación. Se concluyó que la distribución geográfica de enfermedades como el Zika, el Ébola, el dengue, la fiebre amarilla y el Chikungunya revela disparidades significativas; las técnicas más utilizadas fueron la detección de anticuerpos IgG e IgM, la identificación del antígeno NS1, la técnica de RT-PCR, la PCR cuantitativa y la secuenciación de próxima generación

**PALABRAS CLAVES:** Epidemiología, dengue, zika, chikungunya, infecciones, enfermedades virales.

**ABSTRACT**

The spread of viral diseases through emerging and re-emerging vectors represents a significant health concern globally, these vectors, mainly arthropods, act as intermediaries by transmitting viruses from infected individuals or animals to others. The main objective was to describe emerging and re-emerging vector-borne viral diseases, diagnosis and prevalence. The methodology applied was a descriptive and exploratory documentary design. Among the main results, it was obtained that the Ebola virus is more present in territories belonging to Africa, Uganda and Guinea, Dengue reflects

a variable epidemiology, reaching a prevalence of up to 94% in territories such as Colombia; among the main ones were the *Aedes aegypti* mosquito, the *Hyalomma* tick, *Culex* mosquitoes; Among the most commonly used diagnostic methods are IgG antibodies, IgM antibodies, NS1 antigen, RT-PCR, quantitative PCR, and next-generation sequencing. It was concluded that the geographic distribution of diseases such as Zika, Ebola, dengue, yellow fever and Chikungunya reveals significant disparities; the most commonly used techniques were detection of IgG and IgM antibodies, NS1 antigen identification, RT-PCR technique, quantitative PCR, and next-generation sequencing

**KEYWORDS:** Epidemiology, dengue, zika, chikungunya, infections, viral diseases.

## INTRODUCCIÓN

Los factores de riesgo y la prevalencia de enfermedades virales emergentes y reemergentes transmitidas por vectores son aspectos críticos para comprender y abordar el impacto de estas enfermedades en la salud pública, las enfermedades virales transmitidas por vectores, que se transfieren a los humanos a través de la picadura de artrópodos infectados, como mosquitos o garrapatas, siguen planteando amenazas importantes a nivel mundial (Socha et al., 2022), de ello radica la importancia de este estudio, ya que al ser amenazas crecientes para la salud mundial, es necesario conocer aspectos vitales de estas patologías infecciosas.

Las enfermedades virales transmitidas por vectores emergentes y reemergentes son un importante problema de salud pública en todo el mundo. Estas enfermedades no son transmisibles directamente entre humanos, sino que se transmiten a través de animales huéspedes, condiciones climáticas y poblaciones humanas susceptibles (Saib et al., 2021).

En todo el mundo las enfermedades transmitidas por vectores (ETV) también son un importante problema de salud pública y más del 80% de la población mundial corre el riesgo de desarrollar una o más ETV, los factores importantes que contribuyen al surgimiento y resurgimiento de estas enfermedades zoonóticas y transmitidas por vectores incluyen cambios en el hábitat humano y el clima debido a la urbanización, la deforestación y la reforestación; cambios en la producción de alimentos y las prácticas agrícolas; mayor densidad de aves de corral y contacto más frecuente con los animales; y un aumento de los viajes, el comercio y el turismo (Chughtai et al., 2023).

Las enfermedades transmitidas por vectores representan más del 17% de todas las enfermedades infecciosas y causan más de 700.000 muertes al año, son más prevalentes en las zonas tropicales y subtropicales y afectan desproporcionadamente a las poblaciones empobrecidas, el riesgo de infección o enfermedad en una población está determinado por las características del virus, el huésped y la población huésped, así como por los factores de comportamiento, ambientales y ecológicos que afectan la transmisión del virus de un huésped a otro (Chala & Hamde, 2021).

De acuerdo con los datos de la Organización Mundial de la Salud, las enfermedades transmitidas por vectores (ETV) causan una morbilidad y mortalidad globales sustanciales, representan el 17% de todas las enfermedades infecciosas y más de 700.000 muertes atribuibles, y el 80% de la población mundial está en riesgo de padecer una o más de ellas, el dengue es la infección viral más frecuente transmitida por los mosquitos *Aedes*, más de 3.900 millones de personas en más de 129 países corren el riesgo de contraer dengue, con aproximadamente 96 millones de casos sintomáticos y unas 40.000 muertes cada año (World Health Organization, 2020).

Brasil y Venezuela son los países con mayor riesgo de enfermedades transmitidas por vectores en América Latina y el Caribe. Según una puntuación del índice calculada en 2023, estos países tenían un riesgo respectivo de nueve y 8,7 de enfermedades transmitidas por vectores como el virus Zika y el dengue, las arbovirus reemergentes y emergentes, como el virus de la fiebre amarilla (YFV), el virus del dengue (DENV), el virus del zika (ZIKV) y el virus chikungunya

(CHIKV), constituyen una de las preocupaciones de salud pública más críticas en América Latina, estas enfermedades presentan una incidencia significativa dentro de los asentamientos humanos aumentando los eventos de morbilidad y mortalidad (Segura et al., 2021).

En Ecuador en el año 2020 ha tenido una alta carga de casos de dengue hasta el momento, con 6.941 casos notificados en las primeras 14 SE, las infecciones por Mayaro aparecieron por primera vez en Ecuador en 2019, con 5 casos reportados en la costa ecuatoriana. Los últimos casos de fiebre amarilla se notificaron en Ecuador en 2017 (3 casos) y Zika en 2018 (10 casos) (Sippy et al., 2020).

Dentro de la provincia de Manabí, durante el año 2018 se llevó a cabo un estudio relacionado a las características epidemiológicas del Zika en Portoviejo, Manabí, donde se analizaron 467 casos sospechosos de Zika, se obtuvo como resultado que 148 (31,7%) de los sujetos analizados fueron confirmados con Zika la detección de ARN del ZIKV (Fors et al., 2018).

En Ecuador, se enfrentan a diversas enfermedades emergentes y reemergentes, según un artículo de la revista "Globalization and Health", el país continúa experimentando altas tasas de enfermedades infecciosas y transmisibles, así como un aumento en enfermedades crónicas y no transmisibles. Algunas de las enfermedades mencionadas incluyen el virus del dengue, enfermedad de Chagas, fiebre de Chikungunya, tuberculosis, Mers-cov, Sars-Cov-2, E. coli 0157:H7, Helicobacter pylori, criptosporidiosis, VIH y rabia transmitida por animales y organismos vectores (Rodríguez et al., 2022).

El análisis de las enfermedades virales transmitidas por vectores, tanto emergentes como reemergentes, cobra una importancia crucial ante la creciente amenaza global que suponen. El propósito fundamental de esta revisión bibliográfica es describir las enfermedades virales transmitidas por vectores emergentes y reemergentes, diagnóstico y prevalencia. Asimismo, se busca analizar la prevalencia actual, identificar los vectores emergentes y reemergentes causantes de enfermedades virales, con el fin de especificar los métodos diagnósticos utilizados para la determinación de enfermedades virales transmitidas por vectores. Este enfoque tiene como meta proporcionar información valiosa a profesionales de la salud, investigadores y responsables de políticas, contribuyendo de esta manera a la formulación de estrategias más efectivas en la prevención, diagnóstico y control de estas enfermedades.

## **Fundamentación Teórica**

### **Enfermedades infecciosas emergentes y reemergentes**

Las enfermedades infecciosas emergentes (EID) se definen como enfermedades infecciosas que se reconocen recientemente en una población o que han existido pero que están aumentando rápidamente en incidencia o alcance geográfico, en pocas palabras, pueden ser nuevas infecciones resultantes de cambios o evolución de organismos existentes, infecciones conocidas que se propagan a nuevas áreas geográficas o poblaciones, infecciones previamente no reconocidas que aparecen en áreas en proceso de transformación ecológica, o infecciones antiguas que resurgen debido a la resistencia a los antimicrobianos en agentes conocidos o a fallas en medidas de salud pública (CDC, 2023).

Una preocupación importante es la comunicación sinérgica entre las enfermedades emergentes y otras afecciones infecciosas y no infecciosas, muchas enfermedades emergentes son zoonóticas o sinópticas, un receptáculo animal incubó el organismo con transmisión aleatoria a las poblaciones humanas, asimismo, la EID puede transmitirse por alimentos, vectores o aire, de todos modos, para que se establezca una EID, el agente infeccioso debe introducirse en una población vulnerable y el agente debe tener la capacidad de propagarse de persona a persona y causar enfermedades (Petersen et al., 2018).

Las enfermedades infecciosas reemergentes son causadas por agentes infecciosos que se conocen desde hace algún tiempo, han caído a niveles tan bajos que ya no se consideran problemas de salud pública y ahora muestran una tendencia ascendente en incidencia o prevalencia en todo el mundo. La reaparición es causada por algunos de los mismos factores que causan las nuevas enfermedades infecciosas emergentes. Las reapariciones o al menos los resurgimientos cíclicos de algunas enfermedades también pueden estar relacionados con el clima. Por ejemplo, el fenómeno de El Niño/Oscilación del Sur está asociado con resurgimientos del cólera y la malaria (Khabbaz et al., 2015).

A medida que observamos la aparición de nuevos patógenos, también asistimos al resurgimiento de algunas antiguas enfermedades infecciosas. Además de los factores mencionados anteriormente, el comportamiento humano es un factor importante en el resurgimiento. El mayor uso de medicamentos antimicrobianos ha resultado en el desarrollo de patógenos resistentes (por ejemplo: tuberculosis), lo que ha permitido que reaparezcan muchas enfermedades que eran tratables con medicamentos. El menor cumplimiento de la vacunación también ha provocado la reaparición de enfermedades como el sarampión y la tos ferina (Khabbaz et al., 2015).

### **Factores determinantes**

Muchos factores precipitan la aparición y transmisión de enfermedades infecciosas emergentes y reemergentes al permitir que los agentes infecciosos evolucionen en nichos ecológicos adecuados, alcancen y adopten huéspedes vulnerables y se propaguen más fácilmente entre sus huéspedes, dichos factores incluyen la creciente población humana, el envejecimiento de la población, la urbanización, la globalización, el cambio climático, la pobreza y la desigualdad social, los conflictos, la migración, el comercio y consumo de vida silvestre, la producción ganadera industrial, el uso irracional de antimicrobianos y el desarrollo de resistencia en humanos y ganado, así como incumplimientos en la implementación de medidas de salud pública, como programas de saneamiento y vacunación (Spernovasilis et al., 2021). Los avances sustanciales en vigilancia y diagnóstico que se han logrado hoy en día llevaron a la comprensión de que la incidencia de enfermedades infecciosas emergentes y reemergentes ha aumentado considerablemente en las últimas décadas. Estos avances mejoran la detección de brotes en general y facilitan la implementación temprana de medidas de respuesta. Incluso después de controlar el efecto de la notificación, el número de eventos de EID en todo el mundo todavía muestra una relación muy significativa con el tiempo. Ciertas áreas geográficas como Asia, África tropical y América Latina tienen más probabilidades de experimentar eventos EID y REID (Fenollar & Mediannikov, 2018).

Los patógenos con una distribución geográfica previamente distinta pueden introducirse en nuevas regiones más fácilmente en la actualidad. Este parece ser el caso de los patógenos transmitidos por vectores, como el dengue y los virus del Nilo Occidental, con su expansión a latitudes más altas debido al cambio climático y a los cambios en la distribución de los vectores. En particular, los eventos EID y REID antes mencionados tienen diversos potenciales para dar lugar a epidemias y pandemias, y su asociación con enfermedades críticas, resultados adversos para la salud y la necesidad de medidas de aislamiento es variable (Fragkou et al., 2021).

### **Impacto**

El impacto de las EID y REID se puede evaluar de muchas maneras diferentes, incluida la mortalidad y morbilidad global, la carga económica y las implicaciones sociales y geopolíticas. Por ejemplo, con respecto a la pandemia de COVID-19, en diciembre de 2021 había más de 275 millones de casos en todo el mundo y más de 5 millones de muertes registradas. Sin embargo, es probable que la mayor proporción de morbilidad (muerte más discapacidad) asociada con COVID-19 se deba a discapacidad (p. ej., COVID prolongado) o muertes tardías debido a secuelas de salud secundarias, en lugar de muerte directa (Smith, 2022). Por lo tanto, si bien la mortalidad directa por COVID-19 es sustancial, es probable que represente menos morbilidad (calculada como años de vida ajustados por discapacidad, AVAD) en general que la discapacidad o el daño orgánico en los sobrevivientes. Es de destacar que los efectos sobre la salud mental pueden tener

enormes implicaciones y constituir una pandemia dentro de la pandemia. En cuanto a la huella socioeconómica de la pandemia actual, la educación, el empleo, la pobreza global, la psicología pública, el turismo y la industria asociada, la producción global, la logística y el comercio global se han visto afectados negativamente (COVID-19 Mental Disorders Collaborators, 2021).

### **Enfermedades zoonóticas**

Las enfermedades zoonóticas son aquellas enfermedades transmitidas de animales a humanos a través del contacto directo o a través de alimentos, agua o el medio ambiente, contribuyendo al 61% de los organismos infecciosos que afectan a los humanos. Las enfermedades zoonóticas pueden clasificarse según su capacidad de propagarse entre los humanos a través de cinco etapas que van desde la propagación únicamente entre animales (etapa 1) hasta patógenos completamente humanos (etapa 5) (Ryu et al., 2017).

El Centro Nacional de Enfermedades Infecciosas Zoonóticas y Emergentes (NCEZID) tiene como objetivo proteger a las personas de las amenazas a la salud nacionales y globales. Su alcance es amplio e incluye enfermedades transmitidas por los alimentos y el agua, infecciones que se propagan en los hospitales, infecciones resistentes a los antibióticos, enfermedades mortales como el ébola y el ántrax, enfermedades que afectan a inmigrantes, migrantes, refugiados y viajeros, enfermedades causadas por el contacto con animales, y enfermedades transmitidas por mosquitos, garrapatas y pulgas (McArthur, 2019).

### **Enfermedades vectoriales**

Las enfermedades transmitidas por vectores (ETV), enfermedades causadas por patógenos transmitidos por la picadura de artrópodos, han desempeñado un papel importante en la historia de la humanidad. Hoy en día, las ETV representan más de mil millones de casos, un millón de muertes y una sexta parte de las discapacidades y enfermedades en todo el mundo anualmente (Roberts & Rizzo, 2021).

Las ETV han afectado la historia humana a través de múltiples mecanismos socio ecológicos: (1) matar o debilitar a un gran número de personas, con impactos demográficos y a nivel poblacional; (2) afectar de manera diferencial a las poblaciones según el historial previo de exposición a enfermedades, inmunidad y resistencia; (3) ser utilizado como arma para promover o justificar jerarquías de poder, colonialismo, racismo, clasismo y sexismo; (4) catalizar cambios en ideas, instituciones, infraestructura, tecnologías y prácticas sociales en los esfuerzos por controlar los brotes de enfermedades; y (5) cambiar las relaciones humanas con la tierra y el medio ambiente (Roberts & Rizzo, 2021).

Debido a que las ETV están íntimamente ligadas a entornos y estructuras sociales modificados por el hombre a través de sus efectos directos e indirectos, no podemos entender su impacto total sin considerar las retroalimentaciones dentro de los sistemas socio ecológicos subyacentes (Athni et al., 2021).

### **Animales y patrones**

Los virus transmitidos por vectores representan el 29 por ciento de los 593 virus de mamíferos conocidos, estos patógenos tienen un rango de huéspedes tres veces mayor en comparación con los virus no transmitidos por vectores, lo que significa que múltiples especies animales pueden actuar como huéspedes o reservorios para cualquier ETV en particular. Además, los virus individuales transmitidos por vectores pueden ser transmitidos por múltiples especies de vectores relacionados. Esto no sólo significa que las ETV pueden afectar ampliamente la salud animal en una variedad de especies, sino que también plantea desafíos para el control de enfermedades que se dirigen a los huéspedes en lugar de a los vectores (Semenza, 2016).

Enfermedades infecciosas prioritarias que amenazan la seguridad sanitaria mundial tales como:

### 1. Síndrome respiratorio de Oriente Medio

El coronavirus del síndrome respiratorio de Oriente Medio (MERS-CoV) es un nuevo patógeno viral humano zoonótico endémico de Oriente Medio. Se identificó en 2012 en una muestra de pulmón de un paciente de 60 años que había muerto por insuficiencia respiratoria en Jeddah, Arabia Saudita. La enfermedad causada por MERS-CoV se denomina síndrome respiratorio de Oriente Medio (MERS). MERS ha permanecido en el radar de las autoridades de salud pública mundial debido a los brotes nosocomiales y comunitarios recurrentes, y su asociación con enfermedades graves y altas tasas de mortalidad (Arabi et al., 2017).

**Epidemiología:** El número de casos de MERS-CoV notificados a la OMS ha aumentado constantemente desde el primer informe de MERS-CoV en septiembre de 2012. Se siguen notificando 4 casos de MERS-CoV en la comunidad y los hospitales de toda la Península Arábiga. Al 31 de julio de 2019, se notificaron a la OMS 2458 casos de MERS confirmados por laboratorio. De estos, hubo 848 muertes (34% de mortalidad). Los países en o cerca de la Península Arábiga que reportan casos de MERS, los casos identificados fuera de Oriente Medio suelen corresponder a viajeros que se infectaron en Oriente Medio y luego viajaron a zonas fuera de Oriente Medio (OMS, s. f.).

### 2. Síndrome respiratorio agudo severo

El SARS-CoV-2 es miembro del orden Nidovirales, familia Coronaviridae, subfamilia Orthocoronavirinae, que se subdivide en cuatro géneros, a saber, Alphacoronavirus, Betacoronavirus, Gammacoronavirus y Deltacoronavirus. Los géneros Alphacoronavirus y Betacoronavirus se originan a partir de murciélagos, mientras que Gammacoronavirus y Deltacoronavirus evolucionaron a partir de conjuntos de genes de aves y cerdos (Dhama et al., 2020).

**Epidemiología:** Desde el informe inicial de China, la enfermedad se propagó rápidamente y el número de casos aumentó exponencialmente, no se informaron más casos en febrero de 2020. Sin embargo, a mediados de marzo, el número de casos infectados comenzó a aumentar, y se informaron muchos casos en toda la India. La primera muerte relacionada con COVID-19 en la India se informó el 12 de marzo de 2020. En la segunda semana de abril, ha habido 2.170.265 casos y 135.163 muertes en todo el mundo (Dhar Chowdhury & Oommen, 2020).

### 3. Marburgo

El virus de Marburg (MARV), un virus ARN altamente patógeno que pertenece a la familia Filoviridae, es la causa de la enfermedad por virus de Marburg (MVD), una fiebre hemorrágica rara pero grave con una alta tasa de letalidad que la convierte en uno de los patógenos más mortales. Descubierta por primera vez en un brote en 1967, la fuente de la enfermedad del virus de Marburg se remonta a la importación de monos verdes africanos de Uganda. Anteriormente se conocía como enfermedad del mono verde (Shifflett & Marzi, 2019).

El virus de Marburg (MARV) provoca brotes mortales con una alta tasa de mortalidad. Es responsable de varios brotes desde su descubrimiento y caracterización simultáneos en 1967 en Marburg, Alemania; Frankfurt, Alemania; y Belgrado, Yugoslavia (ahora Serbia), la mayoría de los brotes de MARV ocurrieron en África, MARV está en la lista de patógenos prioritarios de categoría A del NIAID y es la causa principal de la enfermedad MARV (MVD), la MVD es mortal y a menudo se vuelve intratable en humanos y primates no humanos (NHP), lo que resulta en fiebre hemorrágica y disfunciones orgánicas, como insuficiencia hepática, infección del bazo, cerebro y tejidos renales, y problemas de coagulación en todo el cuerpo (Shifflett & Marzi, 2019).

**Epidemiología:** El primer brote de enfermedad por virus de Marburgo (MVD) se produjo en agosto de 1967 en Marburg y Frankfurt, Alemania, y Belgrado, Yugoslavia. Varios trabajadores de laboratorio resultaron infectados, y la fuente se remonta a los monos verdes africanos (*Cercopithecus aethiops*) importados de Uganda. Se observó que 31 casos desarrollaron enfermedad grave, 7 de los cuales murieron (tasa de letalidad del 23%). Como la mayoría de los casos ocurrieron en Marburg, el virus recibió el nombre de esa ciudad. Durante el brote de 1967 se sospechó de una posible transmisión sexual durante la fase de convalecencia, al detectarse un antígeno del virus en el semen del paciente (Letko et al., 2020).

#### 4. Ébola

El virus del Ébola pertenece a la familia Filoviridae. El nombre se deriva de la palabra latina "filum" que significa hilo. El virus filamentoso tiene una característica forma de hilo retorcido. Los virus Filoviridae son virus de ARN de cadena negativa. Son los más comunes para infectar a humanos y primates, provocando fiebre hemorrágica altamente mortal (Jacob et al., 2020).

**Epidemiología:** La enfermedad puede progresar rápidamente hacia una falla del sistema multiorgánico que conduce a un shock seguido de la muerte. La tasa de letalidad oscila entre el 25% y el 90%; la tasa promedio de letalidad es de alrededor del 50%. El rango depende principalmente del tipo de cepa de ebolavirus, siendo la cepa más mortífera el ebolavirus de Zaire, el EBOV infeccioso se ha recuperado de la leche materna, la saliva, la orina, el semen, el líquido cefalorraquídeo y el humor acuoso, además de la sangre y sus derivados, y se ha detectado en el líquido amniótico, las lágrimas, los hisopos de piel y las heces mediante transcripción inversa (RT) -PCR (Jacob et al., 2020).

#### 5. Fiebre de Lassa

La fiebre de Lassa es una fiebre hemorrágica viral transmitida por ratas. Se conoce desde la década de 1950, pero el virus no se identificó hasta 1969, cuando dos enfermeras misioneras murieron a causa de él en la ciudad de Lassa en Nigeria. Se encuentra predominantemente en África occidental y tiene el potencial de causar decenas de miles de muertes, incluso después de la recuperación, el virus permanece en los fluidos corporales, incluido el semen (Richmond & Baglole, 2003).

**Epidemiología:** La fiebre de Lassa es causada por un virus de ARN monocatenario y es una infección viral primaria sistémica diseminada. La característica principal de una enfermedad mortal es el deterioro o retraso de la inmunidad celular que conduce a una viremia fulminante. La prevalencia de anticuerpos contra el virus en la población es del 8% al 52% en Sierra Leona, 6 del 4% al 55% en Guinea, 7 y del 21% en Nigeria. También se ha encontrado seropositividad en la República Centroafricana, la República Democrática del Congo, Malí y Senegal. El personal del Departamento para el Desarrollo Internacional del Reino Unido, el Comité Internacional de la Cruz Roja y la Misión de las Naciones Unidas en Sierra Leona han sucumbido. Se han producido casos esporádicos en viajeros que regresaban a Gran Bretaña, los Países Bajos y Alemania (Richmond & Baglole, 2003).

#### 6. Fiebre del Nilo Occidental

El virus del Nilo Occidental infecta a los humanos tras la picadura de un mosquito. La especie de mosquito *Culex* es el vector más común. Además de los humanos, el virus del Nilo Occidental puede infectar a aves, caballos, perros y muchos otros mamíferos. Las aves silvestres pueden ser los huéspedes óptimos para albergar y permitir la amplificación del virus. Los humanos son considerados huéspedes accidentales sin salida debido a los niveles virales bajos y transitorios en el torrente sanguíneo. Medios de transmisión adicionales y poco frecuentes incluyen sangre, órganos, leche materna o infección transplacentaria de donantes infectados (Williamson et al., 2017).

**Epidemiología:** Los primeros informes del virus del Nilo Occidental se produjeron en Uganda en 1937. Resurgió en 1999 cuando hubo informes de siete muertes y 62 casos de encefalitis en Nueva York; esta fue la primera presentación del virus en el hemisferio occidental. Actualmente, el virus del Nilo Occidental se encuentra en África, Europa, Asia, América del Norte, Australia y Oriente Medio. El número de casos neuroinvasivos varía mucho de un año a otro, oscilando entre 386 y 2946. Las encuestas serológicas y los datos de detección de donantes de sangre muestran una tasa de enfermedad neuroinvasiva de alrededor del 0,5% de los pacientes infectados y una tasa de infección del 10% en las áreas de brote. Estos datos se extrapolan a un estimado de 3 a 5 millones de casos de infección (Williamson et al., 2017).

## 7. Dengue

El dengue es una enfermedad febril con manifestaciones clínicas que van desde una infección asintomática hasta una infección grave con disfunción multiorgánica. Es una de las infecciones virales transmitidas por mosquitos más importantes y de más rápido crecimiento en el mundo hoy en día, y una enfermedad de gran preocupación para la salud pública debido a los posibles resultados letales de una infección grave. El dengue es hiperendémico en los climas tropicales y subtropicales de todo el mundo, principalmente en zonas urbanas y semiurbanas. La incidencia global del dengue ha aumentado exponencialmente en los últimos años y casi la mitad de la población mundial está ahora en riesgo (Tsheten et al., 2021).

**Epidemiología:** La incidencia global del dengue ha aumentado exponencialmente en los últimos años y casi la mitad de la población mundial está ahora en riesgo. Se estima que cada año se producen entre 100 y 400 millones de nuevas infecciones, aunque es posible que esta cifra no se notifique, ya que las redes de vigilancia no son sólidas en la mayoría de los países tropicales, Asia tropical y América muestran la mayor densidad. Históricamente, la primera descripción del dengue se remonta a principios del siglo XIX en las islas del Caribe, mucho antes de la teoría de los gérmenes, donde la fiebre rompe huesos se había descrito como fiebre Dandy (Roy & Bhattacharjee, 2021).

## 8. Zika

ZIKV es uno de los arbovirus reemergentes (transmitidos por artrópodos) que se transmite por el mosquito *Aedes*, es un virus de ARN monocatenario que pertenece al género *Flavivirus* de la familia *Flaviviridae* y se ha relacionado con otros flavivirus. incluyendo el virus de la fiebre amarilla, el virus del dengue (DENV), el virus chikungunya y el virus del Nilo Occidental. El virus ZIKV tiene dos linajes geográficamente diferentes: asiático y africano. El ZIKV en África se mantiene en un ciclo de vida (transmisión selvática) que incluye principalmente monos y simios con humanos como huéspedes ocasionales, pero por otro lado, el linaje asiático de ZIKV incluye a los humanos como huésped principal (Fauci & Morens, 2016).

**Epidemiología:** Desde su aislamiento de Uganda, se ha informado que está asociado con infecciones humanas esporádicas en África y Asia. Los detalles más notables están disponibles en la epidemia que ocurrió en la isla de Yap, Micronesia (2007), en la Polinesia Francesa (2013) y en Nueva Caledonia (2014). La infección por ZIKV en Brasil se confirmó en mayo de 2015 y en enero de 2016 la epidemia de ZIKV se había extendido a muchos países de América, incluidos Bolivia, Brasil, Cabo Verde, Colombia, República Dominicana, Ecuador, El Salvador, Guayana Francesa, Guadalupe, Guatemala, Guyana, Haití, Honduras, Martinica, México, Panamá, Paraguay, San Martín, Samoa, Surinam y Venezuela (Marano et al., 2016).

## 9. Chikungunya

El virus chikungunya (CHIKV) es un alfavirus transmitido por artrópodos que pertenece a la familia *Togaviridae* y se



transmite por los mosquitos Aedes. El virus es conocido por causar una enfermedad febril aguda, erupción cutánea y artralgia conocida como fiebre Chikungunya, seguida de síntomas artríticos potencialmente crónicos y debilitantes que pueden durar meses o años (Fernández-Salas et al., 2015).

**Epidemiología:** CHIKV se descubrió por primera vez en Tanzania en 1952, desde entonces se ha propagado efectivamente hasta llegar a América en 2013, a Florida en julio de 2014, y después de eso afectó gravemente a varios países del Caribe, Centro y Sudamérica. Aunque el virus CHIKV se considera endémico en ciertas partes de África occidental, la distribución global se ha visto facilitada por los viajes tanto humanos como de vectores (Stapleford et al., 2016).

Pequeños brotes de CHIKV comenzaron a notificarse en las Américas en diciembre de 2013, cuando el Centro Nacional de Referencia de arbovirus de Francia confirmó casos autóctonos en la isla de San Martín (una isla en el noreste del Mar Caribe); Unos días más tarde, se notificaron unos 50 casos confirmados con pruebas adicionales de transmisión autóctona en la isla de Martinica. De un surgimiento discreto en las Américas, el CHIKV se convirtió en un importante problema de salud pública y, a finales de diciembre de 2015, se habían notificado casi un millón de casos en las Américas, lo que resultó en 71 muertes, y se había confirmado la transmisión autóctona en más de 50 territorios (Stapleford et al., 2016).

## 10. Fiebre amarilla

La fiebre amarilla (FA) es una enfermedad viral transmitida por mosquitos causada por un arbovirus de la familia Flaviviridae, género Flavivirus, que abarca virus de ARN monocatenario positivo. El virus fue aislado por primera vez en 1927 en un paciente masculino. La transmisión es principalmente por mosquitos. Después de un período de incubación de 3 a 6 días, la infección por fiebre amarilla puede provocar la aparición de diferentes características clínicas, que van desde una enfermedad febril autolimitada o leve con síntomas similares a los de la gripe en la mayoría de los casos hasta hemorragia grave y enfermedad hepática (Litvoc et al., 2018).

**Epidemiología:** La vacunación ha disminuido las epidemias mundiales de fiebre amarilla, pero la infección ha resurgido en muchas partes de África y América del Sur. Nadie es inmune a la fiebre amarilla y ocurre en personas de todas las edades y razas. Las tasas de mortalidad más altas se registran en bebés y ancianos, que a menudo tienen sistemas inmunológicos deprimidos. La fiebre amarilla es muy rara en los Estados Unidos. La mayoría de los casos se diagnostican en viajeros no vacunados al África subsahariana o América del Sur. Si bien la mayoría de las personas desarrollan una infección autolimitada, aquellas que desarrollan una enfermedad grave (Chippaux & Chippaux, 2018).

### Nuevas infecciones por coronavirus en humanos

En los últimos 17 años han surgido dos nuevos coronavirus zoonóticos letales de humanos con potencial epidémico. Un nuevo coronavirus  $\beta$ , el coronavirus del síndrome respiratorio agudo grave, surgió en noviembre de 2002 como un patógeno humano zoonótico letal en China y se propagó rápidamente por todo el mundo, desapareciendo en 2004 y nunca más se volvió a ver. El coronavirus del síndrome respiratorio de Oriente Medio (MERS-CoV) se identificó por primera vez en 2012 en una muestra de pulmón de un paciente de 60 años que había muerto por insuficiencia respiratoria y multiorgánica en Jeddah, Arabia Saudita. Desde entonces, el MERS-CoV ha permanecido en el radar de las autoridades de salud pública mundiales debido a los recurrentes brotes nosocomiales y comunitarios, y a su asociación con enfermedades graves y elevadas mortalidades (Azhar et al., 2019).

Del 1 de junio al 31 de julio de 2015, MERS-CoV causó el brote más grande fuera de la Península Arábiga, ocurrió en la República de Corea y resultó en 186 casos confirmados de MERS con 38 muertes. Esto ocurrió cuando un viajero coreano

que regresaba de un viaje a Qatar, Emiratos Árabes Unidos, Arabia Saudita y Bahrein enfermó de una enfermedad respiratoria y visitó varios hospitales en Seúl antes de que finalmente le diagnosticaran una infección por MERS-CoV. Este brote ilustró claramente el potencial epidémico del MERS-CoV, que se propaga de persona a persona. En julio de 2019, se notificaron a la OMS 2458 casos de MERS-CoV confirmados por laboratorio (848 muertes, 34 % de mortalidad)(Hui & Zumla, 2019).

### **Diagnóstico**

El diagnóstico de enfermedades emergentes y reemergentes causadas por virus es un proceso crucial para comprender, controlar y prevenir la propagación de estas enfermedades. Aquí hay algunos pasos y técnicas comunes utilizadas en el diagnóstico de este tipo de enfermedades virales:

#### **Microscopio de electrones**

Aunque se trata de una de las técnicas más antiguas, ya no se utiliza de forma rutinaria en los laboratorios de diagnóstico. La microscopía electrónica (ME) es el único método disponible para visualizar directamente el virus y, por tanto, tiene muchas aplicaciones más allá del puramente diagnóstico. La visualización de virus con EM implica tinción negativa de la muestra clínica. La tinción negativa de la muestra clínica es relativamente sencilla; técnica económica que representaría un método general de identificación viral(ARIYANACHI et al., 2022).

#### **Histología/Citología**

La microscopía directa de muestras histológicas o citológicas teñidas puede, en algunos casos, dar la primera indicación de afectación viral que implica cambios celulares, los cambios citológicos específicos se pueden confirmar mediante la tinción de antígenos o secuencias genómicas específicas, utilizando sondas de anticuerpos o ácidos nucleicos (ARIYANACHI et al., 2022).

#### **Aislamiento de virus**

El cultivo de tejido viral fue tradicionalmente el "estándar de oro" utilizado para diagnosticar infecciones virales. El aislamiento del virus debe seguir siendo una parte importante del diagnóstico viral a fin de mantener una fuente para analizar, no solo los cambios genotípicos, sino también los cambios fenotípicos en las poblaciones de virus para determinar la relevancia y la epidemiología de la vacuna(Pretorius & Venter, 2017).

#### **Métodos de detección de ácidos nucleicos**

Los virus se pueden detectar directamente en muestras clínicas utilizando cebadores y sondas de ácido nucleico altamente específicos que son complementarios en secuencia a los virus de ARN, mediante RT-PCR o, para los virus de ADN, directamente mediante PCR. Durante los últimos 10 años, se han desarrollado pruebas de amplificación de ácido nucleico para los principales virus de interés para la salud pública y se han convertido en el nuevo punto de referencia para el diagnóstico viral. Las sensibilidades y especificidades publicadas suelen ser casi del 100% en comparación con cultivos celulares o ensayos de antígenos (Pretorius & Venter, 2017).

## MATERIALES Y MÉTODOS

### Diseño y tipo de estudio

La investigación usó un diseño documental de tipo descriptivo y exploratorio el cual contribuyó a recopilar información ligada al tema de investigación, donde los autores representan los resultados obtenidos sobre: Enfermedades virales transmitidas por vectores emergentes y reemergentes: diagnóstico y prevalencia.

### Estrategia de búsqueda

Se recopilaron artículos publicados entre los años 2018 a 2024, en base a datos como: Medigraphic, Scielo, Redalyc, Pubmed, ScienceDirect, SpringerLink y otras revistas indexadas. Se usaron palabras claves y términos MeSH: “Epidemic”, “Emerging Infectious Diseases”, “epidemiology”, “vector-borne”, “viral diseases” Se emplearon operadores booleanos “and”, “or”, para facilitar la búsqueda de la información.

### Criterios de inclusión y exclusión

#### Criterios de inclusión

Investigaciones realizadas publicadas durante los años 2018-2024, estudios originales de todos los idiomas, estudios que tengan información sobre las variables a estudiar, en su versión completa y en los idiomas de inglés y español.

#### Criterios de exclusión

Investigaciones realizadas con periodo de tiempo mayor a los últimos 5 años, estudios en su versión incompleta, tesis, simposios, cartas al editor, páginas web y blogs.

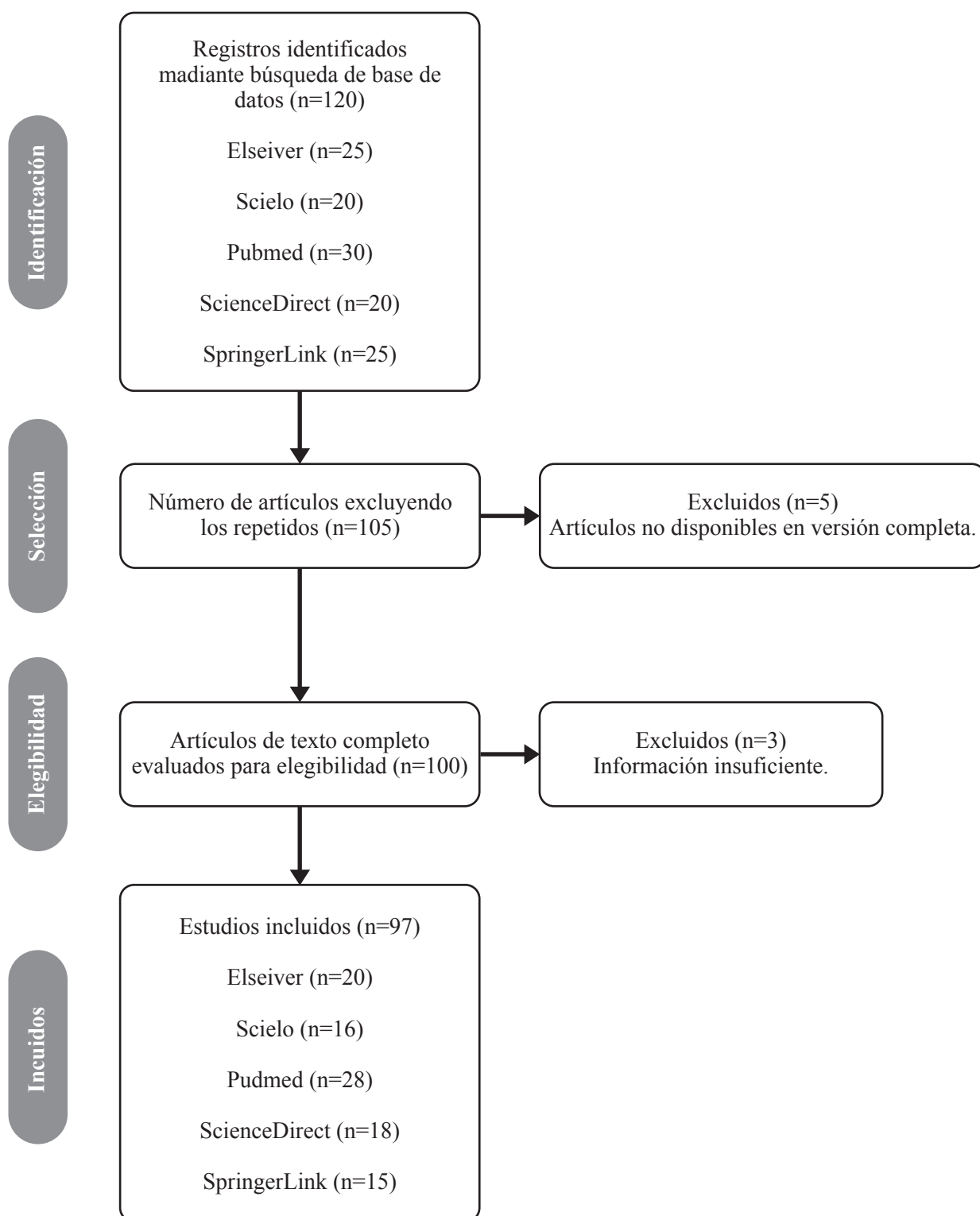
#### Consideraciones éticas

A partir de la Resolución No 003-2021-DG-NI-SENADI, esta investigación se considera sin riesgo, respetándose los derechos de autor, mediante la correcta citación y referenciación (SENADI, 2021).

#### Proceso de selección y síntesis de la información

En la investigación se seleccionaron un total de 120 artículos de las bases de datos científicas escogidas y aplicando los criterios de inclusión y exclusión se seleccionaron 85 asociados a las variables del estudio. Aplicando un diagrama prisma se clasificó la información en base a que repositorio científico pertenecía (Figura 1).

## Identificación de estudios a través de bases de datos



## RESULTADOS

*Tabla 1. prevalencia actual de las enfermedades virales transmitidas por vectores emergentes y reemergentes.*

Ref.	País	Autor	Metodología	Año	Población	Prevalencia
<b>Zika</b>						
(Colón-González et al., 2017)	Brasil	Colón, G y col.	Estudio epidemiológico	2018	3.400	20%
(O'Reilly et al., 2018)	Brasil	O'Reilly, K y col.	Estudio transversal	2018	253	20%
(Borchering et al., 2019)	Estados Unidos	Borchering, R y col.	Estudio descriptivo	2019	200.000	56%
(Santos et al., 2023)	Brasil	Santos, L y col.	Estudio longitudinal	2023	489	28%
(Intriago-Guillén et al., 2023)	Ecuador	Intriago, M y col.	Estudio descriptivo	2023	200	25%
<b>Ébola</b>						
(Hasan et al., 2019)	India	Hasan, S y col.	Estudio transversal	2018	36	22%
(Caleo et al., 2020)	Reino Unido	Caleo, G y col.	Estudio transversal	2020	2493	5%
(Izudi et al., 2023)	Uganda	Izudi, J y col.	Estudio transversal	2023	77	22%
(Pare et al., 2023)	Guinea	Pare, B y col.	Estudio descriptivo	2023	276	54%
(Izudi & Bajunirwe, 2024)	Uganda	Izudi, J y col.	Estudio descriptivo	2024	164	33%
<b>Dengue</b>						
(Haro, 2020)	Ecuador	Haro, Ángel	Estudio de cohorte	2020	56.513	40,2%
(Moreno Borraz et al., 2021)	España	Moreno, Luis	Estudio descriptivo	2021	524	11,30%
(Gómez et al., 2021)	Colombia	Gómez, J y col.	Estudio descriptivo	2021	53	94,3%
(Cieza-Zevallos et al., 2021)	Perú	Cieza, J y col.	Estudio de cohorte	2021	120	30%
(Juárez-Rendón & Parra-Bracamonte, 2022)	México	Juárez y Parra	Estudio de cohorte	2022	54.166	5,4%

Fiebre Amarilla						
(Oyono et al., 2022)	Camerun	Oyono, M y col.	Estudio de cohorte	2022	55	13,1%
(Lara et al., 2022)	Sudamérica	Lara, G y col.	Estudio descriptivo	2022	130.000	33,84%
(Serra & Plaza, 2023)	Ecuador	Serra, G y col.	Estudio de cohorte	2023	44	0,16%
Chikunhunya						
(Valero-Cedeño et al., 2020)	Ecuador	Valero, N y col.	Estudio de cohorte	2020	880	24,32%
(Bettis et al., 2022)	África	Bettis, A y col.	Estudio descriptivo	2022	3883	46%
(Costa et al., 2023)	Brasil	Costa, L y col.	Estudio de cohorte	2023	166	30%

*Fuente: Elaborado por autores de la investigación*

La prevalencia de las infecciones virales emergentes y reemergentes, como el Zika, el Ébola y el dengue está muy extendida a nivel global, respectivamente la epidemiología del Zika se encuentra distribuida en países del continente americano, donde países como Brasil poseen tasas de prevalencia. El virus del ébola se encuentra más presente en territorios pertenecientes a África, Uganda y Guinea exhiben una prevalencia de entre el 5 a 22%. En cuanto al Dengue refleja una epidemiología variable llegando a tener una prevalencia de hasta el 94% en territorios como Colombia. La fiebre amarilla presentó un porcentaje de 33,84% en Sudamérica, en Camerún fue del 13,1% y en Ecuador 0,16%. El Chikungunya por otro lado en Brasil se encontraba presente en un 30%, en Ecuador un 24,32% y en África en un 46%.

**Tabla 2.** vectores emergentes y reemergentes causantes de enfermedades virales.

Ref.	País	Autor	Año	Metodología	Vectores	Emergentes	Reemergentes
(Facchinelli et al., 2023)	Reino Unido	Facchinelli, L y col.	2023	Revisión sistemática	Aedes aegypti	Zika	Dengue fiebre amarilla
(Lorenzo Juanes et al., 2023)	España	Lorenzo, J y col.	2023	Estudio descriptivo	garrapata <i>Hyalomma</i>	fiebre hemorrágica de Crimea-Congo	-----
(Mhamadi et al., 2022)	Senegal	Mhamadi, M y col.	2022	Estudio longitudinal descriptivo	garrapata <i>Hyalomma</i>	fiebre hemorrágica de Crimea-Congo	-----
(Fares et al., 2021)	Tunes	Fares, W y col.	2021	Estudio transversal	Ixodes ricinus	Virus de la encefalitis	
(Soh & Aik, 2021)	Singapur	Soh y Aik.	2021	Estudio descriptivo	mosquitos <i>Culex</i>	Virus del Nilo occidental	-----

<b>(Mc Gregor &amp; Connolly, 2021)</b>	Estados Unidos	McGregor, B y col.	2021	Revisión sistemática	Aedes aegypti	la encefalitis de San Luis y los virus del Nilo occidental	Dengue
<b>(Kuehnert et al., 2021)</b>	Estados Unidos	Kuehnert, P y col.	2021	Revisión sistemática	garrapata <i>Hyalomma</i>	fiebre hemorrágica de Crimea-Congo	-----
<b>(Ferraguti et al., 2021)</b>	España	Ferraguti, M y col.	2021	Revisión sistemática	mosquitos Culex	Virus del Nilo occidental	-----
<b>(Hart et al., 2020)</b>	Estados Unidos	Hart, Ch y col.	2020	Estudio descriptivo	garrapata <i>Hyalomma</i>	fiebre hemorrágica de Crimea-Congo	-----
<b>(Habarugira et al., 2020)</b>	Australia	Habarugira, G y col.	2020	Estudio descriptivo	mosquitos Culex	Virus del Nilo occidental	-----
<b>(Powell, 2018)</b>	Estados Unidos	Powell, J.	2018	Estudio descriptivo	Mosco Aedes aegypti	Zika Chikungunya	Fiebre amarilla Dengue

*Fuente: Elaborado por autores de la investigación*

Los vectores emergentes y reemergentes de enfermedades virales son organismos, principalmente artrópodos, que transmiten virus de una persona o animal infectado a otra, entre los principales se encuentran el mosquito Aedes aegypti que transmite el dengue, fiebre amarilla, Zika, Chikungunya; otro de los vectores es la garrapata Hyalomma transmisora de la fiebre hemorrágica de Crimea-Congo; mosquitos Culex transmisor del virus del Nilo occidental.

**Tabla 3.** métodos diagnósticos utilizados para la determinación de enfermedades virales transmitidas por vectores.

Ref.	País	Autor	Año	Metodología	Diagnóstico
<b>(Harsh &amp; Tripathi, 2023)</b>	India	Harsh, T.	2023	Estudio descriptivo	RT-PCR
<b>(Altindiş &amp; Kahraman Kilbaş, 2023)</b>	Turquía	Altindiş y Kahraman.	2023	Estudio de revisión sistemática	Secuenciación de próxima generación RT-PCR
<b>(Eliash et al., 2022)</b>	Japón	Eliash, N y col.	2022	Estudio descriptivo	PCR cuantitativa
<b>(Nasrollahi et al., 2021)</b>	Estados Unidos	Nasrollahi, F y col.	2021	Estudio descriptivo	RT-PCR
<b>(Sebayang et al., 2021)</b>	Indonesia	Sebayang, A y col.	2021	Estudio descriptivo	Anticuerpos IgG, IgM
<b>(Mehetre et al., 2021)</b>	Rusia	Mehetre, G y col.	2021	Estudio descriptivo	Secuenciación de próxima generación PCR
<b>(Dronina et al., 2021)</b>	Lituania	Dronina, J y col.	2021	Estudio descriptivo	RT-PCR Anticuerpos IgG, IgM

<b>(Yow et al., 2021)</b>	Francia	Yow, K y col.	2021	Estudio descriptivo	NS1 IgM- IgG
<b>(Kabir et al., 2021)</b>	Estados Unidos	Kabir, A y col.	2021	Estudio descriptivo	NS1 Anticuerpos IgG, IgM
<b>(Rubio et al., 2020)</b>	España	Rubio, L y col.	2020	Estudio descriptivo	RT-PCR
<b>(Artika et al., 2020)</b>	Indonesia	Artika, I y col.	2020	Estudio de revisión sistemática	RT-PCR
<b>(Hwang et al., 2018)</b>	Corea del Sur	Hwang, K y col.	2018	Estudio de revisión sistemática	RT-PCR

*Fuente: Elaborado por autores de la investigación*

La determinación de enfermedades virales transmitidas por vectores implica el uso de diversos métodos diagnósticos para identificar la presencia del virus en muestras de pacientes o en vectores, entre los más utilizados se encuentran, anticuerpos IgG, IgM, antígeno NS1, RT-PCR, PCR cuantitativa, y la secuenciación de próxima generación, siendo los métodos de mayor confiabilidad para la determinación de estas infecciones virales.

## DISCUSIÓN

Para realizar la presente investigación, se recopiló un conjunto de 97 documentos. De manera sistemática, se asignaron 53 de estos documentos con el propósito de respaldar los aspectos teóricos del estudio, mientras que los 44 restantes fueron empleados para analizar y explicar los resultados obtenidos. Esta selección se fundamentó en investigaciones a nivel nacional e internacional, dado que las enfermedades emergentes y reemergentes transmitidas por vectores representan una creciente preocupación para los sistemas de salud pública a nivel mundial, debido al impacto devastador que provocan.

De acuerdo con los datos obtenidos a lo largo del estudio según Borchering, R y col. (Borchering et al., 2019) En países como Estados Unidos el Zika presenta una prevalencia elevada llegando a oscilar en un 56%, así mismo Pare, B y col. (Pare et al., 2023) fundamentan que el Ébola está presente en un 54% en ciertas regiones del país Africano de Guinea, en lo que refiere al Dengue según las estimaciones presentadas por Gómez, J y col. (Gómez et al., 2021) la presencia de esta infección en Colombia ha llegado a ser de hasta el 94% y en Ecuador de un 40,2%, en lo que respecta a la Fiebre amarilla en toda la región sudamericana esta infección se ha mantenido prevalente en un 33%, sin embargo en Ecuador debido a la inmunización la prevalencia es muy baja siendo del 0,16% de acuerdo con la investigación presentada por Serra, G y col. (Serra & Plaza, 2023). Finalmente, el Chikungunya al ser una enfermedad de importante carga en África se encuentra presente en un 46%, en Ecuador un 24,32% y en Brasil específicamente en un 30%.

Esto es similar a lo que mencionan Reyes, J y col. (Reyes Baque et al., 2019) quienes mencionan que dentro de Ecuador las enfermedades causadas por Arbovirus; Dengue, Zika, Chikungunya son las de mayor prevalencia dentro del territorio, llegando a estar presente en un 44%, siendo Manabí una zona con una prevalencia que oscila el 13% de estas infecciones, especialmente el dengue. Das, U y col. (Das & Fielding, 2024) en el 2024 realizaron un estudio donde determinaron que en varias regiones de África la prevalencia del Ébola llega a ser del 25%.

Por otro lado, Izurieta, R y col. (Izurieta et al., s. f.) mencionaron que en Ecuador la prevalencia de fiebre amarilla es del 8%. Judson, S y col. (Judson et al., 2024) mencionan que la prevalencia de la fiebre amarilla en Ghana es del 37% siendo mucho mayor que en regiones locales como Ecuador y Sudamérica. Respectivamente Adam, A y col. (Adam & Jassoy, 2021) mencionan que dentro de regiones como Senegal, Egipto, Angola y Mozambique la seroprevalencia de la infección por Zika, Dengue y Chikungunya llega a ser del 40%, 70% y 22%, lo que demuestra que la presencia de estas enfermedades vectoriales es variable en todas las regiones del mundo.



En concerniente al segundo objetivo Facchinelli, L y col. (Facchinelli et al., 2023) mencionan que entre los vectores causantes de enfermedades emergentes y reemergentes se encuentran principalmente los mosquitos, entre ellos *Aedes aegypti* causantes de Zika y Dengue principalmente. Lorenzo, J y col. (Lorenzo Juanes et al., 2023) refieren a la presencia de la garrapata *Hyalomma* la cual ocasiona la fiebre hemorrágica de Crimea-Congo. Soh y Aik. (Soh & Aik, 2021) indican que otro vector de gran preocupación es *Ixodes ricinus* el cual transmite el virus de la encefalitis japonesa. Estos hallazgos se asemejan a los resultados obtenidos y autores como Janjoter, S y col. (Janjoter et al., 2024) mencionan que lo virus transmitidos por mosquitos, como el virus del dengue, el virus del zika, el Chikunguña, el virus del Nilo Occidental y el virus de la fiebre amarilla ejercen impactos adversos en la salud de la población mundial, siendo *Aedes aegypti* el principal vector transmisor.

Sin embargo, Darby, C y col. Mencionan que existen otros vectores de preocupación creciente como lo es el *Aedes albopictus* transmisor de la encefalitis de La Crosse, la cual es una enfermedad arboviral relativamente poco común que se observa predominantemente en la población pediátrica, pero también puede afectar a adultos. Por otro lado Wright, D y col. (Wright et al., 2019) mencionan que los mosquitos *Aedes* y *Culex* transmiten una enfermedad reciente denominada Fiebre del Valle de Rift, la cual desde su aparición ha dejado pérdidas en la región de Kenia, ya que afecta tanto a animales como a personas, sin embargo los brotes en humanos han sido pocos y no tan frecuentes.

Entre las técnicas más empleadas se destacan la detección de anticuerpos IgG e IgM, el análisis del antígeno NS1, la técnica de RT-PCR, la PCR cuantitativa y la secuenciación de próxima generación, estos métodos son reconocidos por su alta confiabilidad en la determinación precisa de infecciones virales transmitidas por vectores, constituyendo herramientas fundamentales en el ámbito diagnóstico de estas enfermedades. Esto se asemeja a lo mencionado por Vongsouvath, M y col. (Vongsouvath et al., 2020) quienes señalan que entre las técnicas de mayor aplicación se encuentran la aplicación de técnicas para la detección de antígenos y anticuerpos, además señalan que la reacción en cadena de la polimerasa en tiempo real con transcripción inversa (RT-qPCR) juega un papel importante en la detección.

Por otro lado, Sabino, R y col. (Sabino & Wiederhold, 2022) mencionan que se pueden emplear otras técnicas de diagnóstico entre ellas la realización de un histopatológicos de tejidos para detectar el patógeno viral específico presente en un tejido infectado. De igual forma Bettini, A y col. (Bettini et al., 2023) explican que otra técnica de alta confiabilidad para el diagnóstico de este tipo de infecciones vectoriales es el cultivo viral y el ensayo de flujo lateral de inmunoprecipitación, lo que demuestra que las técnicas empleadas para este tipo de enfermedades es muy diversa, sin embargo la RT-PCR sigue siendo el estándar de oro para la detección precisa del agente.

Debido a los hallazgos hechos se recomienda realizar investigaciones detalladas sobre los vectores y reservorios involucrados en la transmisión de enfermedades virales. Comprender mejor la ecología de estos organismos contribuirá a diseñar estrategias de control más específicas y efectivas.

## CONCLUSIONES

La prevalencia de infecciones virales emergentes y reemergentes constituye un desafío global para la salud pública, la distribución geográfica de enfermedades como el dengue refleja una prevalencia elevada llegando a ser de hasta el 94% en territorios como Colombia, seguido del chikungunya presente en un 30%. Estas enfermedades se han expandido a nuevas regiones debido a factores como el cambio climático, la urbanización no planificada, los viajes internacionales y el comercio global. Además, la resistencia a los insecticidas y la falta de control efectivo de los vectores también han contribuido a su propagación. Otras enfermedades virales transmitidas por vectores emergentes y reemergentes incluyen la fiebre del Nilo Occidental, transmitida por mosquitos *Culex*, y la encefalitis japonesa, transmitida por mosquitos del género *Culex* y *Aedes*.

Los vectores emergentes y reemergentes que causan enfermedades virales representan una preocupación significativa para la salud pública. Entre los principales vectores destacan el mosquito *Aedes* incluye especies como *Aedes aegypti* y *Aedes albopictus*, que son responsables de transmitir enfermedades virales como el dengue, el virus del Zika, el chikungunya y la fiebre amarilla. Varias especies de mosquitos del género *Culex* son vectores de enfermedades virales importantes, como el virus del Nilo Occidental, que puede causar enfermedades graves en humanos, incluida la encefalitis.

La determinación de enfermedades virales transmitidas por vectores requiere la aplicación de una variedad de métodos diagnósticos, entre las técnicas más utilizadas y de mayor documentación se incluyen la PCR en tiempo real (qPCR) es particularmente útil para cuantificar la carga viral y determinar la presencia del virus en una etapa temprana de la infección. Esta técnica permite una detección rápida y específica del virus, lo que la convierte en un método diagnóstico de elección para muchas enfermedades virales transmitidas por vectores, pruebas serológicas como ELISA o la técnica de inmunofluorescencia, pueden utilizarse para detectar anticuerpos, las pruebas de inmunocromatográficas o las pruebas rápidas de antígenos, son métodos de diagnóstico rápido que detectan antígenos virales en muestras de pacientes, son útiles en entornos con recursos limitados o cuando se necesita un diagnóstico rápido, pero pueden tener una sensibilidad y especificidad menores en comparación con otros métodos.

## RECOMENDACIONES

Fortalecer los programas de vigilancia epidemiológica mediante una supervisión detallada de la distribución y actividad de los vectores, con un enfoque especial en las regiones con mayor propensión a brotes y propagación de enfermedades transmitidas por artrópodos.

Fomentar la investigación en la biología y ecología de los vectores, tales como *Aedes aegypti*, *Hyalomma* y *Culex*. Una comprensión más profunda de sus hábitos, ciclos de vida y factores que afectan su propagación proporcionará la base necesaria para desarrollar estrategias de control más efectivas y adaptadas a las características específicas de cada vector. Asegurar un acceso extenso y equitativo a tecnologías diagnósticas de vanguardia, tales como RT-PCR, PCR cuantitativa y secuenciación de próxima generación. Este esfuerzo debe abarcar no solo los centros urbanos sino también las áreas rurales, con el objetivo de facilitar la detección temprana y precisa de manera inclusiva y eficaz.

Promover la formación y actualización de profesionales de la salud en el uso adecuado e interpretación de diferentes métodos diagnósticos.

## BIBLIOGRAFÍA

- Adam, A., & Jassoy, C. (2021). Epidemiology and Laboratory Diagnostics of Dengue, Yellow Fever, Zika, and Chikungunya Virus Infections in Africa. *Pathogens*, 10(10), 1324. <https://doi.org/10.3390/pathogens10101324>
- Altindiş, M., & Kahraman Kilbaş, E. P. (2023). Managing Viral Emerging Infectious Diseases via Current and Future Molecular Diagnostics. *Diagnostics*, 13(8), Article 8. <https://doi.org/10.3390/diagnostics13081421>
- Arabi, Y. M., Balkhy, H. H., Hayden, F. G., Bouchama, A., Luke, T., Baillie, J. K., Al-Omari, A., Hajeer, A. H., Senga, M., Denison, M. R., Nguyen-Van-Tam, J. S., Shindo, N., Birmingham, A., Chappell, J. D., Van Kerkhove, M. D., & Fowler, R. A. (2017). Middle East Respiratory Syndrome. *The New England Journal of Medicine*, 376(6), 584-594. <https://doi.org/10.1056/NEJMs1408795>
- ARIYANACHI, K., LAKSHMI, J. T., SHIREEN, N. S., VIDYA, M. S., SUPRIYA, G., SARANYA, M., SAGAR, S. T.,

- & CHENNA, K. (2022). Vector-Borne Diseases amidst COVID-19 Pandemic in India – A Mini-Review. *Mædica*, 17(1), 201-204. <https://doi.org/10.26574/maedica.2022.17.1.201>
- Artika, I. M., Wiyatno, A., & Ma'roef, C. N. (2020). Pathogenic viruses: Molecular detection and characterization. *Infection, Genetics and Evolution*, 81, 104215. <https://doi.org/10.1016/j.meegid.2020.104215>
- Athni, T. S., Shocket, M. S., Couper, L. I., Nova, N., Caldwell, I. R., Caldwell, J. M., Childress, J. N., Childs, M. L., De Leo, G. A., Kirk, D. G., MacDonald, A. J., Olivarius, K., Pickel, D. G., Roberts, S. O., Winokur, O. C., Young, H. S., Cheng, J., Grant, E. A., Kurzner, P. M., ... Mordecai, E. A. (2021). The influence of vector-borne disease on human history: Socio-ecological mechanisms. *Ecology letters*, 24(4), 829-846. <https://doi.org/10.1111/ele.13675>
- Azhar, E. I., Hui, D. S. C., Memish, Z. A., Drosten, C., & Zumla, A. (2019). The Middle East Respiratory Syndrome (MERS). *Infectious Disease Clinics of North America*, 33(4), 891-905. <https://doi.org/10.1016/j.idc.2019.08.001>
- Bettini, A., Lapa, D., & Garbuglia, A. R. (2023). Diagnostics of Ebola virus. *Frontiers in Public Health*, 11, 1123024. <https://doi.org/10.3389/fpubh.2023.1123024>
- Bettis, A. A., L'Azou Jackson, M., Yoon, I.-K., Breugelmans, J. G., Goios, A., Gubler, D. J., & Powers, A. M. (2022). The global epidemiology of chikungunya from 1999 to 2020: A systematic literature review to inform the development and introduction of vaccines. *PLoS Neglected Tropical Diseases*, 16(1), e0010069. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0010069>
- Borchering, R. K., Huang, A. T., Mier-y-Teran-Romero, L., Rojas, D. P., Rodriguez-Barraquer, I., Katzelnick, L. C., Martinez, S. D., King, G. D., Cinkovich, S. C., Lessler, J., & Cummings, D. A. T. (2019). Impacts of Zika emergence in Latin America on endemic dengue transmission. *Nature Communications*, 10(1), Article 1. <https://doi.org/10.1038/s41467-019-13628-x>
- Caleo, G., Theocharaki, F., Lokuge, K., Weiss, H. A., Inamdar, L., Grandesso, F., Danis, K., Pedalino, B., Kobinger, G., Sprecher, A., Greig, J., & Di Tanna, G. L. (2020). Clinical and epidemiological performance of WHO Ebola case definitions: A systematic review and meta-analysis. *The Lancet. Infectious Diseases*, 20(11), 1324-1338. [https://doi.org/10.1016/S1473-3099\(20\)30193-6](https://doi.org/10.1016/S1473-3099(20)30193-6)
- CDC. (2023, junio 12). *National Center for Emerging and Zoonotic Infectious Diseases (NCEZID) | CDC*. <https://www.cdc.gov/ncezid/index.html>
- Chala, B., & Hamde, F. (2021). Emerging and Re-emerging Vector-Borne Infectious Diseases and the Challenges for Control: A Review. *Frontiers in Public Health*, 9, 715759. <https://doi.org/10.3389/fpubh.2021.715759>
- Chippaux, J.-P., & Chippaux, A. (2018). Yellow fever in Africa and the Americas: A historical and epidemiological perspective. *The Journal of Venomous Animals and Toxins Including Tropical Diseases*, 24, 20. <https://doi.org/10.1186/s40409-018-0162-y>
- Chughtai, A. A., Kodama, C., Joshi, R., Tayyab, M., Paiman, M. A., & Abubakar, A. (2023). Control of emerging and re-emerging zoonotic and vector-borne diseases in countries of the Eastern Mediterranean Region. *Frontiers in Tropical Diseases*, 4. <https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/ftd.2023.1240420>

- Cieza-Zevallos, J., Guzmán-Dueñas, C. del R., Cieza-Zevallos, J., & Guzmán-Dueñas, C. del R. (2021). Curso de la mortalidad durante la pandemia por COVID-19 en los primeros 120 días de acuerdo a indicadores relevantes de 72 países afectados. *Acta Médica Peruana*, 38(4), 257-263. <https://doi.org/10.35663/amp.2021.384.2266>
- Colón-González, F. J., Peres, C. A., Bernardo, C. S. S., Hunter, P. R., & Lake, I. R. (2017). After the epidemic: Zika virus projections for Latin America and the Caribbean. *PLOS Neglected Tropical Diseases*, 11(11), e0006007. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0006007>
- Costa, L. B., Barreto, F. K. de A., Barreto, M. C. A., dos Santos, T. H. P., de Andrade, M. de M. O., Farias, L. A. B. G., de Freitas, A. R. R., Martinez, M. J., & Cavalcanti, L. P. de G. (2023). Epidemiology and Economic Burden of Chikungunya: A Systematic Literature Review. *Tropical Medicine and Infectious Disease*, 8(6), 301. <https://doi.org/10.3390/tropicalmed8060301>
- COVID-19 Mental Disorders Collaborators. (2021). Global prevalence and burden of depressive and anxiety disorders in 204 countries and territories in 2020 due to the COVID-19 pandemic. *Lancet (London, England)*, 398(10312), 1700-1712. [https://doi.org/10.1016/S0140-6736\(21\)02143-7](https://doi.org/10.1016/S0140-6736(21)02143-7)
- Das, U., & Fielding, D. (2024). Higher local Ebola incidence causes lower child vaccination rates. *Scientific Reports*, 14, 1382. <https://doi.org/10.1038/s41598-024-51633-3>
- Dhama, K., Khan, S., Tiwari, R., Sircar, S., Bhat, S., Malik, Y. S., Singh, K. P., Chaicumpa, W., Bonilla-Aldana, D. K., & Rodriguez-Morales, A. J. (2020). Coronavirus Disease 2019—COVID-19. *Clinical Microbiology Reviews*, 33(4), e00028-20. <https://doi.org/10.1128/CMR.00028-20>
- Dhar Chowdhury, S., & Oommen, A. M. (2020). Epidemiology of COVID-19. *Journal of Digestive Endoscopy*, 11(1), 3-7. <https://doi.org/10.1055/s-0040-1712187>
- Dronina, J., Samukaite-Bubniene, U., & Ramanavicius, A. (2021). Advances and insights in the diagnosis of viral infections. *Journal of Nanobiotechnology*, 19(1), 348. <https://doi.org/10.1186/s12951-021-01081-2>
- Eliash, N., Suenaga, M., & Mikheyev, A. S. (2022). Vector-virus interaction affects viral loads and co-occurrence. *BMC Biology*, 20(1), 284. <https://doi.org/10.1186/s12915-022-01463-4>
- Facchinelli, L., Badolo, A., & McCall, P. J. (2023). Biology and Behaviour of *Aedes aegypti* in the Human Environment: Opportunities for Vector Control of Arbovirus Transmission. *Viruses*, 15(3), 636. <https://doi.org/10.3390/v15030636>
- Fares, W., Dachraoui, K., Cherni, S., Barhoumi, W., Slimane, T. B., Younsi, H., & Zhioua, E. (2021). Tick-borne encephalitis virus in *Ixodes ricinus* (Acari: Ixodidae) ticks, Tunisia. *Ticks and Tick-Borne Diseases*, 12(1), 101606. <https://doi.org/10.1016/j.ttbdis.2020.101606>
- Fauci, A. S., & Morens, D. M. (2016). Zika Virus in the Americas—Yet Another Arbovirus Threat. *The New England Journal of Medicine*, 374(7), 601-604. <https://doi.org/10.1056/NEJMp1600297>
- Fenollar, F., & Mediannikov, O. (2018). Emerging infectious diseases in Africa in the 21st century. *New Microbes and New Infections*, 26, S10-S18. <https://doi.org/10.1016/j.nmni.2018.09.004>

- Fernández-Salas, I., Danis-Lozano, R., Casas-Martínez, M., Ulloa, A., Bond, J. G., Marina, C. F., Lopez-Ordóñez, T., Elizondo-Quiroga, A., Torres-Monzón, J. A., & Díaz-González, E. E. (2015). Historical inability to control *Aedes aegypti* as a main contributor of fast dispersal of chikungunya outbreaks in Latin America. *Antiviral Research*, *124*, 30-42. <https://doi.org/10.1016/j.antiviral.2015.10.015>
- Ferraguti, M., Heesterbeek, H., Martínez-de la Puente, J., Jiménez-Clavero, M. Á., Vázquez, A., Ruiz, S., Llorente, F., Roiz, D., Vernooij, H., Soriguer, R., & Figuerola, J. (2021). The role of different *Culex* mosquito species in the transmission of West Nile virus and avian malaria parasites in Mediterranean areas. *Transboundary and Emerging Diseases*, *68*(2), 920-930. <https://doi.org/10.1111/tbed.13760>
- Fors, M., Silva, E., & González, P. (2018). Epidemiological characteristics of a Zika outbreak in Portoviejo, Ecuador, 2016. *Revista Panamericana de Salud Pública*, *42*, e68. <https://doi.org/10.26633/RPSP.2018.68>
- Fragkou, P. C., Moschopoulos, C. D., Karofylakis, E., Kelesidis, T., & Tsiodras, S. (2021). Update in Viral Infections in the Intensive Care Unit. *Frontiers in Medicine*, *8*. <https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fmed.2021.575580>
- Gómez, J. A. L., Guzmán, J. J. P., Coneo, Y. R., & Quezada, A. R. (2021). Mortalidad por COVID-19 y diagnóstico tardío en las primeras etapas de la pandemia en Bolívar-Colombia. *Revista Habanera de Ciencias Médicas*, *20*(4), Article 4.
- Habarugira, G., Suen, W. W., Hobson-Peters, J., Hall, R. A., & Bielefeldt-Ohmann, H. (2020). West Nile Virus: An Update on Pathobiology, Epidemiology, Diagnostics, Control and “One Health” Implications. *Pathogens*, *9*(7), 589. <https://doi.org/10.3390/pathogens9070589>
- Haro, A. S. (2020). Caracterización epidemiológica de covid-19 en Ecuador. *InterAmerican Journal of Medicine and Health*, *3*, 1-7. <https://doi.org/10.31005/iajmh.v3i0.99>
- Harsh, & Tripathi, P. (2023). Medical viruses: Diagnostic techniques. *Virology Journal*, *20*(1), 143. <https://doi.org/10.1186/s12985-023-02108-w>
- Hart, C. E., Ribeiro, J. M., Kazimirova, M., & Thangamani, S. (2020). Tick-Borne Encephalitis Virus Infection Alters the Sialome of *Ixodes ricinus* Ticks During the Earliest Stages of Feeding. *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology*, *10*, 41. <https://doi.org/10.3389/fcimb.2020.00041>
- Hasan, S., Ahmad, S. A., Masood, R., & Saeed, S. (2019). Ebola virus: A global public health menace: A narrative review. *Journal of Family Medicine and Primary Care*, *8*(7), 2189-2201. [https://doi.org/10.4103/jfmpe.jfmpe\\_297\\_19](https://doi.org/10.4103/jfmpe.jfmpe_297_19)
- Hui, D. S. C., & Zumla, A. (2019). Severe Acute Respiratory Syndrome: Historical, Epidemiologic, and Clinical Features. *Infectious Disease Clinics of North America*, *33*(4), 869-889. <https://doi.org/10.1016/j.idc.2019.07.001>
- Hwang, K.-A., Ahn, J. H., & Nam, J.-H. (2018). Diagnosis of Viral Infection Using Real-time Polymerase Chain Reaction. *Journal of Bacteriology and Virology*, *48*(1), 1-13. <https://doi.org/10.4167/jbv.2018.48.1.1>
- Intriago-Guillén, M. J., Palacios-Lucas, L. G., Vallejo-Valdivieso, P. A., Intriago-Guillén, M. J., Palacios-Lucas, L. G., & Vallejo-Valdivieso, P. A. (2023). Comportamiento de enfermedades vectoriales en una población manabita,

Ecuador. *Revista Arbitrada Interdisciplinaria de Ciencias de la Salud. Salud y Vida*, 7(14), 54-68.  
<https://doi.org/10.35381/s.v.v7i14.2562>

Izudi, J., & Bajunirwe, F. (2024). Case fatality rate for Ebola disease, 1976–2022: A meta-analysis of global data. *Journal of Infection and Public Health*, 17(1), 25-34. <https://doi.org/10.1016/j.jiph.2023.10.020>

Izudi, J., Komakech, A., Morukileng, J., & Bajunirwe, F. (2023). Ebola incidence and mortality before and during a lockdown: The 2022 epidemic in Uganda. *PLOS Global Public Health*, 3(12), e0002702.  
<https://doi.org/10.1371/journal.pgph.0002702>

Izurietta, R. O., Macaluso, M., Watts, D. M., Tesh, R. B., Guerra, B., Cruz, L. M., Galwankar, S., & Vermund, S. H. (s. f.). Assessing Yellow Fever Risk in the Ecuadorian Amazon. *Journal of Global Infectious Diseases*, 1(1), 7.  
<https://doi.org/10.4103/0974-777X.49188>

Jacob, S. T., Crozier, I., Fischer, W. A., Hewlett, A., Kraft, C. S., Vega, M.-A. de L., Soka, M. J., Wahl, V., Griffiths, A., Bollinger, L., & Kuhn, J. H. (2020). Ebola virus disease. *Nature Reviews. Disease Primers*, 6(1), 13.  
<https://doi.org/10.1038/s41572-020-0147-3>

Janjoter, S., Kataria, D., Yadav, M., Dahiya, N., & Sehrawat, N. (2024). Transovarial transmission of mosquito-borne viruses: A systematic review. *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology*, 13, 1304938.  
<https://doi.org/10.3389/fcimb.2023.1304938>

Juárez-Rendón, K. J., & Parra-Bracamonte, G. M. (2022). Características y factores de riesgo de mortalidad por COVID-19 en Tamaulipas, a un año de pandemia. *CienciaUAT*, 17(1), 6-16.

Judson, S. D., Kenu, E., Fuller, T., Asiedu-Bekoe, F., Biritwum-Nyarko, A., Schroeder, L. F., & Dowdy, D. W. (2024). Yellow fever in Ghana: Predicting emergence and ecology from historical outbreaks. medRxiv: *The Preprint Server for Health Sciences*, 2024.01.29.24301911. <https://doi.org/10.1101/2024.01.29.24301911>

Kabir, M. A., Zilouchian, H., Younas, M. A., & Asghar, W. (2021). Dengue Detection: Advances in Diagnostic Tools from Conventional Technology to Point of Care. *Biosensors*, 11(7), 206. <https://doi.org/10.3390/bios11070206>

Khabbaz, R., Bell, B. P., Schuchat, A., Ostroff, S. M., Moseley, R., Levitt, A., & Hughes, J. M. (2015). Emerging and Reemerging Infectious Disease Threats. *Mandell, Douglas, and Bennett's Principles and Practice of Infectious Diseases*, 158-177.e6. <https://doi.org/10.1016/B978-1-4557-4801-3.00014-X>

Kuehnert, P. A., Stefan, C. P., Badger, C. V., & Ricks, K. M. (2021). Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus (CCHFV): A Silent but Widespread Threat. *Current Tropical Medicine Reports*, 8(2), 141-147.  
<https://doi.org/10.1007/s40475-021-00235-4>

Lara, G., Enrique, B. C. B., Patricio, N. T. O., & Agustín, C. O. L. (2022). Yellow Fever: A Reemerging Disease in South America, 2000–2016. ESPOCH Congresses: *The Ecuadorian Journal of S.T.E.A.M.*, 146-158.  
<https://doi.org/10.18502/epoch.v2i2.11190>

Letko, M., Seifert, S. N., Olival, K. J., Plowright, R. K., & Munster, V. J. (2020). Bat-borne virus diversity, spillover and emergence. *Nature Reviews. Microbiology*, 18(8), 461-471. <https://doi.org/10.1038/s41579-020-0394-z>

- Litvoc, M. N., Novaes, C. T. G., & Lopes, M. I. B. F. (2018). Yellow fever. *Revista Da Associação Médica Brasileira*, 64, 106-113. <https://doi.org/10.1590/1806-9282.64.02.106>
- Lorenzo Juanes, H. M., Carbonell, C., Sendra, B. F., López-Bernus, A., Bahamonde, A., Orfao, A., Lista, C. V., Ledesma, M. S., Negredo, A. I., Rodríguez-Alonso, B., Bua, B. R., Sánchez-Seco, M. P., Muñoz Bellido, J. L., Muro, A., & Belhassen-García, M. (2023). Crimean-Congo Hemorrhagic Fever, Spain, 2013–2021. *Emerging Infectious Diseases*, 29(2), 252-259. <https://doi.org/10.3201/eid2902.220677>
- Marano, G., Pupella, S., Vaglio, S., Liembruno, G. M., & Grazzini, G. (2016). Zika virus and the never-ending story of emerging pathogens and transfusion medicine. *Blood Transfusion = Trasfusione Del Sangue*, 14(2), 95-100. <https://doi.org/10.2450/2015.0066-15>
- McArthur, D. B. (2019). Emerging Infectious Diseases. *The Nursing Clinics of North America*, 54(2), 297-311. <https://doi.org/10.1016/j.cnur.2019.02.006>
- McGregor, B. L., & Connelly, C. R. (2021). A Review of the Control of *Aedes aegypti* (Diptera: Culicidae) in the Continental United States. *Journal of Medical Entomology*, 58(1), 10-25. <https://doi.org/10.1093/jme/tjaa157>
- Mehetre, G. T., Leo, V. V., Singh, G., Sorokan, A., Maksimov, I., Yadav, M. K., Upadhyaya, K., Hashem, A., Alsaleh, A. N., Dawoud, T. M., Almaary, K. S., & Singh, B. P. (2021). Current Developments and Challenges in Plant Viral Diagnostics: A Systematic Review. *Viruses*, 13(3), Article 3. <https://doi.org/10.3390/v13030412>
- Mhamadi, M., Badji, A., Dieng, I., Gaye, A., Ndiaye, E. H., Ndiaye, M., Mhamadi, M., Touré, C. T., Mbaye, M. R., Barry, M. A., Ndiaye, O., Faye, B., Ba, F. A., Diop, B., Ndiaye, M., Fall, M., Sagne, S. N., Fall, G., Loucoubar, C., ... Faye, O. (2022). Crimean–Congo Hemorrhagic Fever Virus Survey in Humans, Ticks, and Livestock in Agnam (Northeastern Senegal) from February 2021 to March 2022. *Tropical Medicine and Infectious Disease*, 7(10), 324. <https://doi.org/10.3390/tropicalmed7100324>
- Moreno Borraz, L. A., Giménez López, M., Carrera Lasfuentes, P., González Pérez, E., Ortíz Domingo, C., Bonafonte Marteles, J. L., Vicente Gaspar, C., Amorós de la Nieta, F., Sastre Heres, A., García Forcada, Á. L., Serrano Herrero, M. P., Fernández Doblado, S., Espinosa Val, M. C., Fernández Adarve, M. M., Narvién Carriquiri, A., Arto Maza, F., Barea Gil, M., Aznar Vázquez, I., Sisás Rubio, R., ... Coarasa Lirón de Robles, A. (2021). Prevalencia de infección por coronavirus SARS-CoV-2 en pacientes y profesionales de un hospital de media y larga estancia en España. *Revista Espanola De Geriatria Y Gerontologia*, 56(2), 75-80. <https://doi.org/10.1016/j.regg.2020.10.005>
- Nasrollahi, F., Haghniaz, R., Hosseini, V., Davoodi, E., Mahmoodi, M., Karamikamkar, S., Darabi, M. A., Zhu, Y., Lee, J., Diltemiz, S. E., Montazerian, H., Sangabathuni, S., Tavafoghi, M., Jucaud, V., Sun, W., Kim, H.-J., Ahadian, S., & Khademhosseini, A. (2021). Micro and Nanoscale Technologies for Diagnosis of Viral Infections. *Small*, 17(45), 2100692. <https://doi.org/10.1002/smll.202100692>
- OMS. (s. f.). *Middle East respiratory syndrome coronavirus (MERS-CoV)*. Recuperado 18 de enero de 2024, de <https://www.who.int/health-topics/middle-east-respiratory-syndrome-coronavirus-mers>
- O'Reilly, K. M., Lowe, R., Edmunds, W. J., Mayaud, P., Kucharski, A., Eggo, R. M., Funk, S., Bhatia, D., Khan, K., Kraemer, M. U. G., Wilder-Smith, A., Rodrigues, L. C., Brasil, P., Massad, E., Jaenisch, T., Cauchemez, S.,

- Brady, O. J., & Yakob, L. (2018). Projecting the end of the Zika virus epidemic in Latin America: A modelling analysis. *BMC Medicine*, *16*(1), 180. <https://doi.org/10.1186/s12916-018-1158-8>
- Oyono, M. G., Kenmoe, S., Abanda, N. N., Takuissu, G. R., Ebogo-Belobo, J. T., Kenfack-Momo, R., Kengne-Nde, C., Mbagha, D. S., Tchatchouang, S., Kenfack-Zanguim, J., Lontuo Fogang, R., Zeuko'o Menkem, E., Ndzie Ondigui, J. L., Kame-Ngasse, G. I., Magoudjou-Pekam, J. N., Bowo-Ngandji, A., Nkie Esemu, S., & Ndip, L. (2022). Epidemiology of yellow fever virus in humans, arthropods, and non-human primates in sub-Saharan Africa: A systematic review and meta-analysis. *PLoS Neglected Tropical Diseases*, *16*(7), e0010610. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0010610>
- Pare, B. C., Camara, A. M., Camara, A., Kourouma, M., Enogo, K., Camara, M. S., Akilimali, L., Sani, S., de Sainte Fare, E. B., Lame, P., Mouly, N., Castro-Rial, M. L., Sivahera, B., Cherif, M. S., Beavogui, A. H., Muamba, D., Tamba, J. B., Mourié, B., Kojan, R., & Lang, H.-J. (2023). Ebola outbreak in Guinea, 2021: Clinical care of patients with Ebola virus disease. *Southern African Journal of Infectious Diseases*, *38*(1), 454. <https://doi.org/10.4102/sajid.v38i1.454>
- Petersen, E., Petrosillo, N., Koopmans, M., & ESCMID Emerging Infections Task Force Expert Panel. (2018). Emerging infections-an increasingly important topic: Review by the Emerging Infections Task Force. *Clinical Microbiology and Infection: The Official Publication of the European Society of Clinical Microbiology and Infectious Diseases*, *24*(4), 369-375. <https://doi.org/10.1016/j.cmi.2017.10.035>
- Powell, J. R. (2018). Mosquito-Borne Human Viral Diseases: Why *Aedes aegypti*? *The American Journal of Tropical Medicine and Hygiene*, *98*(6), 1563-1565. <https://doi.org/10.4269/ajtmh.17-0866>
- Pretorius, M., & Venter, M. (2017). Diagnosis of Viral Infections. *Viral Infections in Children, Volume I*, 151-182. [https://doi.org/10.1007/978-3-319-54033-7\\_6](https://doi.org/10.1007/978-3-319-54033-7_6)
- Reyes Baque, J. M., Valero Cedeño, N., Véliz Castro, T. I., & Merchán Villafuerte, K. M. (2019). Prevalencia y factores eco-epidemiológicos asociados a la emergencia y reemergencia de arbovirosis en Ecuador. *Polo del Conocimiento: Revista científico - profesional*, *4*(10), 220-240.
- Richmond, J. K., & Baglolle, D. J. (2003). Lassa fever: Epidemiology, clinical features, and social consequences. *BMJ: British Medical Journal*, *327*(7426), 1271-1275.
- Roberts, S. O., & Rizzo, M. T. (2021). The psychology of American racism. *The American Psychologist*, *76*(3), 475-487. <https://doi.org/10.1037/amp0000642>
- Rodríguez, E. B., Cirer, A. I., Martínez, E. B., & Gaibor, M. P. A. (2022). VIGILANCIA EPIDEMIOLÓGICA Y PREVENCIÓN DE LAS ENFERMEDADES INFECCIOSAS EMERGENTES Y RE-EMERGENTES. *Journal of Science and Research*, *7*(CININGEC II), Article CININGEC II.
- Roy, S. K., & Bhattacharjee, S. (2021). Dengue virus: Epidemiology, biology, and disease aetiology. *Canadian Journal of Microbiology*, *67*(10), 687-702. <https://doi.org/10.1139/cjm-2020-0572>
- Rubio, L., Galipienso, L., & Ferriol, I. (2020). Detection of Plant Viruses and Disease Management: Relevance of Genetic Diversity and Evolution. *Frontiers in Plant Science*, *11*, 539737. <https://doi.org/10.3389/fpls.2020.01092>



- Ryu, S., Kim, B. I., Lim, J.-S., Tan, C. S., & Chun, B. C. (2017). One Health Perspectives on Emerging Public Health Threats. *Journal of Preventive Medicine and Public Health = Yebang Uihakhoe Chi*, 50(6), 411-414. <https://doi.org/10.3961/jpmph.17.097>
- Sabino, R., & Wiederhold, N. (2022). Diagnosis from Tissue: Histology and Identification. *Journal of Fungi*, 8(5), 505. <https://doi.org/10.3390/jof8050505>
- Saib, I., Aleisa, S., Ardah, H., Mahmoud, E., Alharbi, A. O., Alsaedy, A., Aljohani, S., Alshehri, A., Alharbi, N. K., & Bosaeed, M. (2021). Non-SARS Non-MERS Human Coronaviruses: Clinical Characteristics and Outcome. *Pathogens*, 10(12), Article 12. <https://doi.org/10.3390/pathogens10121549>
- Santos, L. L. M., de Aquino, E. C., Fernandes, S. M., Ternes, Y. M. F., & Feres, V. C. de R. (2023). Dengue, chikungunya, and Zika virus infections in Latin America and the Caribbean: A systematic review. *Revista Panamericana De Salud Publica = Pan American Journal of Public Health*, 47, e34. <https://doi.org/10.26633/RPSP.2023.34>
- Sebayang, A. A., Fahlana, H., Anam, V., Knopoff, D., Stollenwerk, N., Aguiar, M., & Soewono, E. (2021). Modeling Dengue Immune Responses Mediated by Antibodies: A Qualitative Study. *Biology*, 10(9), 941. <https://doi.org/10.3390/biology10090941>
- Segura, N. A., Muñoz, A. L., Losada-Barragán, M., Torres, O., Rodríguez, A. K., Rangel, H., & Bello, F. (2021). Minireview: Epidemiological impact of arboviral diseases in Latin American countries, arbovirus-vector interactions and control strategies. *Pathogens and Disease*, 79(7), ftab043. <https://doi.org/10.1093/femspd/ftab043>
- Semenza, J. C. (2016). VECTOR-BORNE DISEASE EMERGENCE AND SPREAD IN THE EUROPEAN UNION. *En Global Health Impacts of Vector-Borne Diseases: Workshop Summary*. National Academies Press (US). <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK390443/>
- SENADI. (2021). *LA DIRECTORA GENERAL DEL SERVICIO NACIONAL DE DERECHOS INTELECTUALES*. <https://www.derechosintelectuales.gob.ec/wp-content/uploads/2021/06/C%C3%B3digo-de-%C3%89tica-SENADI.pdf>
- Serra, G. C. V., & Plaza, G. A. C. (2023). Fiebre amarilla: Una mirada desde una Región Amazónica del Ecuador. *Ciencia Latina Revista Científica Multidisciplinar*, 7(1), 5483-5505. [https://doi.org/10.37811/cl\\_rcm.v7i1.4867](https://doi.org/10.37811/cl_rcm.v7i1.4867)
- Shifflett, K., & Marzi, A. (2019). Marburg virus pathogenesis—Differences and similarities in humans and animal models. *Virology Journal*, 16(1), 165. <https://doi.org/10.1186/s12985-019-1272-z>
- Sippy, R., Lippi, C., Stewart, A., & Ryan, S. (2020). Endemic and Emerging Arboviruses of Mosquitoes in Ecuador. *Práctica Familiar Rural*, 5(2), Article 2. <https://practicafamiliarrural.org/index.php/pfr/article/view/165>
- Smith, M. P. (2022). Estimating total morbidity burden of COVID-19: Relative importance of death and disability. *Journal of Clinical Epidemiology*, 142, 54-59. <https://doi.org/10.1016/j.jclinepi.2021.10.018>
- Socha, W., Kwasnik, M., Larska, M., Rola, J., & Rozek, W. (2022). Vector-Borne Viral Diseases as a Current Threat for Human and Animal Health—One Health Perspective. *Journal of Clinical Medicine*, 11(11), Article 11. <https://doi.org/10.3390/jcm11113026>

- Soh, S., & Aik, J. (2021). The abundance of *Culex* mosquito vectors for West Nile Virus and other flaviviruses: A time-series analysis of rainfall and temperature dependence in Singapore. *The Science of the Total Environment*, 754, 142420. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2020.142420>
- Spernovasilis, N., Markaki, I., Papadakis, M., Tsioutis, C., & Markaki, L. (2021). Epidemics and pandemics: Is human overpopulation the elephant in the room? *Ethics, Medicine, and Public Health*, 19, 100728. <https://doi.org/10.1016/j.jemep.2021.100728>
- Stapleford, K. A., Moratorio, G., Henningsson, R., Chen, R., Matheus, S., Enfissi, A., Weissglas-Volkov, D., Isakov, O., Blanc, H., Mounce, B. C., Dupont-Rouzeyrol, M., Shomron, N., Weaver, S., Fontes, M., Rousset, D., & Vignuzzi, M. (2016). Whole-Genome Sequencing Analysis from the Chikungunya Virus Caribbean Outbreak Reveals Novel Evolutionary Genomic Elements. *PLoS Neglected Tropical Diseases*, 10(1), e0004402. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0004402>
- Tsheten, T., Clements, A. C. A., Gray, D. J., Adhikary, R. K., Furuya-Kanamori, L., & Wangdi, K. (2021). Clinical predictors of severe dengue: A systematic review and meta-analysis. *Infectious Diseases of Poverty*, 10(1), 123. <https://doi.org/10.1186/s40249-021-00908-2>
- Valero-Cedeño, N. J., Baque-Arteaga, K. S., Calderón-Pico, A. E., Caiza-Defaz, C. M., & Escobar-Rivera, M. V. (2020). Prevalencia de zika y chikungunya en los cantones de Jipijapa y Puerto López de la Provincia de Manabí, Ecuador. 2015-2020. *Polo del Conocimiento*, 5(6), Article 6. <https://doi.org/10.23857/pc.v5i6.2388>
- Vongsouvath, M., Bharucha, T., Seephonelee, M., de Lamballerie, X., Newton, P. N., & Dubot-Pérés, A. (2020). Harnessing Dengue Rapid Diagnostic Tests for the Combined Surveillance of Dengue, Zika, and Chikungunya Viruses in Laos. *The American Journal of Tropical Medicine and Hygiene*, 102(6), 1244-1248. <https://doi.org/10.4269/ajtmh.19-0881>
- Williamson, P. C., Custer, B., Biggerstaff, B. J., Lanciotti, R. S., Sayers, M. H., Eason, S. J., Dixon, M. R., Winkelman, V., Lanteri, M. C., Petersen, L. R., & Busch, M. P. (2017). Incidence of West Nile virus infection in the Dallas-Fort Worth metropolitan area during the 2012 epidemic. *Epidemiology and Infection*, 145(12), 2536-2544. <https://doi.org/10.1017/S0950268816000042>
- World Health Organization. (2020). *Vector-borne diseases*. <https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/vector-borne-diseases>
- Wright, D., Kortekaas, J., Bowden, T. A., & Warimwe, G. M. (2019). Rift Valley fever: Biology and epidemiology. *The Journal of General Virology*, 100(8), 1187. <https://doi.org/10.1099/jgv.0.001296>
- Yow, K.-S., Aik, J., Tan, E. Y.-M., Ng, L.-C., & Lai, Y.-L. (2021). Rapid diagnostic tests for the detection of recent dengue infections: An evaluation of six kits on clinical specimens. *PLoS ONE*, 16(4), e0249602. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0249602>