

**PATRONES DE DISTRIBUCIÓN GEOGRÁFICA DE ESPECIES
DE CULÍCIDOS (DIPTERA: CULICIDAE) IMPLICADOS EN LA
TRANSMISIÓN DEL VIRUS DE LA FIEBRE AMARILLA EN
ARGENTINA: UNA INFORMACIÓN FUNDAMENTAL PARA
IDENTIFICAR ÁREAS DE RIESGO VECTORIAL**

Tesis para el Doctorado en Ciencias Naturales

Año 2024

Lic. María Eugenia Cano

Facultad de Ciencias Naturales y Museo
Universidad Nacional de La Plata

Directores:

Dr. Gerardo Aníbal Marti
Dra. María Victoria Micieli



**UNIVERSIDAD
NACIONAL
DE LA PLATA**

Agradecimientos

Gracias a la Universidad Nacional de La Plata y a la Facultad de Ciencias Naturales y Museo, por permitirme estudiar en primer lugar una carrera de grado, y luego este posgrado. Me siento muy orgullosa de las instituciones que me enseñaron y me hicieron crecer tanto profesional como personalmente.

Al CONICET por otorgarme la Beca Doctoral que hizo posible la realización de esta tesis.

Al CEPAVE por darme un lugar de trabajo y todos los insumos que se requerían para el desarrollo de esta investigación. En particular, gracias a mis directores que estuvieron presentes en cada instancia, en cada traspíe y que confiaron en mí, ayudándome siempre.

A Parques Nacionales y a la Fundación Rewilding por permitirnos realizar las colectas y por recibirnos de la mejor manera.

A todos los/as integrantes del Laboratorio de Entomología del Instituto Nacional de Salud de Perú y a quienes trabajan en el Servicio Nacional de Erradicación del Paludismo (SENEPA) de Paraguay por trabajar conjuntamente con nuestro laboratorio y aportar información valiosa al conocimiento de las especies estudiadas en esta tesis.

A Jerónimo Alencar, investigador de Brasil quien ha participado en la publicación de uno de los capítulos de esta tesis, además de estar activamente dispuesto a colaborar y orientar cuando fue necesario.

Gracias a lxs compañerxs/amigxs de trabajo más increíbles que se puede tener: Meli, Emi, Agus, Sole, Euge, Barbi, Eva, Artur, Ro, Ailu, Meli. Gracias por las risas, los apodos, los llantos, los gritos, los viajes y gracias por escucharme siempre. También gracias a Rosario, por ayudarme con los mapas.

Gracias a mis amigxs de la facultad Ro, Vicky, Andre, Adri, Ger, Santi, Lau, Eva y a las de siempre: Carme, Cande, Flor y Luchi. A Ann, Camilo y a Monoblock que estuvieron en todos estos años, compartiendo momentos y ayudando a convertir esto en un proceso de aprendizaje emocional. Gracias a Cartucho y Bowina. Y por supuesto a Chanchi por el amor. Nada tendría sentido sin todas estas personas.

Por último, gracias a mi familia (papá, Alita, Marti, Nacho, Pipi, Tincho, Maxi, y más...), y en especial a mi mamá, Eugenia, por acompañarme con sus frases infinitas y porque estoy segura que le hubiera gustado estar presente.

Ver Anexo 1

Índice

1. Resumen	4	3.3.1.3. Yungas.....	43
2. Introducción General	7	3.3.1.4. Identificación molecular	44
2.1. Historia de la fiebre amarilla	7	3.3.2. Datos bibliográficos y de colectas	46
2.2. Fiebre amarilla en la Argentina.....	11	3.3.3. Cálculo de Índices de Diversidad.....	58
2.2.1. Fiebre amarilla urbana	11	3.3.4. Confección de mapas	60
2.2.2. Fiebre amarilla selvática.....	14	3.4. Discusión y Conclusiones del Capítulo I	64
2.3. Construcción de la hipótesis y predicciones	17	4. Capítulo II. Categorización de especies de mosquitos incriminadas como vectores potenciales de FA	70
2.4. Objetivos generales y específicos	20	4.1. Fundamentación	70
3. Capítulo I. Distribución geográfica de los géneros <i>Haemagogus</i> y <i>Sabethes</i> en Argentina	21	4.2. Materiales y Métodos.....	72
3.1. Introducción.....	21	4.3. Resultados	75
3.2. Materiales y Métodos	24	4.4. Discusión y Conclusiones del Capítulo II	94
3.2.1. Construcción de la Base de Datos.....	24	5. Capítulo III. Modelado de distribución de especies relacionadas al ciclo selvático de FA	98
3.2.2. Datos de las colectas.....	29	5.1. Fundamentación	98
3.2.2.1. Descripción de los sitios de muestreo	29	5.2. Metodología.....	102
3.2.2.1.1. Chaco Húmedo	29	5.2.1. Datos de ocurrencia	102
3.2.2.1.2. Chaco Seco	31	5.2.2. Variables predictivas	103
3.2.2.1.3. Yungas	33	5.2.3. Modelo de distribución.....	105
3.2.2.2. Descripción de las técnicas de captura	34	5.2.4. Asociación a cuerpos de agua.....	106
3.2.2.3. Identificación molecular	35	5.3. Resultados.....	106
3.2.3. Datos bibliográficos	36	5.4. Discusión y Conclusiones del Capítulo III	113
3.2.4. Cálculo de Índices de Diversidad.....	37	6. Conclusiones Finales	116
3.2.5. Confección de mapas.....	38	7. Perspectivas a futuro.....	122
3.3. Resultados.....	39	8. Referencias bibliográficas.....	124
3.3.1. Datos de las colectas	39		
3.3.1.2. Chaco Seco	41		

Resumen

1. Resumen

La fiebre amarilla (FA) en Argentina involucra un ciclo urbano (con antecedentes de importancia histórica) y un ciclo selvático en el que participan predominantemente especies de culícidos de los géneros *Haemagogus* y *Sabethes*. En nuestro país, si bien se han realizado estudios sobre la presencia de estas especies, la información disponible no ha sido completamente integrada ni estructurada. Aunque algunos trabajos han abordado su distribución, muchos carecen de datos de presencia georreferenciados o de una base de datos vinculada a los mapas. En los últimos años, la taxonomía de estas especies ha sufrido modificaciones significativas e incluso su distribución precisa ser actualizada. Es importante señalar que, en general, los estudios se han centrado en divisiones político-administrativas, como provincias, departamentos o incluso el país en su conjunto. Esta tesis, se centra en este diagnóstico de situación, para contribuir con el conocimiento mediante los siguientes objetivos: confeccionar una base de datos de presencias de estas especies de mosquitos mediante el análisis de registros bibliográficos y colectas de campo, analizar cuáles de estas especies podrían ser los potenciales transmisores del virus de la FA selvática en Argentina y por último, predecir sus patrones geográficos a través de modelos de distribución.

Los géneros *Hg.* y *Sa.* se desarrollan en microhábitats como los huecos de bromeliáceas epífitas, cavidades en árboles y cañas de bambú, entre otros fitotelmata que predominan en zonas selváticas, las cuales se encuentran en las ecorregiones de selva como la Selva Paranaense y Yungas. Sin embargo, en la zona media del Chaco, únicamente se han registrado ejemplares de *Hg. spegazzinii*, una especie ampliamente distribuida en el país y considerada un vector potencial de FA. Debido a las características ambientales, esta región intermedia podría funcionar como un corredor biológico para estas especies de mosquitos. A partir de la información disponible, junto con las colectas de campo y los modelos desarrollados, esta tesis postula la hipótesis de que la distribución geográfica de los mosquitos selváticos identificados como vectores confirmados o potenciales del virus de la FA es continua entre el NOA y el NEA, entre las ecorregiones selváticas de Selva Paranaense y Yungas.

Resumen

Para introducir el tema, se comentan los aspectos más relevantes de la historia de la FA en América, cómo se desarrolló el ciclo urbano de la enfermedad en nuestro país y cuál fue (y es actualmente) el rol de la FA selvática en Argentina.

En el capítulo I se presentan por primera vez, las distribuciones completas de estos géneros con sus respectivas especies (4 especies de *Hg.* y 13 de *Sa.*) y se exponen en mapas, asociándose a las ecorregiones de Argentina. Estos registros de presencia se obtuvieron de la búsqueda bibliográfica y de tres campañas realizadas entre los años 2019 y 2022 a tres sitios pertenecientes a las ecorregiones de Chaco Húmedo, Chaco Seco y Yungas. En la zona intermedia mencionada en la hipótesis se encontró *Hg. spegazzinii*, además de presentarse como un nuevo hallazgo dentro del PN El Impenetrable.

A continuación, en el capítulo II se realizó una categorización de especies basada en seis criterios de incriminación, es decir, los requisitos que deben cumplir las especies para ser consideradas transmisoras de FA. La selección se llevó a cabo en función del cumplimiento de estos criterios, por lo que se recopiló información sobre diversas especies (no solo aquellas pertenecientes a los géneros *Hg.* y *Sa.*). Asimismo, esta tabla permitió elaborar una escala de importancia para Argentina (Escala Argentina) y otra a nivel sudamericano (Escala General), asignando un puntaje a cada especie según su rol en la transmisión de la fiebre amarilla selvática. En un primer análisis, todos los criterios tuvieron el mismo peso (Escala Equitativa), mientras que en una segunda instancia se aplicó una ponderación diferenciada (Escala Ponderada), que no mostró diferencias para los grupos de mayor puntaje. *Haemagogus leucocelaenus*, *Hg. janthinomys*, *Hg. capricornii* y *Sa. chloropterus* obtuvieron el puntaje más alto de la Escala General y *Sa. albiprivus* se destacó en la Escala Argentina.

Finalmente, durante el tercer capítulo, se aplicó un modelo de distribución mediante la plataforma Google Engine, utilizando variables ambientales y los puntos de presencia recopilados en el Capítulo I. El análisis abarcó registros desde el 2000 al 2023, considerando a cada especie y a las agrupaciones definidas en el Capítulo II. Se obtuvieron cuatro modelos principales y, aunque los resultados podrían mejorar con la incorporación de más registros de presencia y una optimización en la metodología de recolección, los valores de idoneidad del hábitat sugieren una posible continuidad en la

Resumen

distribución de estas especies entre la ecorregión Selva Paranaense y la selva de Yungas. A su vez se observa que los registros se encuentran altamente vinculados con los cursos de agua y con las zonas ribereñas.

Los resultados indican que *Hg. leucocelaenus*, junto con el grupo conformado por las tres especies más relevantes según la Escala General (exceptuando *Hg. capricornii*, cuyos registros previos al 2000 impidieron su inclusión), y *Sa. albiprivus* (la especie con mayor puntaje en la Escala Argentina), presentan una distribución continua entre las ecorregiones de Selva Paranaense y Yungas, conectadas a través de cuerpos de agua que podrían actuar como corredores biológicos. En contraste, para el resto de las especies de estos géneros no fue posible realizar análisis similares ni establecer agrupaciones que permitieran modelar su distribución.

La información aportada en esta tesis también contribuye a la identificación de zonas de muestreo prioritarias para futuros estudios, la búsqueda de hospedadores alternativos a los primates, a la definición de especies que requieren estudios más detallados sobre su capacidad vectorial, orientar estudios ecológicos para identificar hábitats específicos y evaluación de la competencia interespecífica según la altura del dosel en ecosistemas selváticos, entre otros aspectos. En términos de salud pública, el conocimiento sobre la distribución de estas especies puede convertirse en una herramienta imprescindible para el diseño de estrategias de prevención de la FA selvática, orientar campañas de vacunación y mitigar el riesgo de epizootias y brotes urbanos, especialmente en regiones limítrofes con Brasil, donde ocurren brotes selváticos con mayor frecuencia

Introducción General

2. Introducción General

2.1. Historia de la fiebre amarilla

*Las bacterias y los virus fueron los aliados más eficaces.
Los europeos traían consigo, como plagas bíblicas,
la viruela y el tétanos,[...] el tifus, la lepra, la fiebre amarilla...
"Las venas abiertas de América Latina"*

Eduardo Galeano

La fiebre amarilla (FA) es una enfermedad viral aguda transmitida por mosquitos. Es propia de áreas tropicales de África y América, y en 34 países de África y 13 de América Central y Sudamérica, la enfermedad es endémica en todo el país o en algunas regiones (WHO, 2021). Se reportan en el mundo alrededor de 200.000 casos y 30.000 muertes de personas al año, y en América, los países Brasil, Bolivia y Perú fueron los más afectados en los últimos años (OPS, 2023).

Existen menciones precolombinas de las epidemias (Góngora-Biachi, 2000), sin embargo, la hipótesis del origen africano de la enfermedad (y su posterior expansión a través de las campañas de invasión a nuestro continente) es la más aceptada (Powell, 2013). Los factores que confirmarían el origen de la FA en África serían: la frecuencia de las epidemias, la adaptación del virus a los vectores y hospedadores y, por último y más importante, la heterogeneidad de genotipos de virus presentes en el continente africano (Chippaux, 2018). En África, existen cinco genotipos del virus y hay aproximadamente 10 especies de mosquitos vectores implicadas en la transmisión en los ciclos urbanos y selváticos; incluso se observa un ciclo intermedio (Clements, 2012). Hay estudios que respaldan la procedencia africana del virus de la FA (VFA) y señalan que el linaje sudamericano se separó de su ancestro hace 200-400 años, época en la que se encontraba en auge el ingreso de personas esclavas en América (Gould, 2017). Hay pruebas de que la FA llegó a América a través de la expansión colonizadora de Europa a partir del año 1492, y al igual que otras enfermedades tales como la viruela o el sarampión, causó efectos devastadores en las poblaciones invadidas (Crosby, 1988). Durante las invasiones a América, no solamente se produjo una invasión humana, sino que además se facilitó el transporte accidental de fauna exótica, en particular del

Introducción General

mosquito *Aedes aegypti* (Linnaeus, 1762). En los sucesivos viajes realizados por los españoles, no fue la única especie introducida. Se tiene registro de otras como el conejo europeo, *Oryctolagus cuniculus* (Linnaeus, 1758), que también fácilmente se adaptó a las condiciones del nuevo continente en conquista (Camps, 2013).

Con respecto a la enfermedad, un cronista de la época colonial describe: *“En 1494 (en América) nació entre los españoles una peste y una gran corrupción... causada por la extrema humedad del país. Los hombres que sobrevivieron quedaron afligidos de enfermedades incurables, y entre los que regresaron a España (con Cristóbal Colón), los había cuya cara se había vuelto de un color amarillo azafrán. No tardaron en morir de las enfermedades que habían adquirido, y les daba el color del oro que habían ido a buscar a los países alejados”* (Sanfilippo, 1987; Góngora-Biachi, 2000). La expansión de la FA se vio favorecida por las guerras por el territorio (entre otros procesos) que causaron una disminución de la población americana. Se ha estimado que las poblaciones de las regiones más densamente pobladas de las Américas, es decir, Mesoamérica y los Andes, se redujeron un 90 por ciento, propiciando la rápida caída de los imperios de nuestro continente (Crosby, 1976; Jacobs, 1974; Newson, 1985). Además, el comercio de esclavos desde África, aseguraba la continua introducción del vector. Por último y con el transcurso de los siglos, la modificación de los ecosistemas americanos, por ejemplo la deforestación para cultivos de azúcar, promovieron el desarrollo de la enfermedad y la propagación del vector (Crosby, 1988; Tuellsa, 2007).

Entre los años 1647 y 1649 se registraron los primeros brotes de FA en América en Barbados, Cuba, Guadalupe y México (Tomori, 2002). Con el tiempo, la enfermedad avanzó hacia América Central y del Sur y comenzaron a registrarse brotes, algunos con altas tasas de mortalidad, en países como Venezuela (1793), Colombia (1830), Honduras (1860), San Salvador (1868) o Nicaragua (1868). Estas epidemias no solamente causaban la muerte de nativos, sino también de españoles e ingleses, por lo que se establecen como factores determinantes en la colonización y la resistencia a tal proceso en América (Tuellsa, 2007). Debido a la expansión y el alcance de esta enfermedad, se empezó a poner el foco en comprender cuáles eran los mecanismos de transmisión. En este contexto, en 1881, el investigador cubano Carlos Finlay describió el rol de los mosquitos como vectores de FA, aunque lo relacionó con una bacteria y no con el virus

Introducción General

que causaba la enfermedad. Este estudio fue el primero en el que se describió al mosquito como “medio o agente” para transportar el material que causa la FA (Finlay, 1937). Sin embargo, en ese momento esta hipótesis no fue aceptada por sus colegas, hasta que unos años después, en 1900, Walter Reed continuó lo estudiado por Finlay. Este médico realizó una serie de experimentos en humanos que podrían resultar polémicos hoy en día, sin embargo, demostró el papel que cumple *Ae. aegypti* en la transmisión de la FA (Franco, 1969).

Los reportes de FA más próximos geográficamente a nuestro país se registran en el noreste de Brasil en 1640, establecidos como primeras sospechas de FA, en la ciudad de Recife, estado de Pernambuco. Sin embargo, la primera confirmación de una epidemia ocurrió en 1685 en ese mismo sitio. En esta epidemia se registraron aproximadamente 600 víctimas fatales en un lapso de 15 días (Franco, 1969).

Los brotes de FA selvática en Sudamérica se han registrado con una determinada frecuencia que varía de 10 a 20 años dependiendo el país (e incluso varía entre regiones de cada país) (Câmara et al., 2011; Vasconcelos et al., 2004; OPS, 1954). Este aspecto cíclico ha dificultado la elección de estrategias y políticas públicas a largo plazo para erradicarla. En este sentido, la aparición de la vacuna ha sido muy importante en la lucha contra la FA. Tanto es así, que uno de los factores que produce los brotes es el incremento de la migración temporal interna, como el ingreso de personas (en general, varones) en las zonas selváticas, que trabajan en la tala de árboles o en cultivos; es decir, personas que ingresan a zonas endémicas sin vacunación previa (Espinoza et al., 2015; Vasconcelos, 2003).

El desarrollo de la vacuna comenzó a partir del año 1918, cuando se iniciaron experimentos orientados a encontrar el agente causal de la enfermedad. En primer lugar, se indicó que el agente etiológico se trataba de una bacteria, denominada *Leptospira icteroides* Noguchi, 1919. Sin embargo, en 1927 se descartó esta hipótesis, y se obtiene por primera vez una cepa del virus de FA, a partir del primer aislamiento del virus en un humano. A esta se la llamó Asibi, en homenaje a una persona sobreviviente originaria de África Occidental, la cual proporcionó una muestra de sangre para aislar el virus (Staples y Monath, 2008). Una vez aislado el virus, se continuó con las investigaciones para desarrollar una vacuna. Finalmente en 1937, Max Theiler, un

Introducción General

virólogo sudafricano de la Fundación Rockefeller, realizó estudios en ratones utilizando una cepa con una mutación (17D) que hacía a la vacuna más estable y segura. Por este hecho se lo galardonó a Theiler con el Premio Nobel en Fisiología o Medicina, el primero que distinguía la creación de una vacuna (Norrby, 2007). En 1938, la misma se comenzó a utilizar para prevenir la FA en los continentes de África y América, en este último producida en los Institutos Carlos Finlay (Bogotá) y Oswaldo Cruz (Río de Janeiro) (OPS, 1954).

La siguiente medida que se tomó en pos de la eliminación de la FA fue la de erradicar el vector *Ae. aegypti*, a cargo de la Oficina Sanitaria Panamericana y de sus países asociados. Este programa se llevó a cabo desde 1948 a 1962 y afirmaba que esta especie era de sencilla erradicación porque: “[*el aegypti...*] *no es un mosquito selvático, se encuentra siempre en las viviendas humanas o muy cerca de ellas*” (OPS, 1954). Sin embargo, la falta de sostenimiento y en algunos casos el abandono del programa, hizo que este mosquito vuelva a introducirse (OPS, 1997). Existe una hipótesis que afirma que podrían existir poblaciones que nunca se hayan erradicado, debido al descubrimiento reciente de rasgos de ancestría africana (*Ae. aegypti formosus* (Walker, 1848)) en las características genéticas de las poblaciones presentes en Argentina (Gloria-Soria et al., 2016).

Introducción General

2.2. Fiebre amarilla en la Argentina

2.2.1. Fiebre amarilla urbana

*Porque la entraña del cementerio del sur
fue saciada por la fiebre amarilla hasta decir basta;
porque los conventillos hondos del sur
mandaron muerte sobre la cara de Buenos Aires
y porque Buenos Aires no pudo mirar esa muerte [...]
La Chacarita, Muertes de Buenos Aires
Jorge Luis Borges*

En Argentina durante la década de 1850, comenzó un proceso de modernización nacional. Las ideas provenientes de una Europa en plena revolución industrial, llegaron a nuestro país, junto con la población inmigrante. Domingo Faustino Sarmiento fue presidente entre los años 1868 y 1874, y las políticas promovidas por su gestión principalmente buscaban impulsar el desarrollo industrial, en pos del “progreso nacional”. Las medidas del gobierno para que el progreso fuera posible estimulaban la educación, la inmigración y la urbanización. Por otro lado, en estos años se produjo la Guerra de la Triple Alianza (1864-1871), un conflicto que enfrentó a la coalición de Argentina, Brasil y Uruguay contra Paraguay, generando el traslado de soldados desde el área de guerra (zona limítrofe entre Argentina, Paraguay y Brasil) hacia Buenos Aires y viceversa (Lazzarino, 2021).

Durante el conflicto bélico, la ciudad de Corrientes era el principal núcleo de concentración y abastecimiento de las fuerzas de ocupación y a finales de 1870, la ciudad fue el foco de un brote de FA que causó alrededor de 2000 defunciones, según los censos de la época (Rovere, 2011). La epidemia ocurrió a la vez que se produjo la de Buenos Aires por lo que quedó eclipsada. Sin embargo, se trató de una tragedia, y hoy en día se reconocen personajes como el médico correntino José Ramón Vidal, quién murió por contraer la enfermedad al auxiliar personas convalecientes, sacrificando su vida al servicio de la comunidad (Garayalde, 2023; Ruiz Moreno, 1949).

Entonces, la movilización de los soldados argentinos desde Asunción, luego de su participación en la guerra, pudo haber transportado el virus o el vector hacia el sur. Existen otras teorías, las cuales proponen que la enfermedad se instaló en Buenos Aires

Introducción General

a través de los barcos que llegaban de Europa, particularmente de Barcelona, ciudad que había atravesado una epidemia de FA en el año 1870. Esta hipótesis se fundamenta por la escasa calidad higiénica de los barcos, las deficiencias sanitarias y administrativas del puerto de la ciudad y el permanente contacto entre Buenos Aires y los puertos europeos, entre otras razones (Rey, 2021). Ambos orígenes tienen coincidencias, y quizás pueden haber sucedido simultáneamente, provocando la mayor epidemia de FA urbana de la historia argentina.

Unos meses después del brote de Corrientes, en enero de 1871, la FA llegó a Buenos Aires. Se habían registrado antecedentes previos en 1857, 1858 y 1870 (Maglioni y Stratta, 2009), sin embargo, la epidemia de 1871 tuvo un impacto inédito, ya que causó repercusiones en varios niveles como en la organización del espacio urbano o el surgimiento de nuevos actores sociales, entre otros (Tortorello, 2017). El aumento de inmigrantes en la población se produjo de forma poco planificada y quienes llegaron se instalaron en casas de inquilinato y “conventillos”. En este contexto se establecieron condiciones desfavorables para la vida en los conventillos tales como, hacinamiento e insalubridad. En la ciudad no se habían instalado cloacas, los saladeros contaminaban el Riachuelo y el relleno de las calles se realizaba con basura (Rabich, 2019; Maglioni y Stratta, 2009). La ausencia de gestión sobre los residuos podría haber generado condiciones propicias para la cría del mosquito *Ae. aegypti*. Hasta ese momento no se conocían las causas de la enfermedad y se creía que se transmitía a través de los “miasmas”, supuestas partículas generadas en los cuerpos en descomposición que, a través del aire, afectaban a los humanos (Osorio, 2018; Rabich, 2019). Para combatir estos miasmas se prendían fogatas en las esquinas de la ciudad, con el objetivo de disolver las partículas. Otras soluciones que se ponían en práctica eran que, quienes podían, dejaran sus propiedades y se mudaran a otros sitios, dejando partes de la ciudad vacías. Para las personas de menor poder adquisitivo esta medida era insostenible por lo que no tenían alternativa ante la expansión de la enfermedad, que no sea enfrentarla en sus hogares. No solamente eran más vulnerables a la FA, sino que fueron foco de discriminación y marginación por parte de los agentes de prevención; en muchos casos eran víctimas de desalojo y posterior quema de sus hogares, expulsión de sus empleos, e incluso se les señalaba como culpables de “haber traído el mal” (Rabich, 2019).

Introducción General

La epidemia duró desde enero a junio de 1871. Los primeros casos se detectaron en el Barrio de San Telmo y luego aquella se fue extendiendo a otras zonas de la ciudad, causando la muerte de aproximadamente 14.000 personas, las que en ese momento representaban el 8% de la población de la ciudad. Esto significó un gran aumento de la mortalidad de manera abrupta y según algunos testimonios, los cadáveres eran abandonados varias horas en la calle sin que nadie los recogiera, debido a la emergencia que se había producido. El masivo brote provocó la apertura de cementerios como el de Chacarita, que recibía a las víctimas mortales para darles sepultura o directamente cremarlas (Pignatelli, 2021).

Durante la epidemia se creó la Comisión Popular de Salubridad, un grupo de vecinos y vecinas autoconvocados/as con ayuda de los medios de comunicación de la época, que trabajaba para suplir las falencias que presentaba la gestión municipal. Estaba conformada en su mayoría por médicos y figuras de cierto renombre en la ciudad, y era liderada por José Roque Pérez, quien falleció debido a la enfermedad. A su vez existían las Comisiones Parroquiales las cuales tenían independencia para actuar y funcionaban de manera solapada con la comisión antes mencionada. Todas estas comisiones recorrían los barrios afectados y en muchos casos tenían la tarea de desalojar las viviendas que podrían ser focos de infección (Rabich, 2019). Por otro lado, la policía también cumplía la función de velar por el bienestar de la población urbana afectada por la enfermedad, siguiendo los parámetros de la época. Para esto también inspeccionaba y desalojaba viviendas, además de custodiar aquellas que ya habían sido abandonadas, las cuales eran susceptibles de ocupaciones o saqueos (Galeano, 2009). La multiplicidad de actores y su falta de acción coordinada y conjunta, representó una dificultad para el manejo adecuado de la epidemia.

En el mes de junio, los casos de FA en la ciudad empezaron a decaer con respecto a lo registrado en meses anteriores, por lo que se considera que la epidemia concluyó (Lazzarino, 2021). Luego del brote se plantearon cambios en la ciudad de Buenos Aires, como la mejora de las condiciones sanitarias, a través del desarrollo de desagües cloacales, pavimentación, mejora de las vías públicas y creación de hospitales (García, 2011). Los barrios (y las mansiones pertenecientes a la alta sociedad) comenzaron a ser ocupados por sobrevivientes de la epidemia de menor poder adquisitivo.

Introducción General

2.2.2. Fiebre amarilla selvática

Luego del descubrimiento de la especie de mosquito *Ae. aegypti* como vector del VFA, se sucedieron otros experimentos que intentaban buscar formas de erradicar la enfermedad.

Los grupos de investigación deseaban conocer la susceptibilidad que poseían los seres vivos al ponerse en contacto con el virus. En los comienzos, se realizaban experimentos en humanos inoculando suero de personas con sospecha de infección en individuos sanos o exponiéndolos a la picadura de mosquitos que previamente habían picado a un paciente infectado (Gonorazky, 2015). De esta manera se evaluaban los efectos del suero en la persona inoculada para determinar si se confirmaba el diagnóstico al desarrollarse los síntomas. Algunos investigadores emplearon su propio cuerpo como sujeto de experimentación. Fue el caso de Walter Reed y Jesse Lazear, quienes se auto inocularon el virus, además de hacerlo sobre los voluntarios que reclutaron. Ambos contrajeron la enfermedad, sin embargo, Lazear no sobrevivió al ensayo (Mehra, 2009). Con respecto a los voluntarios, fueron informados sobre los riesgos y firmaron consentimientos que eximían al grupo de investigación de la responsabilidad sobre los efectos en los voluntarios (además de recibir una compensación económica); sin embargo, no deja de ser polémico el accionar completo ya que los ensayos eran ciertamente improvisados (Cutter, 2016). Con el correr de los años, se han generado protocolos internacionales que regulan estos ensayos experimentales y protegen a quienes participan de los mismos, como el “Código de Nuremberg” o las “Guías Éticas Internacionales” (Gonorazky, 2015).

Además de pruebas en humanos, también se utilizaron animales y el candidato más adecuado era (y lo es actualmente) el primate *Macacus rhesus*, hoy en día conocido como *Macaca mulatta* (Zimmermann, 1780) o “mono Rhesus”, conocido por la facilidad para mantenerlo en cautiverio y su parecido genético con la especie humana. Con los primates se realizaban las mismas pruebas que se mencionaron anteriormente sobre personas. Los investigadores Stokes, Bauer y Hudson en el año 1928 demostraron que los primates eran susceptibles a la inoculación con el virus, ya que, de los 30 animales inoculados con sangre o suero sólo uno sobrevivió, luego de haber manifestado los

Introducción General

síntomas de la FA. Estos investigadores también probaron y re-confirmaron el papel transmisor del mosquito *Ae. aegypti*, ya que, cuando se alimentaban de primates infectados, por un lado, los mosquitos mantenían durante toda su vida la capacidad infectiva y por otro, una sola picadura era suficiente para causar una infección mortal en otro primate (Stokes et al., 1928; Tomori, 2002). Más adelante se demostró que las especies de primates no humanos tienen distintos niveles de susceptibilidad; algunas son refractarias o resistentes al virus y no presentan síntomas (Moreno et al., 2015). Al mismo tiempo también comenzaron los estudios que utilizaban ratones de laboratorio. Por ejemplo, se desarrolló el “test de protección del ratón”, en el que estos animales eran inoculados intracerebralmente con suero de personas que habían sobrevivido a la enfermedad, observándose que los protegía de la FA. Más tarde se demostró que esto se debía a la presencia de los anticuerpos en el suero inoculado (Mejía Rodríguez, 2004). Las experimentaciones en primates y roedores también permitieron investigar los síntomas que producía la enfermedad y sus consecuencias, a través de los exámenes clínicos y las autopsias que se realizaban en los animales infectados (Stokes et al., 1928; Smithburn, 1957).

El primero en emplear el término de FA selvática fue el médico colombiano Roberto Franco en 1907, quien advirtió que los “mosquitos de los bosques”, eran posibles transmisores de la fiebre. Sin embargo, esta hipótesis fue rechazada por otros especialistas (Sanmartín Barberi, 1989). Posteriormente en 1935, Fred Soper, reconoció las investigaciones de Franco y a partir de los resultados obtenidos en los estudios con primates no humanos (PNHs o por sus siglas en inglés: NHPs), describió finalmente el ciclo selvático de la enfermedad en Sudamérica, en ausencia de *Ae. aegypti* (Sanmartín Barberi, 1989; García, 2011). Entre los años 1937 y 1938 se incriminó a los mosquitos del género *Haemagogus* Williston, 1896 como los principales vectores de la FA selvática en Sudamérica (Levi-Castillo, 1951). De igual manera, al género *Sabethes* Robineau-Desvoidy, 1827, se lo relacionó con la transmisión del VFA, en particular estudiando a *Sa. chloropterus* (von Humboldt, 1819), haciendo extensivo luego el papel de vector a otras especies dentro de este género (Navarro, 1995).

En Argentina, del Ponte en el año 1936 alertó sobre la necesidad de hacer estudios sobre este ciclo selvático (Bejarano, 1979). Esto generó que en los años

Introducción General

sucesivos se realizaron acciones relacionadas con la FA en Argentina, tales como colectas de culícidos, estudios sobre la distribución de PNHs, evaluación de anticuerpos antiamarílicos y registro de casos probables de FA en humanos (Blacksley, 1951).

En 1966 ocurrió el primer brote confirmado de FA selvática en nuestro país y se aisló el virus a partir de casos humanos (Bejarano, 1979; Barrera Oro et al., 1966). Se considera que el brote provino de Brasil, de los estados Paraná, Santa Catarina y Río Grande do Sul. También se produjeron epizootias en PNHs (casos registrados en animales, en este caso, PNHs), las cuales no han sido confirmadas mediante el aislamiento del virus, pero se deducen relacionadas, de acuerdo a lo que sucede en otros países de Sudamérica (Bejarano, 1979). Los casos humanos se produjeron en la provincia de Corrientes, en las localidades de Garruchos y Garabí y en la provincia de Misiones, en Campo Ramón y San Pedro. Previamente se habían realizado estudios epidemiológicos al respecto, por ejemplo, sobre localidades afectadas o muertes sospechosas por FA selvática (Bejarano, 1979).

Pasaron más de 40 años sin casos registrados de FA hasta que en 2007 y 2008 se produjo el segundo brote confirmado de FA selvática en nuestro país, en el cual se registraron nueve casos humanos. Unos años antes, entre los meses de marzo y mayo de 2001, entre Brasil y Argentina se había registrado una mortandad de monos atribuida a la FA, la cual podría establecerse como un precedente (Gorodner et al., 2019).

El segundo brote en la región, comenzó en Paraguay a finales de 2007, en el que se produjeron casos humanos. Entre noviembre de 2007 y octubre del siguiente año se sucedieron dos brotes en Argentina, que causaron la mortalidad de 59 monos carayá rojo en varios puntos de la provincia de Misiones (Holzmann, 2010). Como confirmación se obtuvo un aislamiento del virus en humanos y en monos (Morales et al., 2008) y el primer aislamiento en mosquitos (Goenaga et al, 2012).

Recientemente, la FA selvática ha re-emergido en los países sudamericanos. En el estado de Paraná (Brasil) en el borde de la provincia de Misiones, un total de 299 casos confirmados en PNHs entre 2019 y 2020 (Secretaria de Estado de Saúde do Paraná, 2020); y en el año 2021, durante la pandemia de COVID-19, se activó la vigilancia epidemiológica en la provincia de Corrientes, debido a las epizootias sucedidas en el

Introducción General

estado de Santa Catarina (Brasil), muy cercanas a la frontera con Argentina (Ministerio de Salud, 2021).

La reemergencia de la FA representa un riesgo no solo para los humanos, sino para algunas especies de PNHs con estados críticos de conservación (Moreno et al., 2015). Todas las especies de PNHs neotropicales son susceptibles al VFA, sin embargo, presentan diferentes grados de susceptibilidad (Ott-Joslin, 1986; de Thoisy et al. 2004). Por ejemplo, la infección en los géneros *Ateles* Geoffroy, 1806 y *Alouatta* Lacepede, 1799 es en su mayoría mortal (Ruch, 1959). En nuestro país se distribuyen dos especies del género *Alouatta*: *A. caraya* (Humboldt, 1812), el mono aullador negro y *A. guariba clamitans* Cabrera, 1940, el mono aullador rojo. Este último se encuentra solamente en la provincia de Misiones y su estado de conservación es crítico, debido a factores externos como desmontes o fragmentación de su hábitat, y por supuesto también debido a las epizootias antes descritas de FA selvática (Holzmann, 2010; Moreno et al., 2015).

El ciclo completo queda plasmado en la Figura 1.

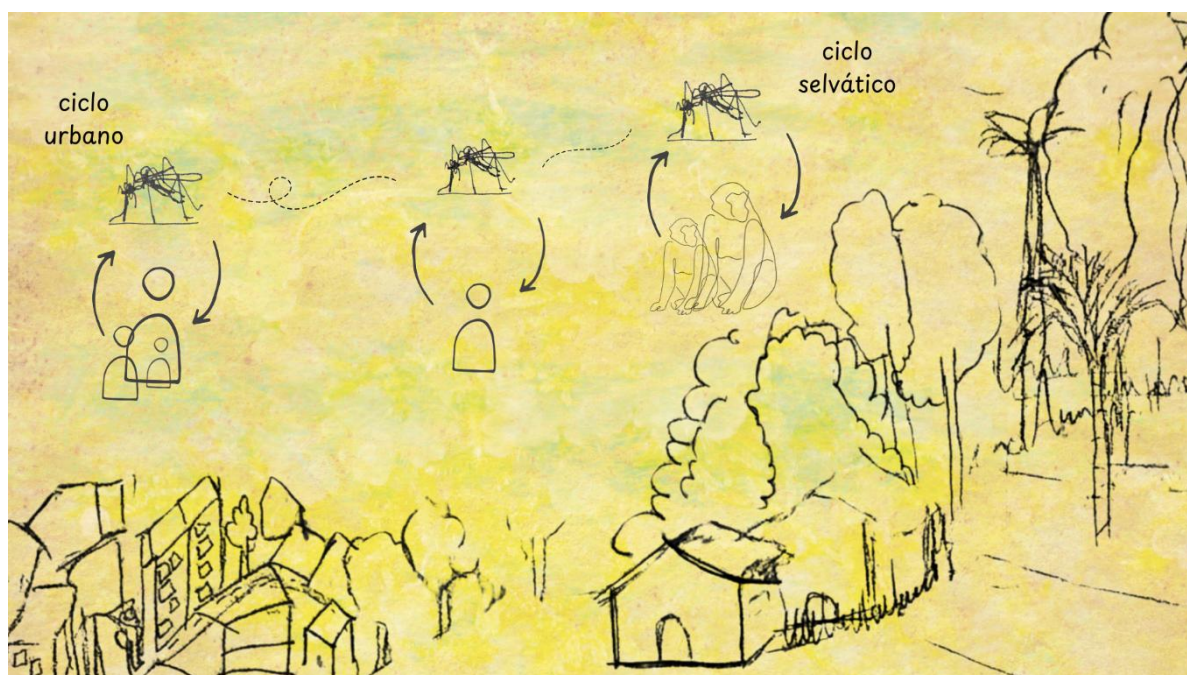


Figura 1. Ciclo completo de la FA en Sudamérica. Figura de elaboración propia.

2.3. Construcción de la hipótesis y predicciones

Con respecto a los mosquitos vectores en Argentina, los trabajos históricos que hablan de FA selvática, describen varias especies encontradas viviendo en simpatria con

Introducción General

los PNHs en los brotes, principalmente *Haemagogus capricornii* Lutz, 1904, *Hg. leucocelaenus* (Dyar & Shannon, 1924), *Sa. chloropterus* (Bejarano, 1979) además de *Hg. janthinomys* Dyar, 1921 (antes descripto como *Hg. capricornii petrocchiaae* Martínez, Carcavallo & Prosen) (Carcavallo y Martínez, 1968). En otros países, este último es el vector principal de la FA selvática (Vasconcelos, 2003). Sin embargo, en Argentina el VFA ha sido aislado sólo una vez en *Sa. albiprivus* Theobald, 1903, y este hecho representa el primer y único aislamiento en mosquitos confirmado en nuestro país (Goenaga et al, 2012).

Estos mosquitos de los géneros *Hg.* y *Sa.*, se desarrollan en huecos de bromeliáceas epífitas, huecos de árboles y troncos de bambú con abundante microfauna y flora, la cual se convierte en fuente de alimento para las larvas (Levi-Castillo, 1951). Estos microhábitats se encuentran en su mayoría en zonas selváticas, particularmente en las ecorregiones de Selva Paranaense y de Yungas (Cabrera, 1973; Burkart et al., 1999; Oyarzabal, 2018). Entre ambas ecorregiones selváticas, se encuentra en Argentina el Chaco Seco y el Chaco Húmedo, ambas pertenecientes al Gran Chaco, la ecorregión sudamericana boscosa más extensa del continente después del Amazonas (WWF, 2021). En el extremo norte de las ecorregiones Chaco Seco y Húmedo (provincias de Chaco y Formosa) corren los ríos Pilcomayo y el interfluvio formado por el río Teuco-Bermejo y el Bermejito, ambos brazos del río Bermejo. Estos cuerpos de agua funcionan como corredores de fauna y flora y como nexos entre ambas ecorregiones de selva, antes mencionadas (Tiddi, 2014). Algunos autores incluso describen esta zona como selva subtropical chaqueña, tal como Frenguelli (1940) quien realiza una clasificación de unidades biogeográficas, previas a clasificaciones como la de Cabrera (1973) o Burkart et al. (1999) (Katinas, 2022). Existen estudios que afirman que existe una conexión histórica entre estas dos ecorregiones, por ejemplo, analizando la distribución de distintas especies de aves a través de técnicas de modelado de nicho, entre otras (Trujillo-Arias, 2017) (Figura 2).

Introducción General

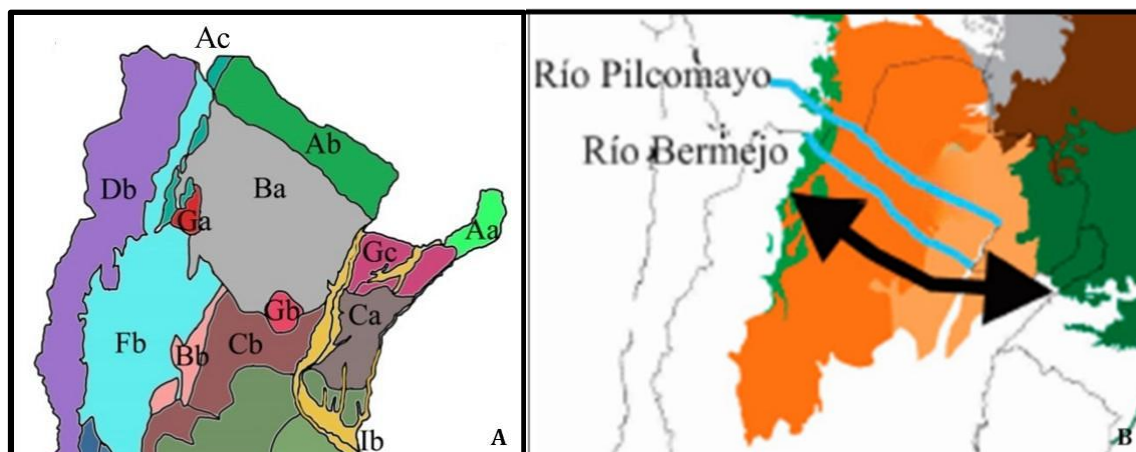


Figura 2. A. Mapa fitogeográfico de Argentina según Joaquín Frenguelli. Aa= selva subtropical misionera; Ab = selva subtropical chaqueña; Ac = selva subtropical serrana; Ba = bosque chaqueño; Bb = bosque serrano; Ca = monte entrerriano; Cb = monte cordobense-santafesino; Db = estepa arbustiva puneña; Fb = bolsones; Ga = parque tucumano; Gb = parque chaqueño; Gc = parque correntino; Ib engranajes, galerías. Extraído de Katinas et al., 2022. **B.** Una de las hipótesis de conexión planteada (indicada con la flecha negra) en la tesis de Trujillo-Arias (2017) entre los Andes Centrales (Yungas), la Selva Atlántica, y el Chaco. Extraído de Trujillo-Arias, 2017.

Con respecto a los vectores de FA selvática, que se mencionaron anteriormente, se tiene información sobre la presencia histórica en las provincias que se incluyen dentro de las ecorregiones selváticas (Yungas y Selva Paranaense). Sin embargo, en la zona media del Chaco, solamente hay registros de *Hg. spegazzinii*, una especie ampliamente distribuida en nuestro país y que se clasifica como potencial vector del VFA, aunque no está confirmada su capacidad de transmisión (Bejarano, 1979). Debido a las características ambientales de esta zona intermedia, podría funcionar como corredor biológico de estas especies de mosquitos. En base a la información disponible, colectas de campo y modelados, se plantea como hipótesis de esta tesis que la distribución geográfica de las especies de mosquitos selváticos sindicadas como vectores confirmados o potenciales del VFA es continua entre el NOA y el NEA, particularmente entre las ecorregiones denominadas como selva.

Se espera entonces:

- 1) Relevar mediante reportes bibliográficos y colectas de campo la presencia de una o más especies potenciales o confirmadas vectores de FA.
- 2) Con la información obtenida en el primer punto, corroborar si en la zona intermedia entre la Selva Paranaense y las Yungas se encuentran estos vectores o si es apta para la presencia de estos vectores a través de técnicas de modelado de nicho.

Introducción General

2.4. Objetivos generales y específicos

Los objetivos generales de esta tesis son obtener las distribuciones geográficas de las diferentes especies de culícidos vectores potenciales del VFA selvática mediante la conformación de una base de datos de presencias en Argentina y predecir sus distribuciones mediante la aplicación de técnicas de Modelado de Distribución de Especies (MDE). Se estima que las distribuciones de los potenciales vectores de FA ayudarán, en el largo plazo, a obtener mapas de riesgo, que serán útiles para orientar intervenciones de prevención y control de dicha enfermedad.

Objetivos específicos: 1) recopilación de datos de presencias y colecta de las diferentes especies de culícidos vectores potenciales del VFA selvática en Argentina; 2) categorización de especies de Argentina de acuerdo a su importancia como vectores en el ciclo selvático de transmisión del VFA; 3) obtención de las distribuciones geográficas potenciales mediante la técnica de Modelado de Distribución de Especies utilizando como insumo los datos de presencia del punto 1 y la categorización del punto 2.

En el primer capítulo se presentará la distribución geográfica de los géneros vectores más importantes de FA en Argentina, incluyendo los datos que han sido colectados en el desarrollo de esta tesis. En el segundo capítulo se establecerá una exhaustiva categorización de las especies en cuanto a su importancia como vectores del VFA en el ciclo selvático. En el tercer capítulo se llevará a cabo un modelado de distribución de aquellas especies que obtengan el puntaje más alto en la categorización realizada, por su potencial para la predicción de brotes y para determinar zonas de riesgo de la enfermedad.

Capítulo I

3. Capítulo I. Distribución geográfica de los géneros *Haemagogus* y *Sabethes* en Argentina

3.1. Introducción

El primer informe completo sobre la distribución geográfica en nuestro país de las especies relacionadas a la FA selvática fue publicado por Carcavallo y Martínez en el año 1968. Este trabajo presenta mapas de distribución para Argentina y menciona las provincias donde se encontraron las especies de los culícidos consideradas vectores potenciales según el criterio que se informa en la Tabla 1 (Figura 3).

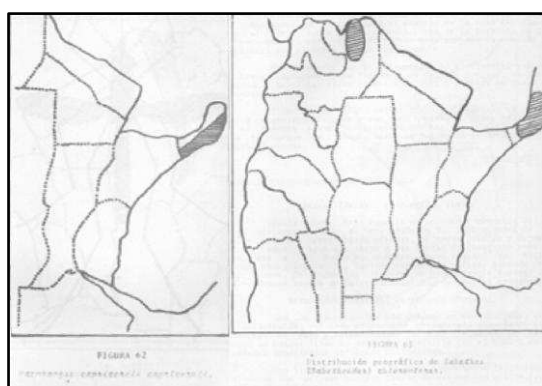


Figura 3. Fragmento de Carcavallo & Martínez (1968) en el que se presentan los mapas de distribución de *Hg. capricornii* (ex *Hg. capricornii capricornii*) y de *Sa. (Sabethoides) chloropterus* (de izq. a der.)

En este trabajo, los autores realizan mapas de distribución de aquellas especies que se encuentran clasificadas como 1) transmisoras confirmadas del VFA, 2) probables transmisoras en la naturaleza o 3) sospechosas de almacenar el virus sin pruebas de transmitirlo (Tabla 1).

Tabla 1. Fragmento de tabla sobre mosquitos vectores y potenciales vectores en Carcavallo & Martínez, 1968. Las especies de importancia en esta tesis fueron resaltadas en color amarillo.

1) Mosquitos comprobadamente transmisores
<i>Haemagogus (Stegoconops) capricornii capricornii</i> (Lutz)
<i>Haemagogus (Stegoconops) capricornii petrocchiae</i> (Martínez, Carcavallo y Prosen)
<i>Aedes (Finlaya) leucocaelenus leucocaelenus</i> (Dyar y Shannon)
<i>Sabethes (Sabethoides) chloropterus</i> (Humboldt)
2) Probables transmisores en la naturaleza
<i>Aedes (Finlaya) fluviatilis</i> (Lutz)
<i>Aedes (Ochlerotatus) scapularis</i> (Rondani)
<i>Aedes (Ochlerotatus) serratus</i> (Theobald)

Capítulo I

<i>Trichoprosopon (Runchomyia) frontosum</i> (Theobald)
3) Sospechosas de almacenar el virus pero no de transmitirlo
<i>Culex (Culex) pipiens quinquefasciatus</i> (Say)
<i>Psorophora (Janthinosoma) ferox</i> (Humboldt)
<i>Psorophora (Grabhamia) cinclata</i> (Fabricius)
<i>Aedes (Finlaya) terreus</i> (Walker)
<i>Haemagogus (Stegoconops) spegazzinii</i> (Brèthes)
<i>Mansonia (Mansonia) titillans</i> (Walker)
<i>Coquillettidia (Rhynchoaenia) albicosta</i> (Peryassú)
<i>Coquillettidia (Rhynchoaenia) chrysonota</i> (Peryassú)
<i>Coquillettidia (Rhynchoaenia) justamansonia</i> (Chagas)
<i>Coquillettidia (Rhynchoaenia) venezuelensis</i> (Theobald)

Muchas de las especies mencionadas en la tabla han cambiado de género, subgénero, o epíteto específico. Es por ejemplo el caso de *Aedes (Finlaya) leucocaelenus leucocaelenus*, la cual hoy se trata como *Hg. (Conopostegus) leucocelaenus* (Darsie, 1985).

Este material sigue siendo útil porque presenta información sobre la presencia de las especies y se considera un trabajo pionero en la temática en Argentina. También realizaron otros informes, de años cercanos, sobre el paludismo y Chagas, inaugurando en Argentina este tipo de estudios epidemiológico-geográficos. Sin embargo, ha habido muchos cambios en la taxonomía, así como también cambios en la distribución que necesitan ser actualizados. Además, esta publicación histórica no contiene información sobre la georreferenciación de los puntos (o los polígonos), la metodología que fue utilizada para generar los mapas, la escala en la que está representada la distribución, y por supuesto tampoco existe una base de datos asociada a estos mapas. Otro elemento que se puede señalar es que estos mapas refieren principalmente a las fronteras políticas administrativas (provincias o departamentos e incluso el país entero).

Existen otros (Duret, Castro y Bresanello, entre otros) que presentan listados de especies en los que se encuentran registros de estos dos géneros. Muchos de estos listados son los primeros estudios en la temática, y tienen un gran valor histórico, ya que describen campañas completas en las que quienes investigaban, realizaban viajes por la mayoría de las provincias del norte argentino.

Capítulo I

Estos listados se fueron renovando, hasta que Rossi (2015) realizó una actualización sobre la distribución de todas las especies de mosquitos del país, recopilando información de los trabajos publicados hasta ese momento. Sin embargo, al momento de representar la distribución de las especies, nuevamente se refiere a fronteras políticas o administrativas, sin mención de localidades específicas o áreas geográficas.

Por este motivo, esta parte de la tesis se enfoca en la búsqueda de información para determinar la distribución geográfica de las especies pertenecientes a los géneros *Hg.* y *Sa.* presentes en Argentina, debido a su importancia como principales transmisores selváticos del VFA, a nivel sudamericano.

Dos factores principales explican la falta en los datos actuales sobre la distribución geográfica: uno es la ausencia de conocimiento sobre estas especies y otra es que frecuentemente la distribución geográfica es presentada a partir de las divisiones administrativas en vez de utilizar unidades ecológicas, y por lo tanto puede estar muy sesgada. El consenso indica que el uso de datos primarios (indicando el lugar exacto donde se colectaron), es decir, registros de ocurrencia de especies, es mejor que extraerlos de resúmenes de otras publicaciones (Kraemer et al. 2015).

El objetivo general planteado para el Capítulo I es desarrollar un análisis temporal y espacial, detallado y actualizado de datos de ocurrencia de los géneros *Hg.* y *Sa.* para Argentina. Gran parte de la información y análisis de este capítulo fue el insumo para la publicación científica que se adjunta al final de la tesis (Anexo 2; Cano et al., 2021). Dentro de este capítulo se diferencian los datos bibliográficos y los datos de colecta de campo de Chaco Húmedo (ambos publicados) y las colectas de Chaco Seco y las Yungas (realizadas posteriormente a la publicación). De esta manera se continuó actualizando la base de datos hasta junio del 2024.

Capítulo I

3.2. Materiales y Métodos

3.2.1. Construcción de la Base de Datos

Una base de datos es una forma organizada de almacenar información (Kroenke, 2003). Como sucede en una biblioteca, existen clasificadores o etiquetas. En este caso se trata de los campos, que permiten estandarizar la manera en la que se organizan los datos. Por otro lado, ayudan a fragmentar la información de cada registro, lo cual es una ventaja a la hora de realizar descripciones o comparaciones.

En general, en las bases de datos de biodiversidad se utiliza el formato Darwin Core, un estándar internacional para facilitar el intercambio de datos biológicos. Este formato centra su punto de vista en los taxones, de manera tal que cada fila de la base de datos tendrá el nombre de un género, una especie u otros niveles taxonómicos. Incluye un glosario de términos que provee identificadores, niveles y definiciones sobre los campos en los que se puede organizar una base de datos (DarwinCore, 2023, <https://dwc.tdwg.org/>). Posee una normativa o protocolo con recomendaciones para un mejor uso del formato. Por ejemplo, expresa que los campos no deben repetirse, o que deben completarse con información que describe al taxón, entre otras normas. El formato posee categorías (en inglés, “categories”) y campos (“fields”). Las categorías son clasificaciones superiores a los campos, que permiten una mejor organización de los datos.

Antes de comenzar a compilar la información disponible asociada con cada especie de mosquito, se construyó una base de datos preliminar siguiendo el trabajo de Ceccarelli et al. (2018), con las categorías y los campos necesarios para plasmar los datos (Tabla 2). Las categorías de DarwinCore utilizadas para sistematizar la información fueron: 1) Nivel del Registro; 2) Ocurrencia; 3) Entidad Material; 4) Organismo; 5) Evento; 6) Localización; 7) Identificación; 8) Taxón (Figura 4).

Dentro de la categoría 1) Nivel del Registro, se utilizaron los siguientes campos: “type” (Naturaleza o género del recurso); “modified” (Fecha y hora más reciente en la que se cambió el recurso); “language” (Lenguaje del recurso); “institutionCode” (Nombre (o acrónimo) utilizado por la institución que tiene la custodia del objeto o

Capítulo I

información del registro); “collectionCode” (Nombre, acrónimo, código o inicial que identifica la colección o conjunto de datos del que se deriva el registro); “basisOfRecord” (Naturaleza específica del registro).

Con respecto a la categoría 2) Ocurrencia, se incluyeron los campos: “occurrenceID” (Identificador único global persistente para la ocurrencia. Puede ser la combinación de identificadores del registro); “catalogNumber” (Identificador (preferiblemente único) para el registro dentro del conjunto o colección de datos); “recordedBy” (Lista (concatenada y separada) de nombres de personas, grupos u organizaciones responsables del registro original); “individualCount” (Número de individuos); sex (Sexo del individuo); “lifeStages” (Clase de edad o etapa de vida del organismo en el momento en que se registró); “associatedReferences” (Lista (concatenada y separada) de identificadores (publicación, referencia bibliográfica, identificador único global, URI) de literatura asociada con el registro).

Dentro de la categoría 3) Entidad Material, se usaron los campos: “preparations” (Lista (concatenada y separada) de preparaciones y métodos de conservación); “associatedSequences” (Lista concatenada de identificadores (publicación, identificador global único, URI) de información de secuencias genéticas).

De la categoría 4) Organismo, el único campo utilizado fue: “previousIdentifications” (Lista (concatenada y separada) de asignaciones de nombres anteriores).

Con respecto a la categoría 5) Evento, se utilizaron los campos: “year” (Año de cuatro dígitos en el que ocurrió el evento -colecta-); “month” (Mes entero); “day” (Día entero); “habitat” (Categoría o descripción del hábitat); “samplingProtocol” (Nombres, referencias o descripciones de los métodos o protocolos utilizados en la colecta).

Dentro de la categoría 6) Localización, se utilizaron los campos: “higherGeography” (Lista (concatenada y separada) de nombres geográficos menos específica que la información capturada en el término locality -localidad-); “continent” (Nombre del continente); “country” (Nombre del país o unidad administrativa mayor); “countryCode” (Código estándar para el país); “stateProvince” (Nombre de la siguiente región administrativa más pequeña que el país); “municipality” (Nombre completo y no abreviado de la siguiente región administrativa más pequeña que el county -en nuestro

Capítulo I

caso, “stateProvince”, porque no incluimos condado-); “locality” (Descripción específica del lugar); “verbatimLocality” Descripción original textual del lugar; “decimalLatitude” (Latitud geográfica en grados decimales. Los valores positivos están al norte del ecuador y los negativos al sur); “decimalLongitude” Longitud geográfica en grados decimales. Los valores positivos se encuentran al este del meridiano de Greenwich y los negativos, al oeste); “geodeticDatum” (Elipsoide, datum geodésico o sistema de referencia espacial (SRS) en el que se basan las coordenadas geográficas); “coordinateUncertaintyInMeters” (Distancia horizontal (en metros) desde decimalLatitude y decimalLongitude dados que describen el círculo más pequeño que contiene la totalidad del lugar); “verbatimCoordinatesSystem” (Coordenadas espaciales originales textuales); “georeferencedBy” (Lista (concatenada y separada) de nombres de personas, grupos u organizaciones que determinaron la georeferencia); “georeferenceSources” (Lista (concatenada y separada) de mapas, diccionarios geográficos u otros recursos utilizados para georeferenciar).

Dentro de la categoría 7) Identificación, se utilizó el campo: “identifiedBy” (Lista (concatenada y separada) de nombres de personas, grupos u organizaciones que asignaron un taxón al sujeto).

Por último, de la categoría 8) Taxón, se tomaron los campos: “higherClassification” (Lista (concatenada y separada) de nombres de taxones que terminan en el rango inmediatamente superior al taxón del registro); “kingdom” (Nombre científico completo del reino del registro); “phylum” (Nombre científico del phylum del registro); “class” (Nombre científico completo de la clase del registro); “order” (Nombre científico completo del orden del registro); “family” (Nombre científico completo de la familia del registro); “genus” (Nombre científico completo del género del registro); “subgenus” (Nombre científico completo del subgénero del registro); “specificEpithet” (Nombre científico completo del epíteto específico del registro); “scientificName” (Nombre científico completo del registro con información de autoría y fecha si se conoce, y debe ser el nombre en el rango taxonómico de menor nivel que se pueda determinar); “taxonRank” (Rango taxonómico del nombre más específico dado en scientificName); “scientificNameAuthorship” (Información de autoría del taxón).

Capítulo I

Tabla 2. Categorías, campos y ejemplos del contenido de la celda de la base de datos generada en esta tesis. Se incluyen las definiciones de las categorías de DarwinCore.

Categorías-Categories	Campos-Fields	Ejemplo/s de la Base de Datos
1-Nivel del Registro-Record-level: Contiene términos genéricos que pueden aplicarse a cualquier tipo de registro	type	Event
	modified	2021-12-01
	language	es
	institutionCode	CEPAVE.edu.ar
	collectionCode	Culicidae:Fiebreamarilla
	basisOfRecord	HumanObservation
2-Ocurrencia-Occurrence: Existencia de un organismo (según DarwinCore) en un lugar particular en un momento determinado	occurrenceID	CEPAVE.edu.ar:Culicidae:Fiebreamarilla:12
	catalogNumber	12
	recordedBy	Spegazzini
	individualCount	2
	sex	H (hembra); M (macho)
	lifeStages	A (adult); L (Larva); P (Pupa)
	associatedReferences	Barrera Oro, J. G., Gutman Frugone, L. F., García, M., Casal, O. H., Duret, J. P., Bachmann, A., & Vilches, A. M. (1966). Aislamiento de virus de mosquitos capturados en zona epidémica de fiebre amarilla. <i>Ciencia e Investigación</i> , 22(11), 510–514.
3-Entidad Material-Material Entity: Entidad que puede identificarse, existe durante un período de tiempo y consiste total o parcialmente en materia física mientras existe	preparations	DNA extract
	associatedSequences	https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/OP153871.1
4-Organismo-Organism: Individuo o grupo definido de organismos taxonómicamente homogéneos	previousIdentifications	<i>Aedes (Finlaya) leucocelaenus</i>
5-Evento- Event: Acción que ocurre en algún lugar durante tiempo determinado	year	1966
	month	10
	day	26
	habitat	Silvestre
	samplingProtocol	Red entomológica
6-Localización-Location: Una región espacial o un lugar	higherGeography	America Argentina Misiones Veinticinco de Mayo Alba Posse
	continent	América
	country	Argentina
	countryCode	AR
	stateProvince	Misiones
	municipality	Veinticinco de Mayo
	locality	Alba Posse
	verbatimLocality	RN 14 km 320 a 330
decimalLatitude	-27.285796	
decimalLongitude	-54.905284	

Capítulo I

Categorías-Categories	Campos-Fields	Ejemplo/s de la Base de Datos
	geodeticDatum	WGS84
	coordinateUncertaintyInMeters	9
	verbatimCoordinatesSystem	23°42'01.4"S 64°51'58.5"W
	georeferencedBy	Autores del trabajo
	georeferenceSources	Google Earth
7-Identificación- Identification: Determinación taxonómica	identifiedBy	Stein Almirón
8-Taxón-Taxon: Grupo de organismos considerados como una unidad homogénea	higherClassification	Animalia Arthropoda Insecta Diptera Culicidae Haemagogus
	kingdom	Animalia
	phylum	Arthropoda
	class	Insecta
	order	Diptera
	family	Culicidae
	genus	Haemagogus
	subgenus	Conopostegus
	specificEpithet	leucocelaenus
	scientificName	Haemagogus (Haemagogus) spegazzinii Brèthes, 1912
	taxonRank	Especie
scientificNameAutorship	Brèthes, 1912	



Figura 4. Diagrama representativo de las categorías de la base de datos y definición de cada uno según DarwinCore.

Capítulo I

3.2.2. Datos de las colectas

3.2.2.1. Descripción de los sitios de muestreo

Las campañas de muestreo se realizaron entre los años 2019 y 2022, a tres sitios, uno de cada ecorregión de interés: Parque Nacional Río Pilcomayo, en la ecorregión de Chaco Húmedo; Parque Nacional El Impenetrable, en la ecorregión de Chaco Seco; y el Parque Nacional Calilegua, situado en la ecorregión de las Yungas o Selva de Yungas (Figura 5).

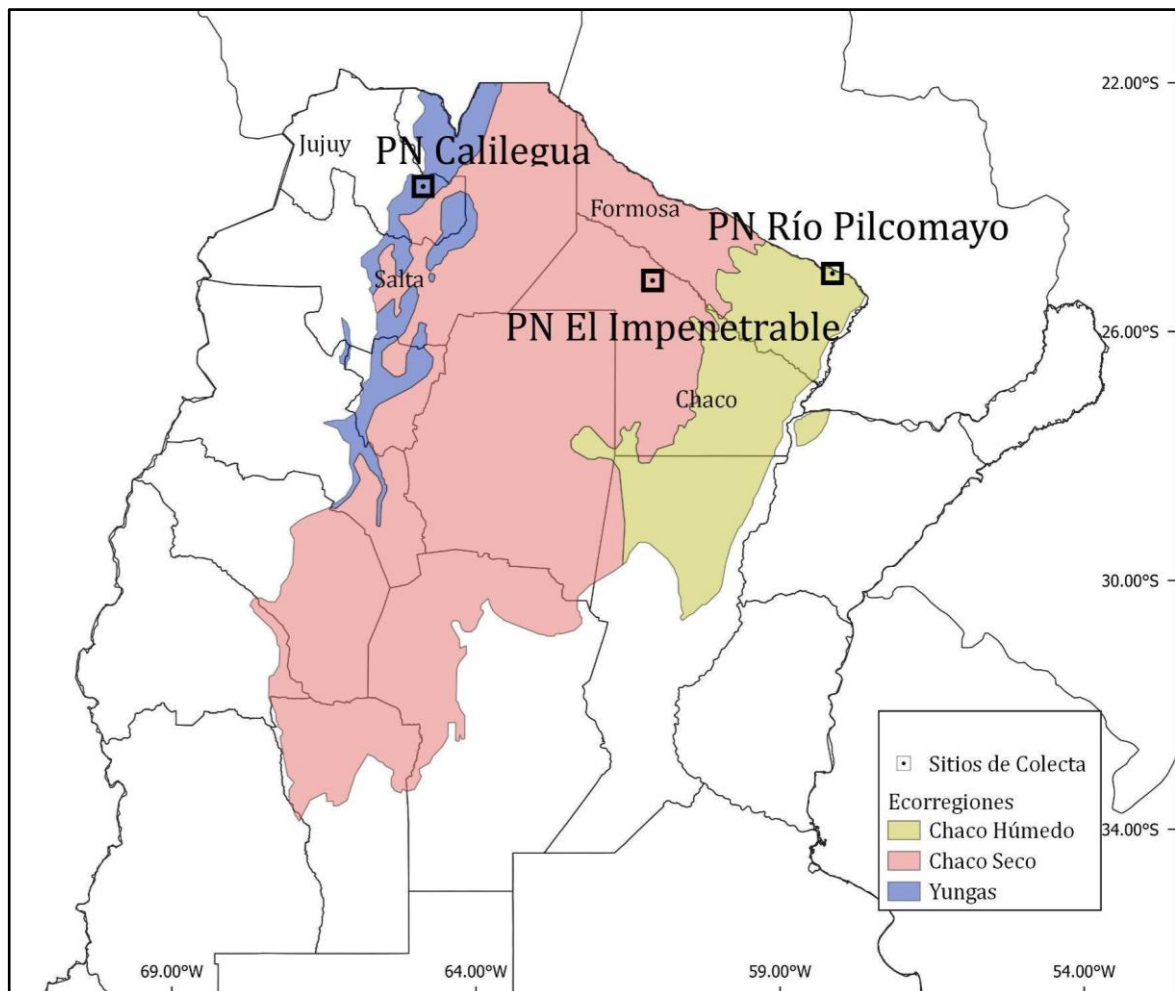


Figura 5. Sitios de colecta ubicados en tres ecorregiones de Argentina (Amarillo: Chaco Húmedo, Rosado: Chaco Seco, Violeta: Yungas) (Fuente: Burkart et al., 1999)

3.2.2.1.1. Chaco Húmedo

Se muestrearon dos sitios en la provincia de Formosa, la Estancia Guaycolec, y el Parque Nacional Pilcomayo (Figura 6).

Capítulo I

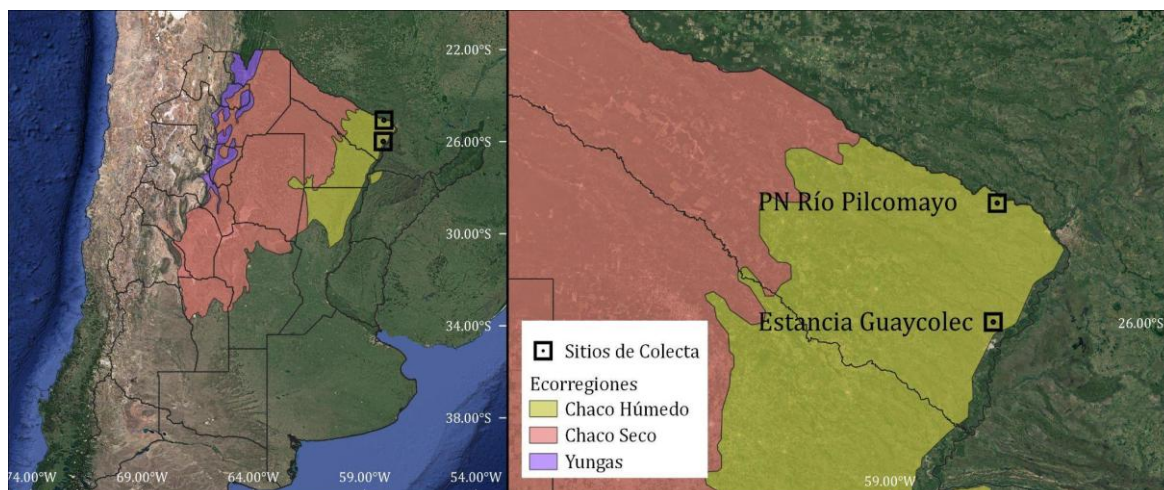


Figura 6. Mapas de Argentina con los sitios de colecta de la ecorregión Chaco Húmedo. Ecorregiones completas (izq). Ampliación sobre los sitios mostrando parte de la provincia de Formosa (der.).

Ambos sitios se encuentran en la provincia fitogeográfica de Chaco Húmedo. Esta presenta un clima cálido subtropical con una temperatura media anual que varía de norte a sur desde 23° hasta cerca de 18° y precipitaciones que varían entre 1300 mm anuales, y disminuyen en el oeste, hasta los 750 mm, acentuadas en verano. Estas precipitaciones provocan desbordes de ríos y otros cursos de agua, que debido a la escasa pendiente y la presencia de los suelos arcillosos causan inundaciones en varias zonas de la ecorregión. A nivel sudamericano, además de Argentina, ocupa parte de Paraguay, Bolivia y Brasil, y se denomina Gran Chaco (incorporando al Chaco Húmedo en esta denominación), la cual entre otras características posee la mayor cobertura de bosques secos de América del Sur (WWF, 2021).

La Estancia Guaycolec se halla a 23 km de la ciudad de Formosa (Dpto. de Formosa) y se caracteriza por la presencia de selva en galería en las márgenes de dos riachos: riacho Pilagá y riacho Guaycolec; además de otros tipos de ambientes tales como esteros, palmares, pastizales inundables, sabanas, bosques xerófilos.

Se realizó un muestreo en el PN Pilcomayo, cercano a Laguna Blanca, ubicada en el departamento Pilcomayo. Este lugar está caracterizado por la presencia de selvas de ribera, isletas de monte, sabanas con palmar y esteros, lagunas y bañados (Sucunza, 2005). La selva de ribera se ve expuesta a periodos de excedentes hídricos superficiales generados por lluvias regionales o crecidas (APN, 2006).

Se tomaron muestras durante tres días en la Estancia Guaycolec, a fines de octubre y durante dos días en PN Río Pilcomayo. Se obtuvieron muestras de un único

Capítulo I

punto de la Estancia Guaycolec y dos en el PN Río Pilcomayo (en la entrada del parque y a 12 km, cerca del río Pilcomayo).

3.2.2.1.2. Chaco Seco

El siguiente muestreo se realizó en el Parque Nacional El Impenetrable, dentro de la ecorregión de Chaco Seco (Figura 7). Esta ecorregión tiene un clima continental cálido-subtropical, en el que la temperatura media anual varía entre 23° en el norte y 18° al sur, al igual que en Chaco Húmedo, sin embargo, las precipitaciones varían de 500 a 700 mm anuales.

El parque se ubica en el interfluvio formado por el río Teuco-Bermejo y el río Bermejito, los cuales trazan el límite entre las provincias de Chaco y Formosa (Figura 7). El río Bermejo nace en Bolivia, en la zona limítrofe con Argentina. Luego, cerca del PN El Impenetrable el cauce se divide en dos brazos, el Teuco-Bermejo y el brazo nuevo o río Bermejito, de menor cauce que el primero. El Bermejo desemboca finalmente en el río Paraguay, en el sur de la provincia de Formosa. El río Teuco posee crecidas periódicas y cuerpos de agua permanentes. Además, sus aguas están cargadas de sedimentos. El PN Impenetrable se compone de 128 mil hectáreas y representa el parque nacional más grande del norte argentino, además de presentar una alta biodiversidad y un bosque nativo bien conservado (Tiddi, 2014).

Capítulo I

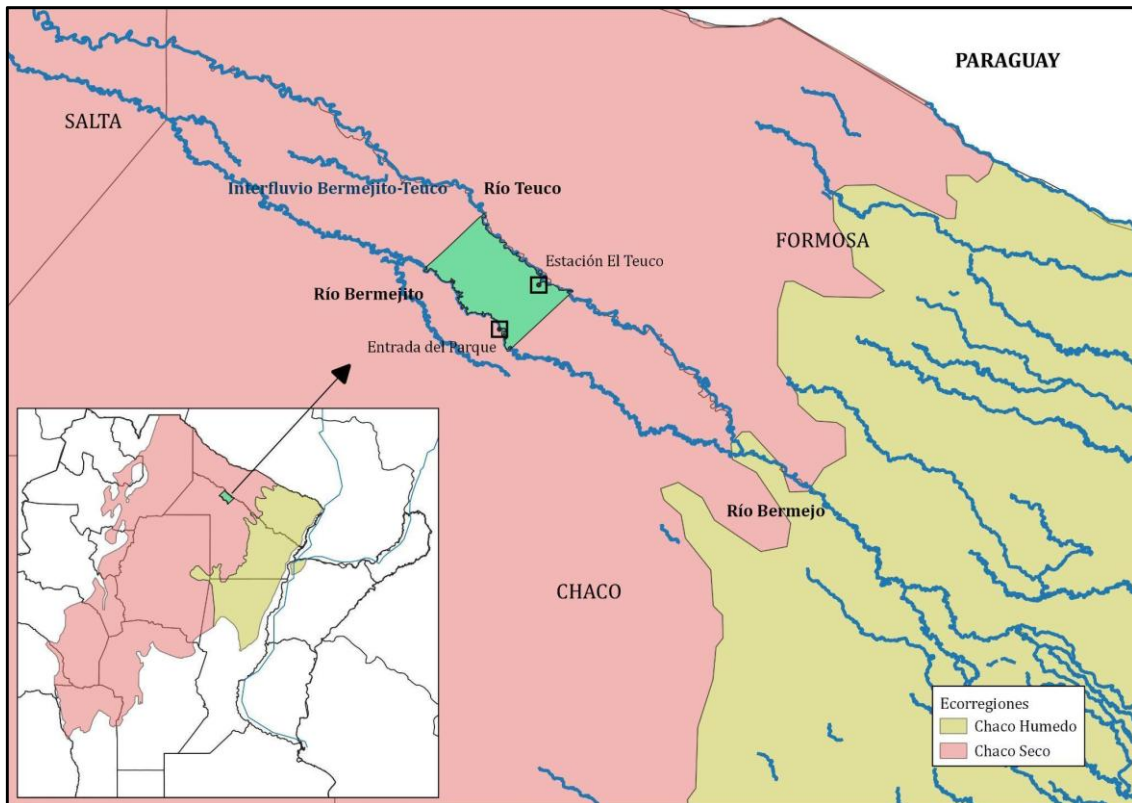


Figura 7. Mapas con el sitio de colecta de la ecorregión Chaco Seco. Ecorregiones completas (izq). Ampliación que muestra parte de la provincia de Chaco y la superficie del parque. Las líneas azules representan los cuerpos de agua (der.).

En este sitio se obtuvieron muestras desde el 20 al 23 de febrero de 2022 con trampas CDC. Durante la campaña, nos hospedamos en la Estación de Campo “El Teuco” (Figura 8), ubicado a orillas de la Laguna El Breal, un cuerpo de agua emplazado en el paleocauce del río Teuco. En este lugar funciona una de las sedes de la Fundación Rewilding Argentina, la cual realiza diversas actividades relacionadas a la conservación, como la reintroducción de especies en peligro de extinción, o directamente extintas.

Capítulo I



Figura 8. De izq. a der.: Colectas diurnas, nocturnas (trampa CDC) e instalaciones del refugio El Teuco (Fundación Rewilding Argentina).

3.2.2.1.3. Yungas

Se realizó un muestreo en el PN Calilegua, ubicado dentro de la ecorregión de Yungas (o Selva de Yungas). Este ambiente se extiende desde Venezuela hasta nuestro país en las provincias de Jujuy, Salta, Tucumán y Catamarca. Presenta un clima cálido húmedo a subhúmedo, y las condiciones se modifican dependiendo de la altitud, latitud, posición en el relieve y exposición de las laderas. Las altitudes varían desde 400 a 3000 msnm y la precipitación anual va de 900 a 1300 mm. Es llamada también “selva nublada”, debido a la condensación que se produce durante los meses más fríos del año, fenómeno que permite compensar la ausencia de lluvias en ese período. El Parque posee 4 tipos de ecosistemas diferenciados: selva pedemontana, selva montana, bosque montano y, en su extremo altitudinal superior, una porción de pastizales de neblina. El ecosistema de selva pedemontana se encuentra entre los 350-500 msnm y es uno de los más amenazados de Argentina por el avance de la frontera agrícola. La selva montana está a 700-1500 msnm donde ocurren los máximos niveles de precipitaciones y en este ambiente es donde se produce la condensación de nubes (nuboselva). Alrededor de los 1500 a 3000 msnm se encuentra el bosque montano (también llamado bosque nublado),

Capítulo I

alternando con manchones de los llamados pastizales de altura, que pueden llegar a los 3500 msnm. Para poder abarcar la mayoría de estos ecosistemas, durante los muestreos diurnos se trabajó en diferentes zonas del parque (Figura 9).



Figura 9. Mapas con los sitios de colecta en la ecorregión Yungas. Ecorregión completa y ampliación que muestra parte de la provincia de Jujuy y la superficie del parque (izq.). Imágenes de sitios de muestreo diurno y trampa CDC para el muestreo nocturno (der.)

El muestreo se realizó a fines del mes de febrero de 2022, en las inmediaciones de la Seccional “Aguas Negras” y el “Sendero Nuestra Selva” (ecosistema de Selva Pedemontana), en la Seccional “Mesada de las Colmenas (Selva Montana) y en el Monolito (bosque montano) (Figura 9).

3.2.2.2. Descripción de las técnicas de captura

Las colectas de mosquitos adultos se realizaron durante el día con redes entomológicas y aspiradores. Durante la noche se utilizaron trampas de luz cebadas con dióxido de carbono (hielo seco), también llamadas trampas CDC. El hielo seco se colocó en envases de telgopor o en jarras térmicas (“termolares”), cercanos a la zona de captura de la trampa. Las trampas se colocaron a 1,5 - 2 metros del suelo, atadas a ramas de árboles o elementos que permitieran ubicar la trampa a esa altura. Se colocaron en las últimas horas de la tarde (7:00 pm) y se retiraron a media noche (0:00 am). Una vez en el laboratorio (o sector del lugar seleccionado para tal fin), se colocaron en un freezer por 2 a 5 minutos para su posterior identificación.

Los adultos colectados se colocaron en tubos “Falcon” rotulados y con un extremo con tela “voile” para permitir la entrada de aire (Figura 10). Los especímenes fueron

Capítulo I

montados en alfileres o almacenados en cajas de Petri o placas de cultivo celular para su identificación (Figura 10).

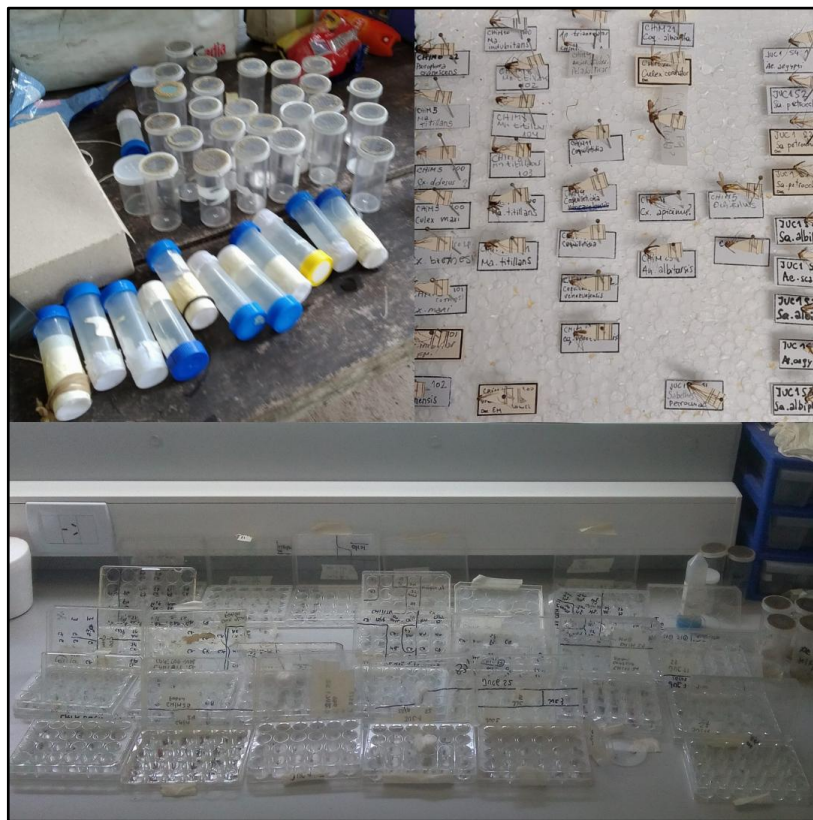


Figura 10. Tubos para el aspirador (arriba izq.), ejemplares montados (arriba der.) y recipientes plásticos para conservar los mosquitos adultos (abajo).

La clasificación sobre la base de la morfología fue realizada siguiendo las descripciones originales, redescrpciones y claves dicotómicas (Theobald, 1903; Neiva, 1908, Lane & Cerqueira, 1942; Lane, 1953; Arnell, 1973; Darsie, 1985; Rossi, 2002).

A todas las campañas asistieron cuatro personas para realizar los muestreos. Una de ellas destinó una jornada completa de cada muestreo para la búsqueda de ejemplares en fitotelmata o cualquier sitio o recipiente que acumule agua, para el muestreo de ejemplares inmaduros (huevos, larvas, pupas). En este caso, se utilizaron pipetas y bandejas para colocar el agua extraída de aquellos ambientes.

3.2.2.3. Identificación molecular

Durante la determinación en base a caracteres morfológicos, 7 ejemplares no pudieron identificarse sin ambigüedad. Se trató de 3 ejemplares de Chaco Seco, 3 de Yungas y 1 de Chaco Húmedo que fueron identificados provisoriamente como *Haemagogus cf. janthinomys*. Para brindar mayor claridad sobre este asunto, se separó

Capítulo I

una pata de cada individuo, para la extracción de ADN y posterior envío del material para su secuenciación. Se trabajó con un kit comercial Puro Genomic DNA Kit de PB-L (Productos Biológicos, Argentina) siguiendo las instrucciones del fabricante.

Para la amplificación de un fragmento del gen mitocondrial Citocromo C Oxidasa subunidad I (COI barcode), se utilizaron los cebadores universales C1-J-1718 y C1-N-2191 (Simon et al., 1994) y se realizó una desnaturalización inicial a 94°C durante 3 min, seguida por 45 ciclos de 30 s a 94°C, 40 s a 47°C y 40 s a 72°C cada uno, con una extensión final de 3 min a 72°C (Ayala et al., 2024).

Los productos de amplificación fueron examinados por electroforesis en un gel de agarosa al 2% y teñidos con Gel Red utilizando un marcador de Peso Molecular de 100 pb. Posteriormente, los amplicones se enviaron a la empresa MacroGen Inc. (Corea), para su purificación y secuenciación.

Una vez obtenidas las secuencias, la limpieza de las mismas se realizó mediante el análisis y la edición de los electroferogramas con el software BioEdit Version 7.2.5 (Hall, 1999). Con las secuencias sentido y antisentido corregidas se generó una secuencia consenso con el software Clustal Omega (Sievers & Higgins, 2018) la cual se utilizó como query para verificar la coincidencia con la región amplificada y el organismo en cuestión. Se trabajó con la base de datos NR (no redundante) del NCBI usando la herramienta BlastN (National Center for Biotechnology Information, Basic Local Alignment Tool) (Altschul et al., 1990), donde el alineamiento se realizó con los parámetros establecidos por default del programa.

3.2.3. Datos bibliográficos

Para construir el set final de datos, se realizó una revisión de información detallada y exhaustiva de los trabajos publicados referentes a la temática. En primer lugar, se revisaron los repositorios públicos disponibles online, tales como: Google Scholar, PLoS, PubMed, Scielo, ScienceDirect, Wiley. Además se utilizó una recopilación de trabajos relacionados con la temática realizada por el taxónomo y profesional de apoyo, Gustavo Rossi, quien además ha sido especialista en mosquitos durante toda su carrera en la institución.

Capítulo I

Se incorporaron a la base también los datos de las colectas de esta tesis y otros ejemplares montados, provenientes del Laboratorio de Culícidos del CEPAVE que se encontraban en el Museo de Ciencias Naturales de La Plata. Todas estas fuentes se utilizaron como insumo para la base de datos final, la cual se caracteriza por ser dinámica, dado que los registros aumentaron a medida que se publicaban nuevos datos de estas especies.

Para describir los datos se tuvieron en cuenta la cantidad de registros por un lado y el número de individuos de cada registro. En aquellos registros que no tenían información sobre número de individuos, se les adjudicó un valor de 1, como número mínimo de presencia de la especie.

En el Anexo 2, como ya se ha mencionado, se encuentra la publicación relacionada con este capítulo. Debido al momento en que fue publicado el trabajo, aún no se habían realizado los viajes de campaña a Chaco y Jujuy, por lo que esta información no se incluyó (los viajes de campaña fueron a principios de 2022 y la publicación fue aceptada en 2020) (Cano et al., 2021a). Lo mismo sucede con los datos subidos a GBIF, los cuales fueron cargados en el año 2021, anteriormente a la realización de las campañas mencionadas (Cano et al., 2021b).

3.2.4. Cálculo de Índices de Diversidad

Para realizar una descripción más detallada de los registros y las especies presentes en la base de datos, se calcularon índices de diversidad. Los mismos se realizaron por ecorregión con la información que presenta la celda "individualCount" de la base de datos, que refiere a cantidad de individuos. Algunos registros no poseían datos sobre cantidad de individuos encontrados, por lo que, para que puedan ser incorporados al cálculo de los índices se los contabilizó como "1".

Se calcularon los siguientes índices:

- **Riqueza específica:** Es igual al número de especies presentes en cada ecorregión.
- **Índice de Margalef (I):** Estima la diversidad específica y se utilizó la fórmula: $I = \frac{s-1}{\ln(N)}$, donde N es el número total de individuos de cada ecorregión.
- **Índice de Diversidad de Shannon (H')**: Este índice mide el grado promedio de incertidumbre en la predicción sobre la especie a la que pertenece un individuo

Capítulo I

seleccionado al azar de un conjunto. Como este índice es una medida de entropía, no es adecuado para hacer comparaciones entre conjuntos (por ejemplo entre ecorregiones) por lo que se utilizó la fórmula exponencial (Alcolado, 1998; Moreno et al., 2011). Se calculó a través de la sumatoria de la abundancia relativa (P_i) de cada especie, multiplicada por el logaritmo natural de esta proporción. La fórmula utilizada es: $H' = -(\sum P_i \cdot \ln P_i)$. La unidad que presenta es nats, y los valores se encuentran entre 0,5 a 5 (valores entre 0,5 a 2 representan una diversidad baja, y entre 3 y 5 representa valores altos de diversidad). A este resultado se le aplicó la fórmula exponencial $D = \exp(H')$, por lo que la unidad se convierte a número efectivo de especies y mide la diversidad que tendría una comunidad integrada por una determinada cantidad de especies igualmente comunes (Jost, 2012).

- **Índice de Simpson (D)**: probabilidad de que dos individuos tomados al azar pertenezcan a la misma especie. Para obtenerlo se calcula en primer lugar el índice de dominancia como la sumatoria de las abundancias relativas al cuadrado $\lambda = \sum P_i^2$. Este índice de dominancia, puede tener valores entre 0 a 1, y los valores cercanos a 1 refieren a ecorregiones con mayor dominancia de una especie. Luego, se puede calcular propiamente el índice de diversidad de Simpson como $D = (1 - \lambda)$ que toma valores entre 0 y s, los valores cercanos a 0 indican valores bajos de diversidad y el valor máximo coincide con el índice de riqueza (s) (Tabla 3).

Tabla 3. Índices de diversidad, fórmulas para calcularlos, unidades e indicación de valores de cada uno.

Índice	Cálculo	Unidad	Escala de valores (de menor a mayor diversidad)	
Riqueza (s)	Nº de especies		0	+
Índice de Margalef (I)	$I = s - 1 / \ln(N)$		0	5
Índice Diversidad Shannon (H')	$H' = -(\sum P_i \cdot \ln P_i)$	nats	0,5	5
Exponencial de Shannon	$\exp(H')$	Nº efectivo de especies	0	+
Índice de dominancia de Simpson	$\lambda = \sum P_i^2$		1	0
Índice Diversidad Simpson	$D = 1 - \lambda$		0	s

3.2.5. Confección de mapas

En primer lugar, cada registro fue asociado con sus coordenadas geográficas (latitud y longitud). Cuando se encontraban disponibles las coordenadas en la

Capítulo I

bibliografía, el sitio nombrado fue usado junto a la información sobre las divisiones administrativas para lograr una ubicación precisa usando los diccionarios geográficos (gazetteers) (Global Gazetteer Fallingrain, versión 2.2, <http://www.fallingrain.com/> y Google Earth, <https://www.google.com.ar/intl/es/earth/>). Esta metodología originalmente fue propuesta por Ceccarelli et al. (2018). Cuando las coordenadas no fueron encontradas o se mencionaba la provincia para indicar la presencia del ejemplar en la publicación, se utilizó el centroide de la provincia para su georreferenciación.

Para generar mapas que incluyan toda esta información, se utilizó el software QGis 3.22- Białowieża (2021) (QGis.org, 2024). Con este software se calcularon los centroides de las provincias cuando fue necesario, a través de la herramienta “calculadora de campos”. Se prestó particular atención a los datos de ocurrencia de la colección. El conjunto de datos final fue construido luego del control de calidad. Con estos insumos, se realizaron mapas representando los datos de ocurrencia de cada especie según las divisiones administrativas (provincias). Se confeccionaron también mapas de los géneros que asocian los registros a las respectivas ecorregiones de Argentina planteadas por Burkart et al. (1999). Se utilizó esta clasificación por su practicidad para diferenciar los distintos ambientes, y por su amplio uso en trabajos científicos (Buzzi et al., 2022; Nanni et al., 2020; Nigro et al., 2020; Torres-Robles et al., 2015; Torres y Jayat, 2010). Los mapas representan todos los registros de ocurrencia, sin diferenciar año de colecta o de publicación, ni cantidad de individuos en cada localidad. Contienen grillas que indican latitud y longitud de la extensión geográfica que ocupan, las referencias de los centroides y las ecorregiones.

3.3. Resultados

3.3.1. Datos de las colectas

3.3.1.1. Chaco Húmedo

En total se colectaron 482 ejemplares, 95 individuos provenientes del muestreo diurno y 387 del muestreo nocturno. Se determinaron 239 individuos de 17 especies y los restantes 243 individuos se pudieron determinar sólo a nivel de género, siendo la mayoría de esos ejemplares pertenecientes al género *Culex*. La especie más abundante

Capítulo I

fue *Anopheles triannulatus*, seguida por *Coquilletidia albicosta* (Peryassú, 1908) y *Cq. nigricans* (Coquillet, 1904) (Tabla 4). Dentro de los géneros *Sa.* y *Hg.* se encontraron *Hg. leucocelaenus* (n=12), y *Sa. albiprivus* (n=9) en el primer sitio y la especie *Hg. spegazzinii* (n=1) en el segundo sitio. (Tabla 4). *Haemagogus spegazzinii* además de determinarse morfológicamente, se confirmó esta determinación a través del análisis del gen COI (Figura 11). Un dato interesante es que en la Estancia Guaycolec se observó la presencia de monos aulladores en las copas de los árboles.

El hallazgo de la especie *Orthopodomyia fascipes* (Coquillet, 1906) representa un nuevo registro para la provincia, ya que no estaba citada para Formosa.

Tabla 4: Mosquitos colectados en el Chaco Húmedo (provincia de Formosa) ordenados de acuerdo a la abundancia por especie. Las especies en amarillo se destacan por pertenecer a los géneros *Hg.* y *Sa.*

Especies	Muestreo Diurno	Muestreo Nocturno	Total por sp
<i>Culex sp.</i>	33	138	171
<i>Anopheles triannulatus</i>	2	57	59
<i>Coquilletidia albicosta</i>		47	47
<i>Coquilletidia sp.</i>		47	47
<i>Coquilletidia nigricans</i>		29	29
<i>Coquilletidia venezuelensis</i>	2	18	20
<i>Psorophora ferox</i>	17	3	20
<i>Uranotaenia sp.</i>		17	17
<i>Mansonia titillans</i>	5	8	13
<i>Haemagogus leucocelaenus</i>	12		12
<i>Mansonia indubitans</i>		8	8
<i>Aedes (Ochlerotatus) sp.</i>	2	5	7
<i>Psorophora discruciens</i>	7		7
<i>Aedes scapularis</i>	3	3	6
<i>Sabethes albiprivus</i>	9		9
<i>Uranotaenia pulcherrima</i>		3	3
<i>Uranotaenia lowii</i>		2	2
<i>Aedeomyia squamipennis</i>	1		1
<i>Aedes fulvus</i>		1	1
<i>Anopheles sp.</i>		1	1
<i>Haemagogus spegazzinii</i>	1		1
<i>Orthopodomyia fascipes</i>	1		1
Total	95	387	482

Capítulo I



Figura 11. Fotografías del ejemplar de la especie *Hg. spegazzinii* determinado morfológica y molecularmente.

3.3.1.2. Chaco Seco

En total se colectaron 7514 ejemplares, pertenecientes a 23 especies, 1887 provenientes del muestreo diurno y 5627 ejemplares del muestreo nocturno (Tabla 5). Dentro del total mencionado hay 376 ejemplares descritos hasta nivel de género. Con respecto al muestreo de estados inmaduros, se encontraron 10 ejemplares de la especie *Hg. spegazzinii* y 2 de una especie indeterminada, en huecos de árboles cercanos a las carpas de la Estación de Campo “El Teuco”. Los demás individuos de *Hg. spegazzinii* se colectaron con red entomológica (en estado adulto) (n=12). La especie *Psorophora cilipes* Fabricius, 1904 es un nuevo registro para la provincia de Chaco (Tabla 5).

Capítulo I

Tabla 5. Mosquitos colectados en el Chaco Seco (provincia de Chaco) ordenados de acuerdo a la abundancia por especie. Las especies en amarillo se destacan por pertenecer a los géneros *Hg.* y *Sa.*

Especie	Muestreo diurno	Muestreo nocturno	Total por sp
<i>Psorophora albigenu</i>	1417	2484	3901
<i>Aedes scapularis</i>	337	2589	2926
<i>Culex</i> sp.		169	169
Sin determinar	21	51	72
<i>Mansonia indubitans</i>	2	65	67
<i>Aedes (Ochlerotatus)</i>	60	2	62
<i>Culex (Culex)</i>		56	56
<i>Psorophora</i> sp.	19	27	46
<i>Aedes fulvus</i>		32	32
<i>Mansonia titillans</i>	1	28	29
<i>Culex coronator</i>		28	28
<i>Psorophora cyanescens</i>	6	20	26
<i>Haemagogus spegazzinii</i>	21	1	22
<i>Mansonia</i> sp.	2	20	22
<i>Anopheles annulipalpis</i>		8	8
<i>Coquillettidia</i> sp.		8	8
<i>Anopheles</i> sp.		6	6
<i>Anopheles triannulatus</i>		5	5
<i>Psorophora ciliata</i>		4	4
<i>Uranotaenia</i> sp.		4	4
<i>Anopheles albitarsis</i>		3	3
<i>Coquillettidia albicosta</i>		2	2
<i>Culex maxi</i>		2	2
<i>Psorophora ferox</i>		2	2
<i>Aedeomyia</i> sp.		1	1
<i>Aedes fulvus pallens</i>		1	1
<i>Aedes serratus</i>	1		1
<i>Aedes</i> sp.		1	1
<i>Anopheles (Nyssorhynchus)</i>		1	1
<i>Coquillettidia venezuelensis</i>		1	1
<i>Culex apicinus</i>		1	1
<i>Culex brethesi?</i> / <i>acharistus?</i>		1	1
<i>Culex interfor</i>		1	1
<i>Culex saltanensis</i>		1	1
<i>Psorophora cilipes</i>		1	1
<i>Uranotaenia lowii</i>		1	1
Total	1887	5627	7514

Capítulo I

3.3.1.3. Yungas

En este sitio se colectaron 247 individuos en total, de los cuales 223 se encontraron durante el día, y 24 durante la noche (Tabla 6). Hubo 231 ejemplares que fueron determinados a nivel de especie y 12 sólo a género. Un total de 6 ejemplares no pudieron ser determinados. Se encontraron un total de 12 especies. La presencia de *Anopheles mediopunctatus* (Lutz, 1903) y *Wyeomyia sabethea* Lane and Cerqueira, 1942 no está citada para la provincia de Jujuy (BiodAr, 2024). En los muestreos nocturnos se obtuvieron muy pocos individuos.

Tabla 6. Mosquitos colectados en la ecorregión Yungas (provincia de Jujuy) ordenados de acuerdo a la abundancia por especie. Las especies en amarillo se destacan por pertenecer a los géneros *Hg.* y *Sa.*

Especie	Muestreo diurno	Muestreo nocturno	Total por sp
<i>Aedes aegypti</i>	14		14
<i>Aedes scapularis</i>	7	11	18
<i>Anopheles (Anopheles)</i>		1	1
<i>Anopheles mediopunctatus?</i>		1	1
<i>Culex quinquefasciatus</i>		1	1
<i>Culex sp.</i>	2		2
<i>Haemagogus janthinomys</i>	108	3	111
<i>Haemagogus leucocelaenus</i>	20	2	22
<i>Haemagogus sp.</i>	6		6
<i>Haemagogus spegazzini</i>	11		11
<i>Mansonia titillans</i>		1	1
<i>Psorophora albigena</i>		1	1
<i>Psorophora sp.</i>		1	1
<i>Sabethes albiprivus</i>	11	1	12
<i>Sabethes petrocchiae</i>	20		20
<i>Sabethes sp.</i>	2		2
Sin determinar	5	1	6
<i>Wyeomyia sabethea?</i>	17		17
Total	223	24	247

Dos de los ejemplares que se encuentran recopilados en la Tabla 6 fueron colectados con pipeta en estado de larva de un cantero cercano a la Seccional Aguas Negras.

Capítulo I

3.3.1.4. Identificación molecular

Se obtuvieron 5 secuencias válidas en total, 3 secuencias de *Hg. spegazzinii* (2 de Chaco Seco y 1 de Chaco Húmedo) y 2 secuencias de *Hg. janthinomys* de Yungas cuya longitud osciló entre 420 y 474 pb. Una vez obtenidas fueron cargadas al GenBank con sus correspondientes datos de campo (Tabla 7).

Tabla 7. Especies determinadas molecularmente con su número de voucher, la provincia a la que pertenecen y el número de acceso al GenBank.

Especie	Voucher	Provincia	N° de Acceso GenBank
<i>Hg. spegazzinii</i>	CHIM 20 S3-100	Chaco	OQ511485
<i>Hg. spegazzinii</i>	CHIM 20 S3-101	Chaco	OQ511940
<i>Hg. spegazzinii</i>	FO8-100	Formosa	OQ512001
<i>Hg. janthinomys</i>	JUC 1 S2-100	Jujuy	OQ513994
<i>Hg. janthinomys</i>	JUC 1 S2-101	Jujuy	OQ514059

El árbol de similitud realizado agrupa a las secuencias obtenidas con otras asignadas a la misma especie (Figura 12). Por su parte, el análisis realizado con la herramienta online BlastN evidencia altos porcentajes de identidad entre las secuencias obtenidas y aquellas presentes en la base de datos del GenBank, siendo 97,1- 99,6 el rango en el que oscilan los valores porcentuales de similitud registrados.

En relación a la distribución geográfica, observamos que tanto para *Hg. spegazzinii* como para *Hg. janthinomys* las secuencias más similares genéticamente son provenientes de Brasil (NC057213 y MK575481, respectivamente).

Capítulo I

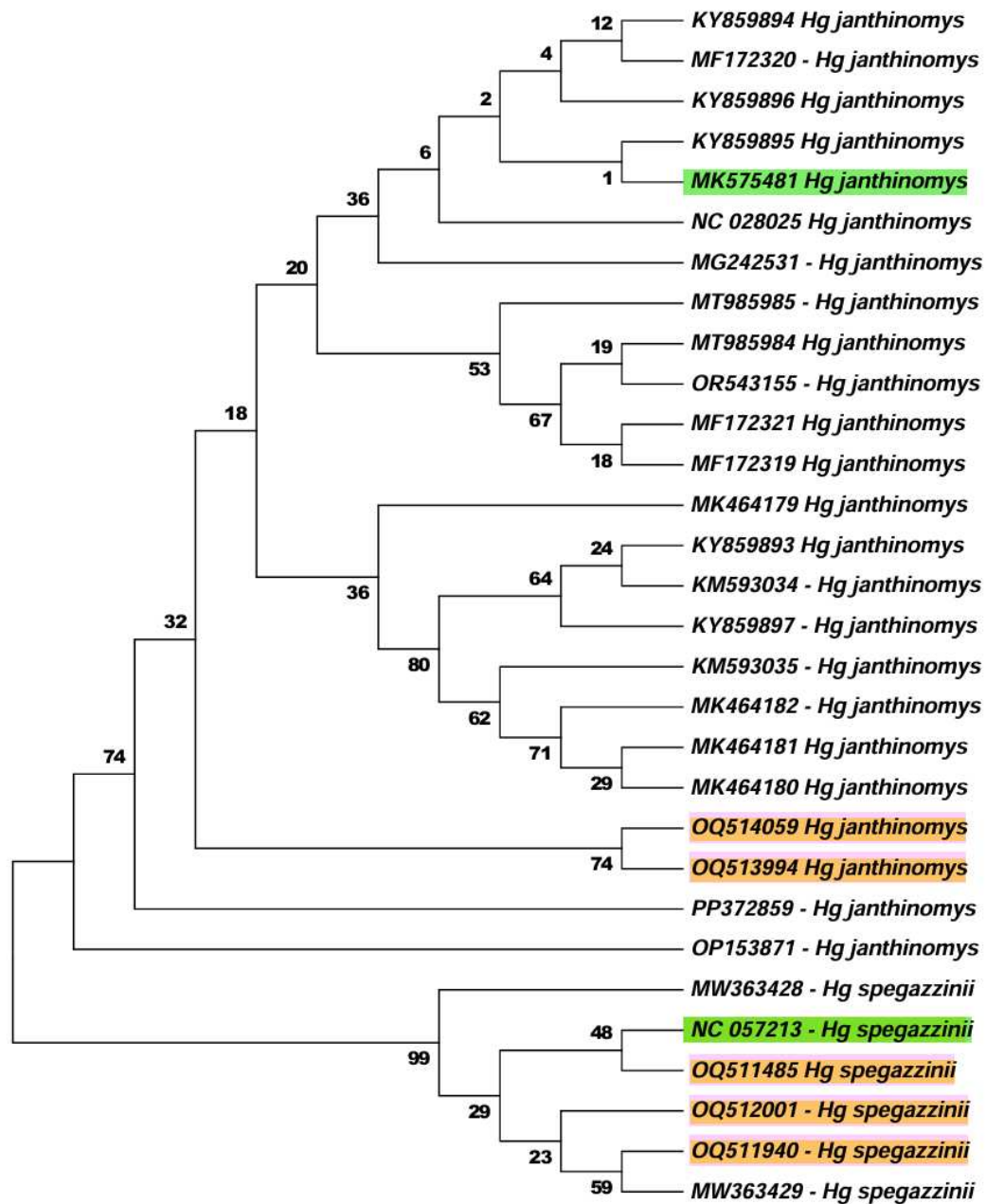


Figura 12. Árbol filogenético realizado al comparar las secuencias obtenidas sobre algunos ejemplares obtenidos en los viajes de campaña a Chaco Seco, Chaco Húmedo y Yungas (resaltados en amarillo). Las secuencias en verde corresponden a las mencionadas para Brasil. Los números que se encuentran en cada rama indican los valores de soporte según la prueba de Bootstrap (indica un valor de porcentaje de 0 a 100, cuanto mayor es el valor, más soporte tiene esa agrupación).

Las secuencias obtenidas y la tabla con los porcentajes de similitud se encuentran adjuntadas en el Anexo 3.

Capítulo I

3.3.2. Datos bibliográficos y de colectas

Con respecto a los datos bibliográficos y de colecta de los géneros *Haemagogus* y *Sabethes*, se cargaron 858 registros totales, con fecha de corte correspondiente al mes de julio de 2024. La mayoría de los registros fueron obtenidos de los repositorios públicos (92%; n=786), mientras que los restantes se obtuvieron a través de colectas propias (8%; n=72) (Figura 13). De los registros de colecta, un 61% (n=44) corresponden a los últimos 3 años de la base (2019-2021-2022).

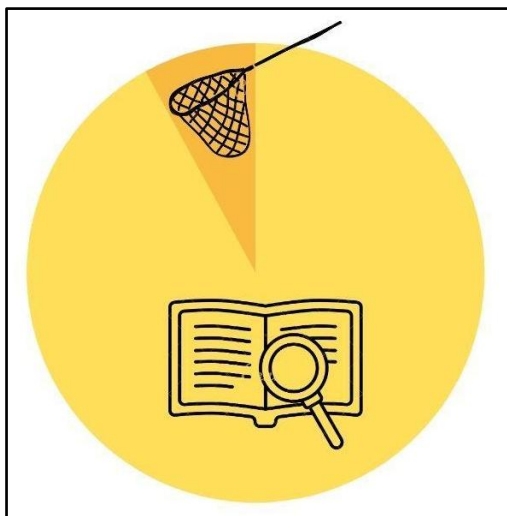


Figura 13. Gráfico de torta representando los datos bibliográficos vs. los datos de las colectas.

El rango de tiempo de la base de datos, según el año de publicación de los reportes se extiende de 1912 a 2024 (n=786). En este conjunto no se encuentran los datos que pertenecen a las colectas propias, ya que no han sido publicados aún. El 71% pertenecen al rango de 1950-1959. En el intervalo de la década de 1980 no se encontraron registros. El 31% (n=268) de los registros no poseía esa información sobre el año de colecta. Los rangos con mayores frecuencias fueron los de 1940-1949 (21%; n=183) y 1950-1959 (14%; n=122) (Figura 14). Hubo 6 registros que no se incluyeron en el análisis porque presentaban intervalos de tiempo que no se ajustaban con los planteados.

Capítulo I



Figura 14. Gráfico de barras que compara el número de registros según el año de colecta y el año de publicación. Arriba a la derecha se especifican los años en los que se registran casos de FA selvática en Argentina.

Teniendo en cuenta la cantidad de registros de todos los culícidos de los géneros *Hg.* y *Sa.* de Argentina (n total=858), el género *Hg.* representó el 63% del total de los datos, con sus 4 especies: *Hg. spegazzinii* (35,4%; n=304); *Hg. leucocelaenus* (21,9%; n=188); *Hg. janthinomys* (2,8%; n=24); *Hg. capricornii* (2,3%; n=20) (Figura 15. A). Por otro lado, el número total de individuos fue de n=2106, y los porcentajes de representación del género *Hg.* fueron: *Hg. spegazzinii* (23,4%; n=492); *Hg. leucocelaenus* (21,2%; n=447); *Hg. janthinomys* (6,5%; n=136); *Hg. capricornii* (0,9%; n=20) (Figura 15. B). En el caso de esta última especie, no hay ningún registro que posea información sobre el número de individuos, por lo que se contaron todos con su número mínimo (1). Hay un registro correspondiente a las colectas (Yungas-PN Calilegua), con 6 individuos que se determinaron sólo a nivel de género.

El género *Sabethes* presentó mayor cantidad de especies por lo que el número total de registros representó el 37,4% del total de registros de la base de datos de culícidos (n=321). *Sa. albiprivus* (10,1%; n=87); *Sa. petrocchia* (Shannon & Del Ponte, 1928) (6,2%; n=53); *Sa. aurescens* (Lutz, 1905) (4,9%; n=42); *Sa. chloropterus* (3,4%; n=29); *Sa. identicus* Dyar & Knab, 1906 (2,6%; n=22); *Sa. undosus* (Coquillett, 1906) (2,4%; n=21); *Sa. belisarioi* Neiva, 1908 (2,2%; n=19); *Sa. intermedius* (Lutz, 1904)

Capítulo I

(2,1%; n=18); *Sa. soperi* Lane & Cerqueira, 1942 (1%; n=9); *Sa. purpureus* (Theobald, 1907) (0,9%; n=8); *Sa. melanonymphe* Dyar, 1924 (0,8%; n=7); *Sa. glaucodaemon* Dyar & Shannon, 1925 (0,5%; n=4) y *Sa. cyaneus* (Fabricius, 1805) (0,1%; n=1). En la figura se muestran los porcentajes de todas las especies, exceptuando a *Sa. soperi*, *Sa. purpureus*, *Sa. melanonymphe*, *Sa. glaucodaemon*, el registro que se determinó a nivel de género *Sa. sp.*, y *Sa. cyaneus*, que fueron agrupadas dentro de la categoría “Otros *Sabethes*”, y poseen un porcentaje menor a 1% (menos de 10 registros) (Figura 15. A).

De la misma manera, si se tienen en cuenta los valores de la columna “individualCount”, los resultados son: *Sa. aurescens* (9,5%, n=200); *Sa. chloropterus* (7,8%, n=164); *Sa. albiprivus* (7,4%, n=155); *Sa. identicus* (6,6%, n=140); *Sa. purpureus* (5,5%, n=115); *Sa. petrocchiaie* (4,4%, n=92); *Sa. undosus* (2,4%, n=51); *Sa. glaucodaemon* (1,2%, n=25); *Sa. intermedius* (1,1%, n=23); *Sa. belisarioi* (1%, n=21); *Sa. soperi* (0,4%, n=9); *Sa. melanonymphe* (0,3%, n=7); *Sabethes sp.* (0,1%, n=2) y *Sa. cyaneus* (0,05%, n=1) (Figura 15. B) (Tabla 8).

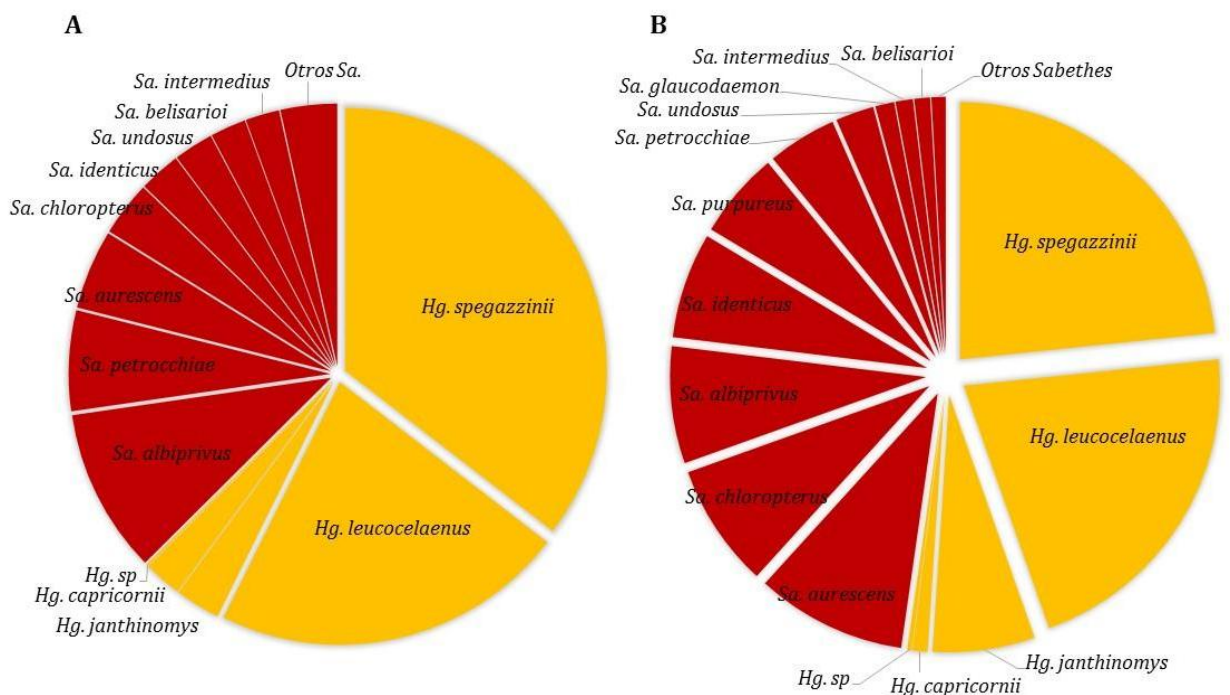


Figura 15. A. Proporción de cada una de las especies teniendo en cuenta la cantidad de registros (izq.). **B.** Proporción de cada una de las especies teniendo en cuenta el número de individuos (der.). (Color amarillo: género *Hg.*; Color rojo: género *Sa.*).

Capítulo I

Tabla 8. Tabla comparativa de las especies teniendo en cuenta la cantidad de registros, o el número de individuos reportado.

Especie	Cantidad de registros	N° de individuos
<i>Hg. spegazzinii</i>	304	492
<i>Hg. leucocelaenus</i>	188	447
<i>Sa. albiprivus</i>	87	155
<i>Sa. petrocchiaie</i>	53	92
<i>Sa. aurescens</i>	42	200
<i>Sa. chloropterus</i>	29	164
<i>Hg. janthinomys</i>	24	136
<i>Sa. identicus</i>	22	140
<i>Sa. undosus</i>	21	51
<i>Hg. capricornii</i>	20	20
<i>Sa. belisarioi</i>	19	21
<i>Sa. intermedius</i>	18	23
<i>Sa. soperi</i>	9	9
<i>Sa. purpureus</i>	8	115
<i>Sa. melanonymphe</i>	7	7
<i>Sa. glaucodaemon</i>	4	25
<i>Hg. sp</i>	1	6
<i>Sa. sp</i>	1	2
<i>Sa. cyaneus</i>	1	1
Total general	858	2106

Regiones administrativas:

En cuanto a la distribución de los registros por regiones administrativas, la región Noreste (NEA: Chaco, Formosa, Corrientes y Misiones) presentó el 69% (n=591) de los registros, seguida por la región del Noroeste (NOA: Catamarca, Jujuy, Salta, Santiago del Estero, Tucumán y La Rioja) con un 26% de registros (n=224), un 4% en el Centro (Córdoba, Santa Fe y La Pampa) (n=38) y sólo un 1% de registros en Cuyo (Mendoza, San Juan y San Luis). Si tenemos en cuenta los géneros, ambos se encuentran representados en un porcentaje mayor en el NEA, *Sabethes* en un 89% y *Haemagogus* en un 56% (Figura 16. A).

Con respecto al número de individuos, también el NEA posee mayor representación con 63,3% (n=1333), seguida por la región NOA con un 34,2% (n=720). Sin embargo, en los diferentes géneros hay pequeñas diferencias. *Haemagogus* posee un 49% de representación en el NOA, y un 47% en el NEA. El género *Sa.* mayoritariamente

Capítulo I

se distribuye en el NEA, pero en menor proporción comparado a lo que sucede con la cantidad de registros (81,1% NEA; 17,9% NOA) (Figura 16. B).

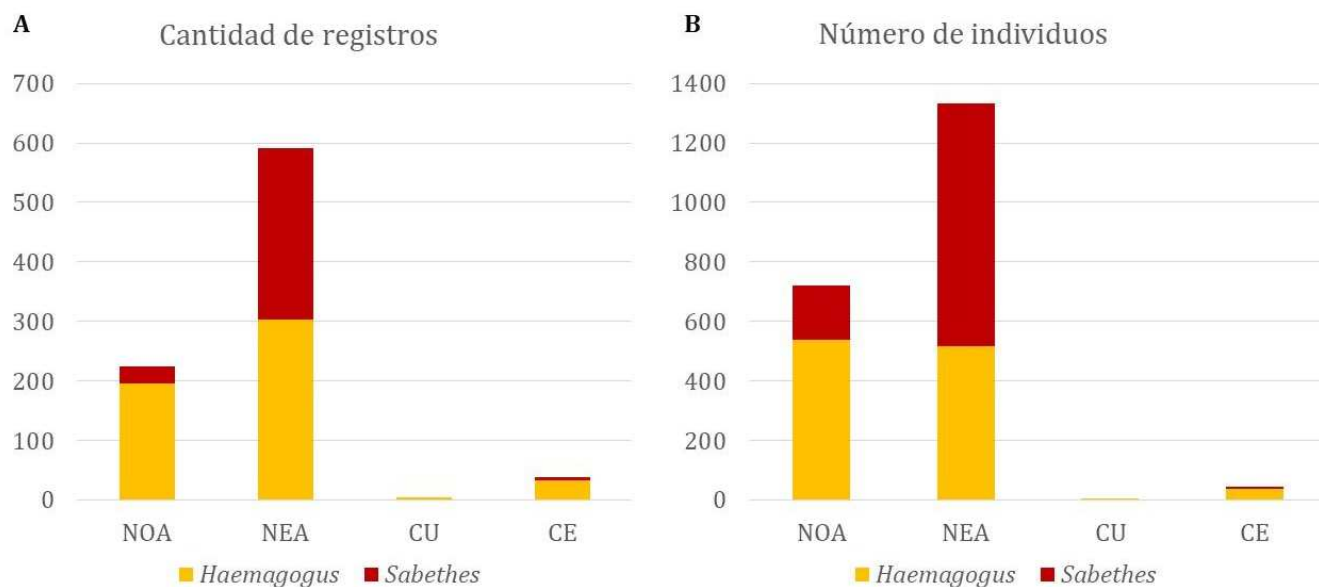


Figura 16. A. Gráfico de barras sobre cantidad de registros por región administrativa (izq.) y **B.** Gráfico de barras que representa el número de individuos por región administrativa (der.). (Color amarillo: género *Haemagogus*; Color rojo: género *Sabethes*).

Si se pone el foco en las especies, con respecto a la cantidad de registros, *Hg. spegazzinii* se encuentra presente en 16 provincias (52,6% en el NEA; 34,9% en el NOA; 10,9% en el Centro y 1,9% en Cuyo). Esta especie es la única reportada para la región de Cuyo, al igual que para las provincias de Córdoba, La Pampa y Santiago del Estero. *Hg. leucocelaenus* se registra en 7 provincias (66% en NEA, y 34% en NOA), *Hg. janthinomys* en 6 provincias (96% NOA y 4% en el NEA) y *Hg. capricornii* solamente en 3 provincias (85% en el NEA y 15% en el NOA). Dentro de las especies del género *Sabethes*, las especies con mayores porcentajes de representación son: *Sa. albiprivus* en 5 provincias (87% en el NEA y 13% en el NOA) y *Sa. petrocchia* también distribuida en 5 provincias (77% en el NEA; 23% en el NOA). Las especies restantes del género *Sa.*, poseen menos de 50 registros y están distribuidas en 3, 2 ó 1 sola provincia (Tabla 9).

Capítulo I

Tabla 9. Listado de especies de acuerdo a la cantidad de registros según la región administrativa (NOA=Noroeste, NEA=Noreste, CU=Cuyo, CE=Centro).

Especie	NOA	NEA	CU	CE	Total
<i>Hg. spegazzinii</i>	106	160	5	33	304
<i>Hg. leucocelaenus</i>	63	125	0	0	188
<i>Hg. janthinomys</i>	23	1	0	0	24
<i>Hg. capricornii</i>	3	17	0	0	20
<i>Hg. sp</i>	1	0	0	0	1
<i>Sa. albiprivus</i>	11	76	0	0	87
<i>Sa. petrocchiae</i>	12	41	0	0	53
<i>Sa. aurescens</i>	0	42	0	0	42
<i>Sa. chloropterus</i>	2	24	0	3	29
<i>Sa. identicus</i>	1	21	0	0	22
<i>Sa. undosus</i>	0	21	0	0	21
<i>Sa. belisarioi</i>	0	19	0	0	19
<i>Sa. intermedius</i>	0	18	0	0	18
<i>Sa. soperi</i>	0	9	0	0	9
<i>Sa. purpureus</i>	1	5	0	2	8
<i>Sa. melanonymphe</i>	0	7	0	0	7
<i>Sa. glaucodaemon</i>	0	4	0	0	4
<i>Sa. cyaneus</i>	0	1	0	0	1
<i>Sa. sp</i>	1	0	0	0	1
Total	224	591	5	38	858

Ahora bien, si se enfocan los resultados en la cantidad de individuos, los porcentajes de representación son diferentes. Las dos especies con mayor número de individuos registrados fueron *Hg. spegazzinii* y *Hg. leucocelaenus*. La primera posee registros en todas las provincias analizadas, 54,5% en la región del NOA; 36,8% en el NEA; 7,3% en el Centro; 1,4% en Cuyo. La segunda se encuentra en 7 provincias y en las regiones de NEA y NOA (71,4% en el NEA y 28,6% en el NOA). En el caso de *Hg. janthinomys*, el 99,3% de los individuos se encuentran en la región del NOA (6 provincias); el 0,7% restante se trata de un individuo colectado en la provincia de Misiones (dato no publicado). Con respecto a la especie *Hg. capricornii*, se encuentra en 3 provincias, con los mismos porcentajes antes mencionados, ya que no se encontraron datos sobre cantidad de individuos, y cada registro se lo tomó como un individuo. Los individuos (n=6) que se determinaron a nivel de género, se encontraron sólo en la provincia de Jujuy. Dentro del género *Sa.*, encontramos a *Sa. aurescens* como la especie más numerosa y se encuentra en dos provincias del NEA (Misiones y Corrientes). La

Capítulo I

siguiente en abundancia es *Sa. chloropterus*, con un 95,1% de registros en el NEA (Misiones y Corrientes) y un 4,9% en el Centro (provincia de Santa Fe). *Sabethes albiprivus* se encuentra en 5 provincias (Misiones, Jujuy, Corrientes, Formosa y Salta, en orden de magnitud), con un 87,7% en el NEA y un 12,3% en el NOA. La siguiente es *Sa. identicus* y se encontró mayoritariamente en 2 provincias de la región NEA: Misiones y Corrientes (99,3%), y en menor proporción en Salta (0,7%). *Sa. purpureus*, también se distribuye en 3 provincias: Misiones, Salta y Santa Fe (NEA: 91,3%, NOA: 7%) y Centro: (1,7%). Los individuos de la especie *Sa. petrocchiae* se encontraron en un 55,4% en el NOA y 44,6% en el NEA. Por último, *Sa. undosus* se encontró en 3 provincias en la región del NEA. Las especies restantes del género *Sabethes*, poseen menos de 50 individuos contabilizados y están distribuidas en 1 ó 2 provincias (Tabla 10).

Tabla 10. Listado de especies de acuerdo al número de individuos según la región administrativa (NOA=Noroeste, NEA=Noreste, CU=Cuyo, CE=Centro).

Especie	NOA	NEA	CU	CE	Total
<i>Hg. spegazzinii</i>	268	181	7	36	492
<i>Hg. leucocelaenus</i>	128	319	0	0	447
<i>Hg. janthinomys</i>	135	1	0	0	136
<i>Hg. capricornii</i>	3	17	0	0	20
<i>Hg. sp</i>	6	0	0	0	6
<i>Sa. aurescens</i>	0	200	0	0	200
<i>Sa. chloropterus</i>	2	154	8	0	164
<i>Sa. albiprivus</i>	19	136	0	0	155
<i>Sa. identicus</i>	1	139	0	0	140
<i>Sa. purpureus</i>	8	105	0	2	115
<i>Sa. petrocchiae</i>	51	41	0	0	92
<i>Sa. undosus</i>	0	51	0	0	51
<i>Sa. glaucodaemon</i>	0	25	0	0	25
<i>Sa. intermedius</i>	0	23	0	0	23
<i>Sa. belisarioi</i>	0	21	0	0	21
<i>Sa. soperi</i>	0	9	0	0	9
<i>Sa. melanonymphe</i>	0	7	0	0	7
<i>Sa. sp</i>	2	0	0	0	2
<i>Sa. cyaneus</i>	0	1	0	0	1
Total	623	1430	15	38	2106

Capítulo I

Ecorregiones:

Los registros se encuentran distribuidos en las 11 ecorregiones que se muestran en el gráfico (Figura 17). Las que poseen más registros son: Selva Paranaense (41,5%, n=356), Chaco Seco (16,8%, n=144), Yungas (16,6%, n=142), Chaco Húmedo (15%, n=129), Campos y Malezales (5,8%, n=50). Las restantes ecorregiones poseen menos de 50 registros.

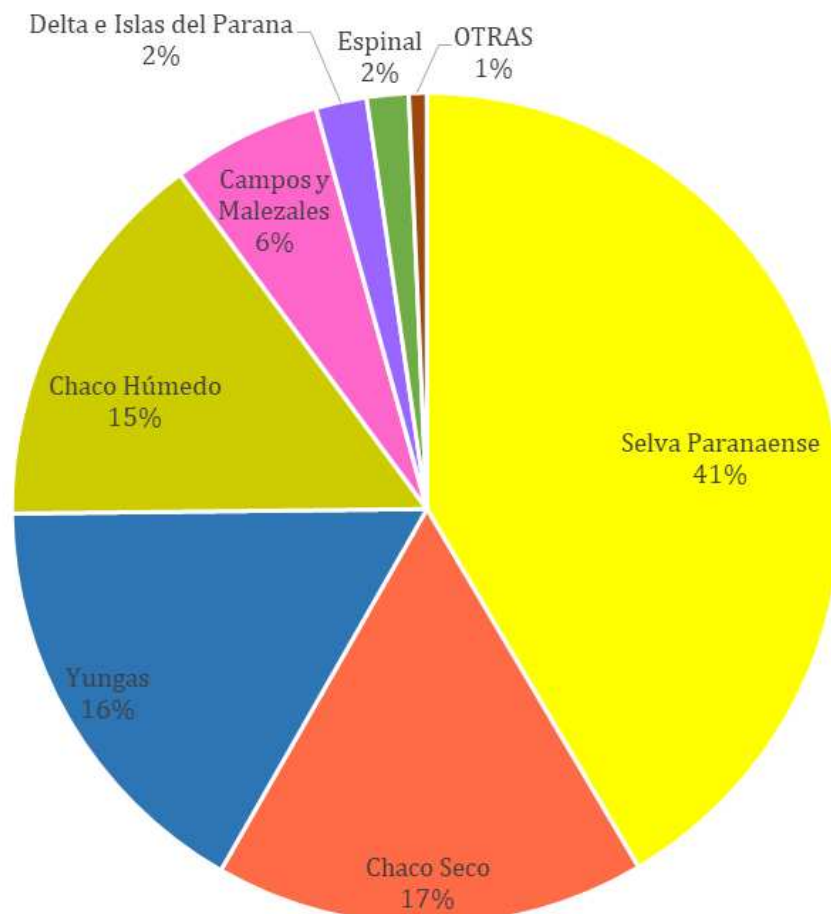
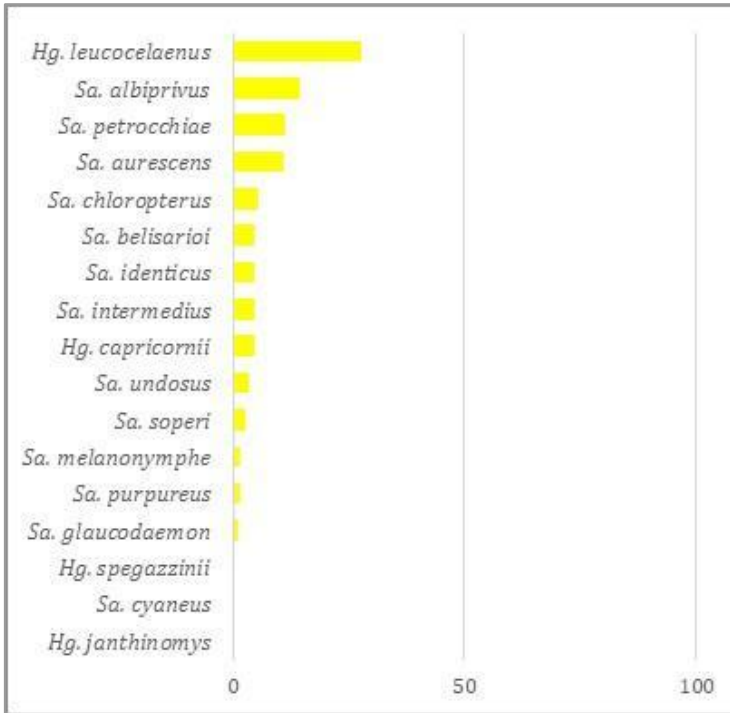


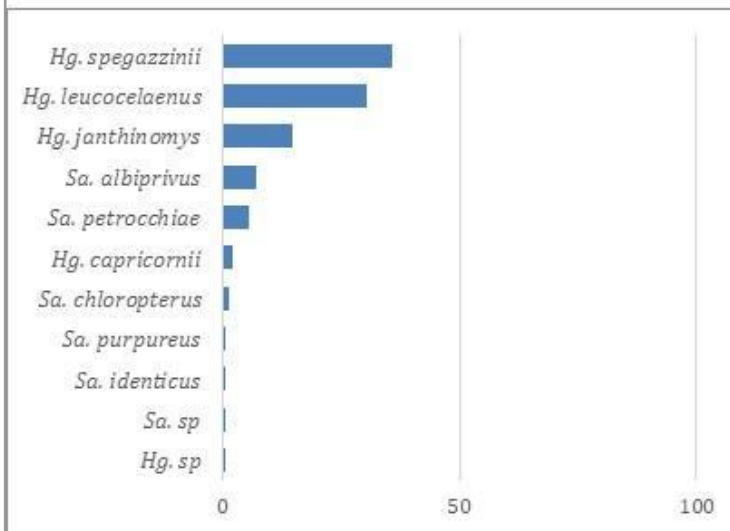
Figura 17. Proporción de cada ecorregión con respecto a la cantidad de registros de Argentina.

La Selva Paranaense es la que presenta la mayor cantidad de especies de ambos géneros, con 13 y 4 especies de *Sabethes* y *Haemagogus*, respectivamente. Le sigue la ecorregión Yungas, con 11 especies. La ecorregión Campos y Malezales presenta una riqueza alta (9 especies), a pesar de su bajo porcentaje de registros. El Chaco Húmedo presenta 8 especies y el Chaco Seco, a pesar de tener una riqueza de 5 especies, presenta un porcentaje de 16,8% de registros distribuidos allí (Figura 18).

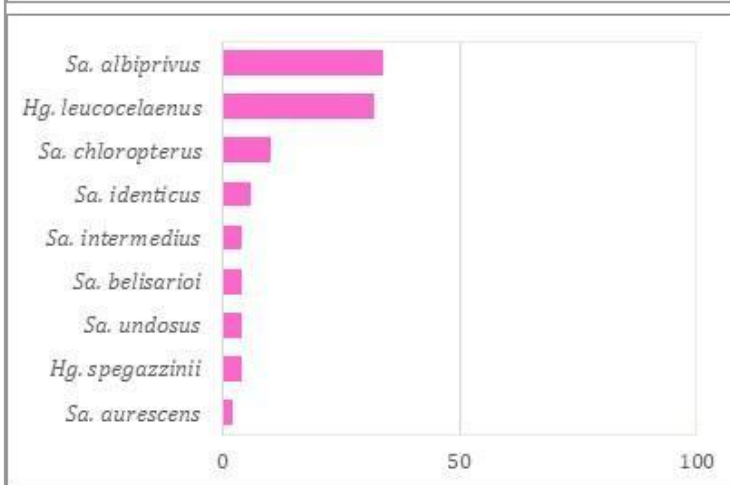
Capítulo I



Selva Paranaense



Yungas



Campos y Malezales



Capítulo I



Figura 18. Cantidad de registros de cada especie, de acuerdo a las 11 ecorregiones representadas. A la derecha de cada gráfico de barras se muestra la ubicación de la ecorregión.

Capítulo I

El género *Hg.* posee registros en todas las ecorregiones aunque son 4 las ecorregiones mayormente representadas: Chaco Seco (25,7%, n=138); Yungas (22,2%, n=119); Selva Paranaense (22%, n=118) y Chaco Húmedo (21%, n=113). (Figuras 19). El género *Sabethes* en cambio posee un 74,1% de los registros distribuidos en la Selva Paranaense (n=238), un 10% en la ecorregión Campos y Malezales (n=32), un 7,2% en Yungas (n=23) y un 5% en Chaco Húmedo (n=16). Las restantes ecorregiones poseen menos de 10 registros (Figura 19).

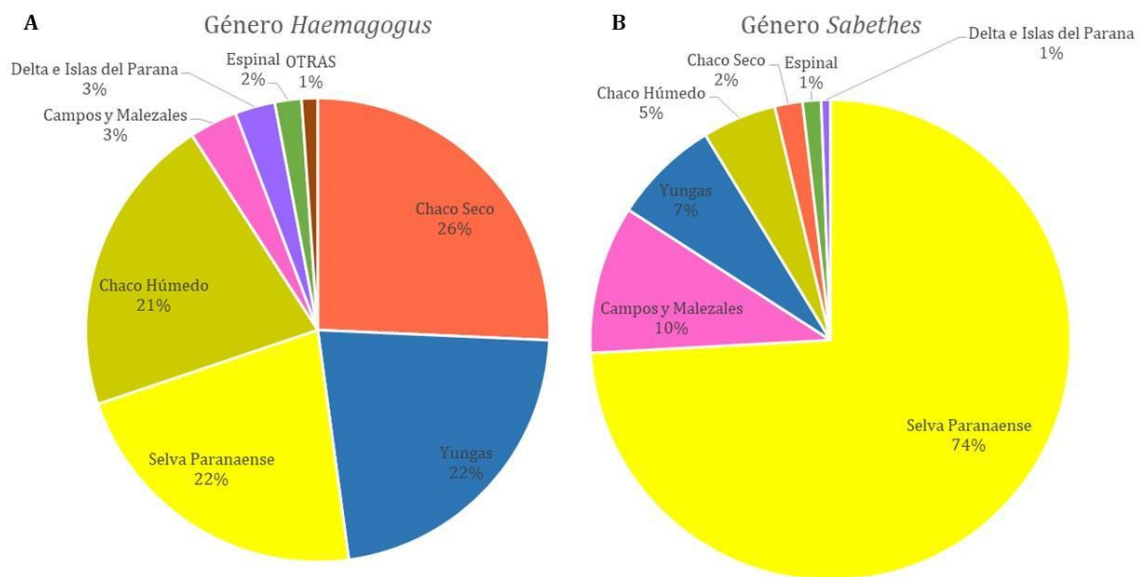


Figura 19. Proporción de registros en cada ecorregión de Argentina de acuerdo al género. **A.** Género *Haemagogus* (izq.) **B.** Género *Sabethes* (der.).

Los registros con información sobre número de organismos se encuentran distribuidos en las ecorregiones que se muestran en el gráfico (Figura 20). Las ecorregiones con más individuos registrados son: Selva Paranaense (40,4%, n=851), Yungas (29,2%, n=615), Chaco Húmedo (11%, n=231), Campos y Malezales (8,7%, n=184), Chaco Seco (8,6%, n=181), Delta e Islas del Paraná (0,9%, n=19) y Espinal (0,8%, n=17). Las restantes ecorregiones poseen menos de 10 individuos.

Capítulo I

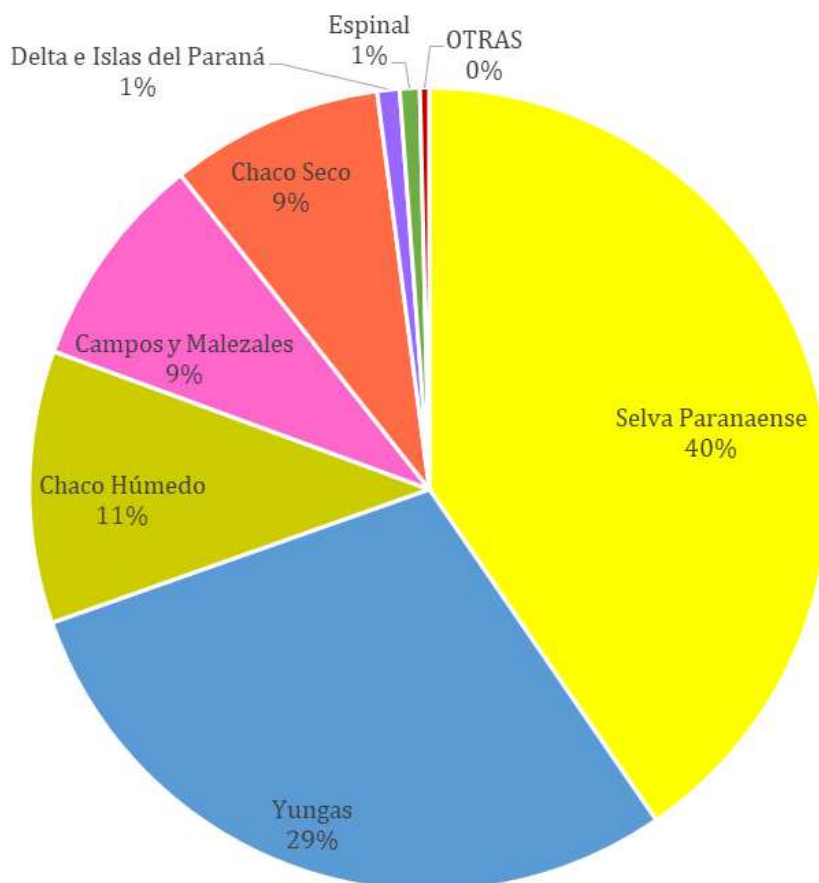


Figura 20. Proporción de ecorregiones de Argentina de acuerdo al número de individuos totales.

Si se tiene en cuenta el número de individuos, la riqueza específica no se modificó, pero se pueden mencionar algunas cuestiones. Las especies *Sa. intermedius*, *Sa. petrocchiaie* y *Hg. capricornii* de la Selva Paranaense no registraron información sobre el número de individuos. En la ecorregión Yungas, las especies sin esta información son *Sa. chloropterus*, *Sa. identicus* y *Hg. capricornii*. En la ecorregión Campos y Malezales, la especie *Hg. spegazzinii* no tiene datos sobre número de individuos. En el Chaco Húmedo, todas poseen la información mencionada, en cambio en el Chaco Seco, la especie *Sa. albiprivus* no registra la cantidad de individuos. En las ecorregiones restantes, las especies que no tienen información son: *Sa. albiprivus*, *Hg. capricornii* y *Hg. leucocelaenus* en el Espinal, *Sa. purpureus* en Delta e Islas del Paraná y *Hg. janthinomys* en Monte de Sierras y Bolsones.

Si observamos el número de individuos de acuerdo al género, vemos que el género *Hg.* contiene un 40% de individuos en Yungas (n=440) y un 26% en la Selva Paranaense (26%). Le sigue Chaco Seco (15,9%, n=175), Chaco Húmedo (11,6%, n=128)

Capítulo I

y Campos y Malezales (3,1%, n=34), Delta e Islas del Paraná (1,5%, n=17) y Espinal (1,2%, n=13). Las restantes ecorregiones se encuentran agrupadas en la categoría “Otras” con 8 individuos (0,7%) (Figura 21. A). El género *Sabethes* en cambio posee un 56,2% de los registros distribuidos en la Selva Paranaense (n=565), un 17,4% en la ecorregión Yungas (n=175), un 14,9% en Campos y Malezales (n=150) y un 10,2% en Chaco Húmedo (n=103). Chaco Seco, Espinal y Delta e islas del Paraná se encuentran agrupadas en la categoría Otras, con un 1,2% de los individuos (n=12) (Figura 21. B).

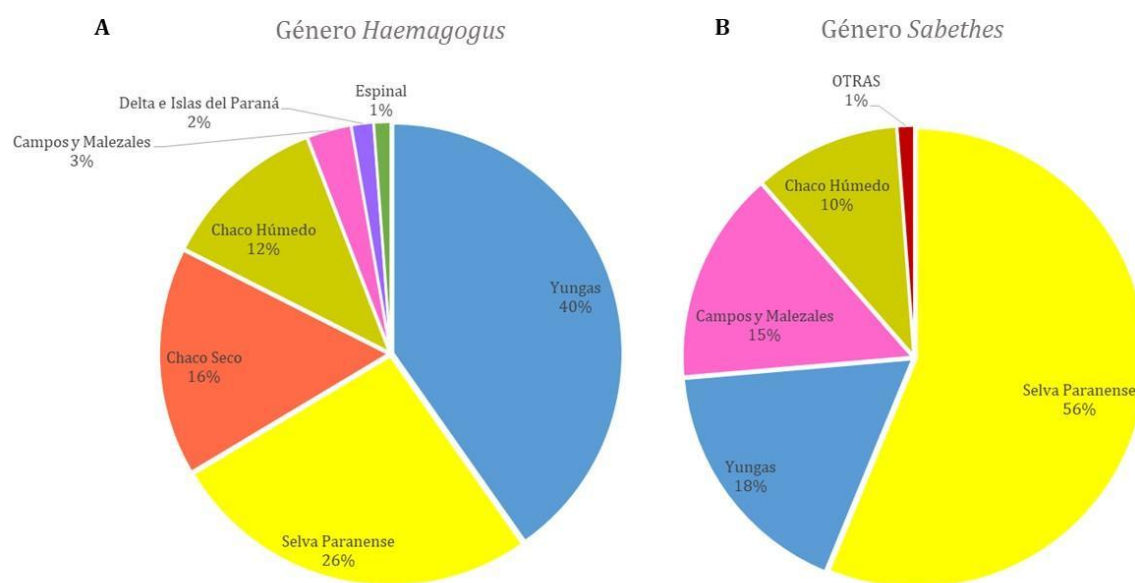


Figura 21. Proporción de individuos en cada ecorregión de Argentina de acuerdo al género. **A.** Género *Haemagogus* (izq.) **B.** Género *Sabethes* (der.).

3.3.3. Cálculo de Índices de Diversidad

Respecto a los índices de diversidad, se muestran los índices, de Margalef, exponencial de Shannon e índice de Simpson (Figura 22). El índice de Margalef se encuentra relacionado con la riqueza de especies, por lo que, en las ecorregiones con mayor número de especies, posee valores mayores (desde 2,37 en la Selva Paranaense, hasta 0,34 en el Delta e Islas del Paraná). Sin embargo, si tenemos en cuenta el Chaco Seco y el Espinal, esta relación es inversa, porque la riqueza de especies de Chaco Seco es mayor a la Espinal, sin embargo, el índice de Margalef que presenta es menor, quizás modificado por la baja cantidad de individuos que presenta el Espinal.

Capítulo I

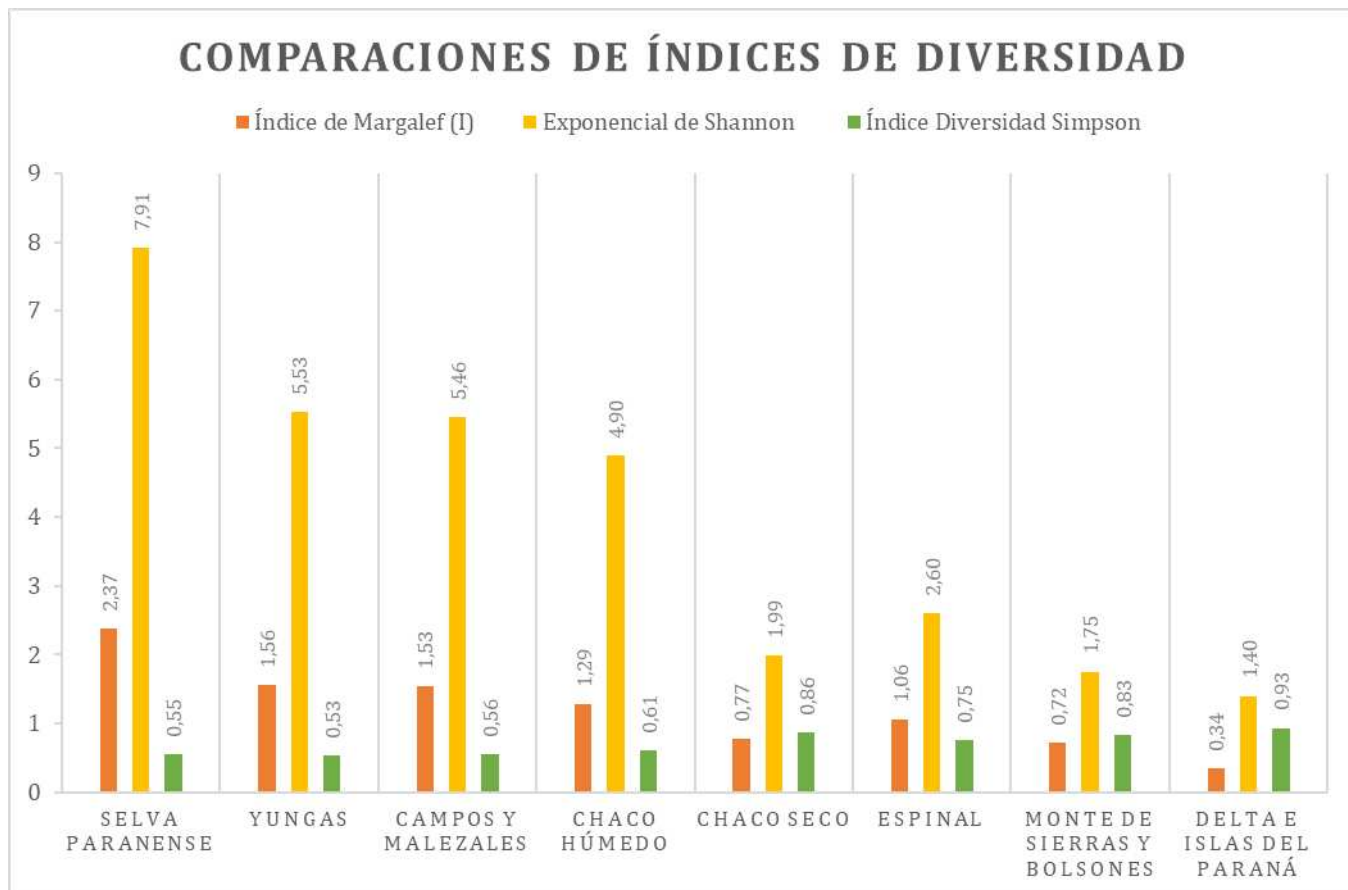


Figura 22. Gráfico de barras que representa tres de los índices de diversidad calculados para cada una de las ecorregiones de Argentina en el eje X. En el eje Y se indican los valores numéricos de los índices.

Si se pone el foco en el índice de Shannon, más específicamente en su transformación exponencial para que nos permita comparar ecorregiones, la Selva Paranaense se presenta como la más diversa, seguida de Yungas, Campos y Malezales y Chaco Húmedo.

Con respecto al índice de Simpson, es un parámetro que permite evidenciar si las ecorregiones poseen una especie dominante o no, por lo que valores altos del índice (cerca de 1), indican valores bajos de diversidad. En este caso, la figura muestra cómo el índice crece desde las ecorregiones más diversas a las que presentan una especie más dominante, que en general está dada por la cantidad de individuos que registra *Hg. spegazzinii*. Las demás ecorregiones sólo presentaron individuos de una sola especie, por lo que no se calcularon los índices de diversidad.

Cabe destacar que en todos los análisis realizados se tuvieron en cuenta también los datos que poseen la georreferenciación de los centroides de las provincias. En la

Capítulo I

siguiente sección (Mapas) estos puntos (n total=8 registros; 8 individuos en total) serán diferenciados gráficamente para poder visualizarlos.

3.3.4. Confección de mapas

A continuación, se presentan los mapas realizados sobre los registros de ocurrencia de cada una de las especies analizadas, según las divisiones administrativas del país (Figura 23, 24 y 25). Se muestra también la distribución de los géneros según su ecorregión (Figura 26).

Capítulo I

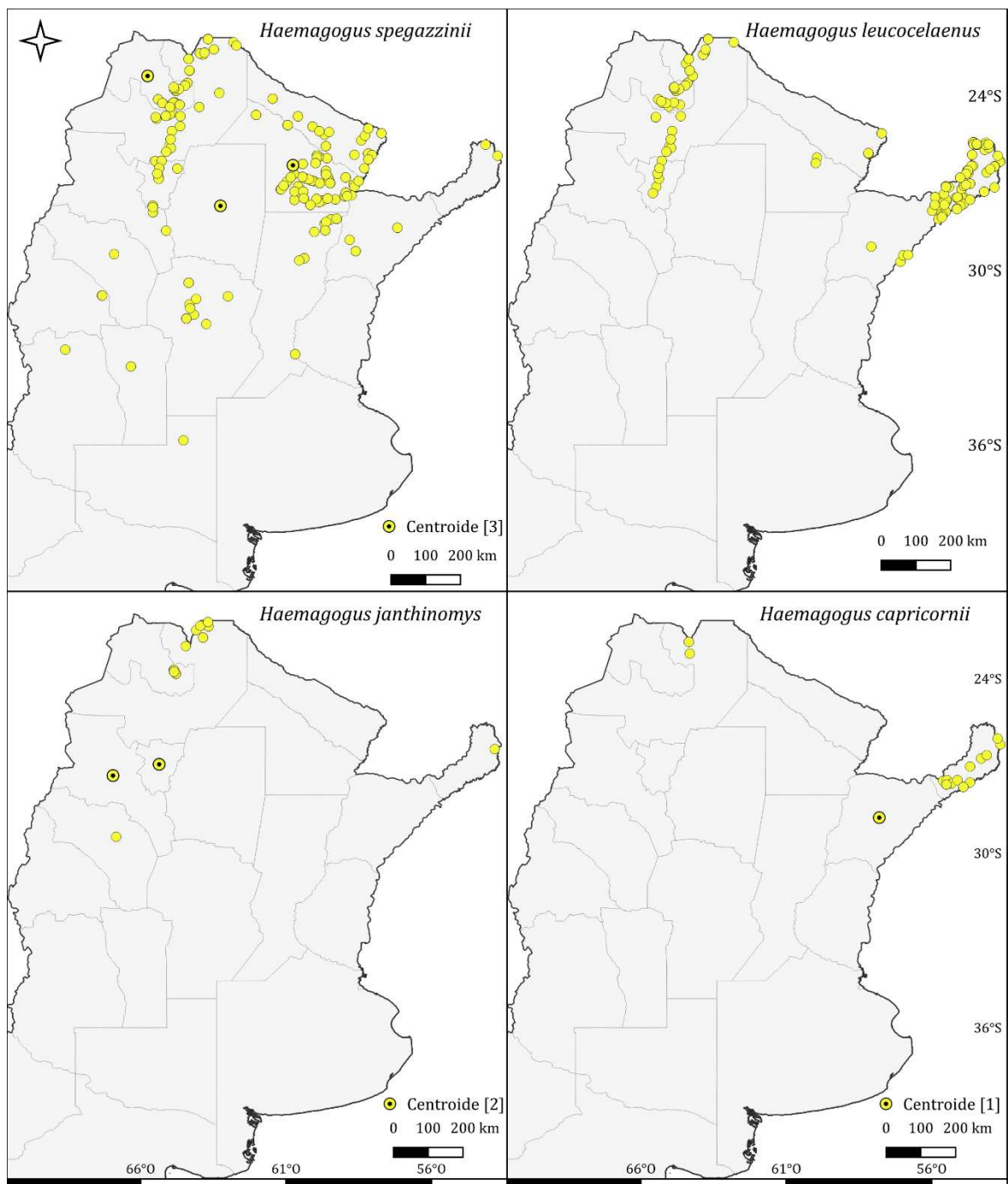


Figura 23. Mapa de distribución de las 4 especies de *Haemagogus*, según las divisiones administrativas.

Capítulo I

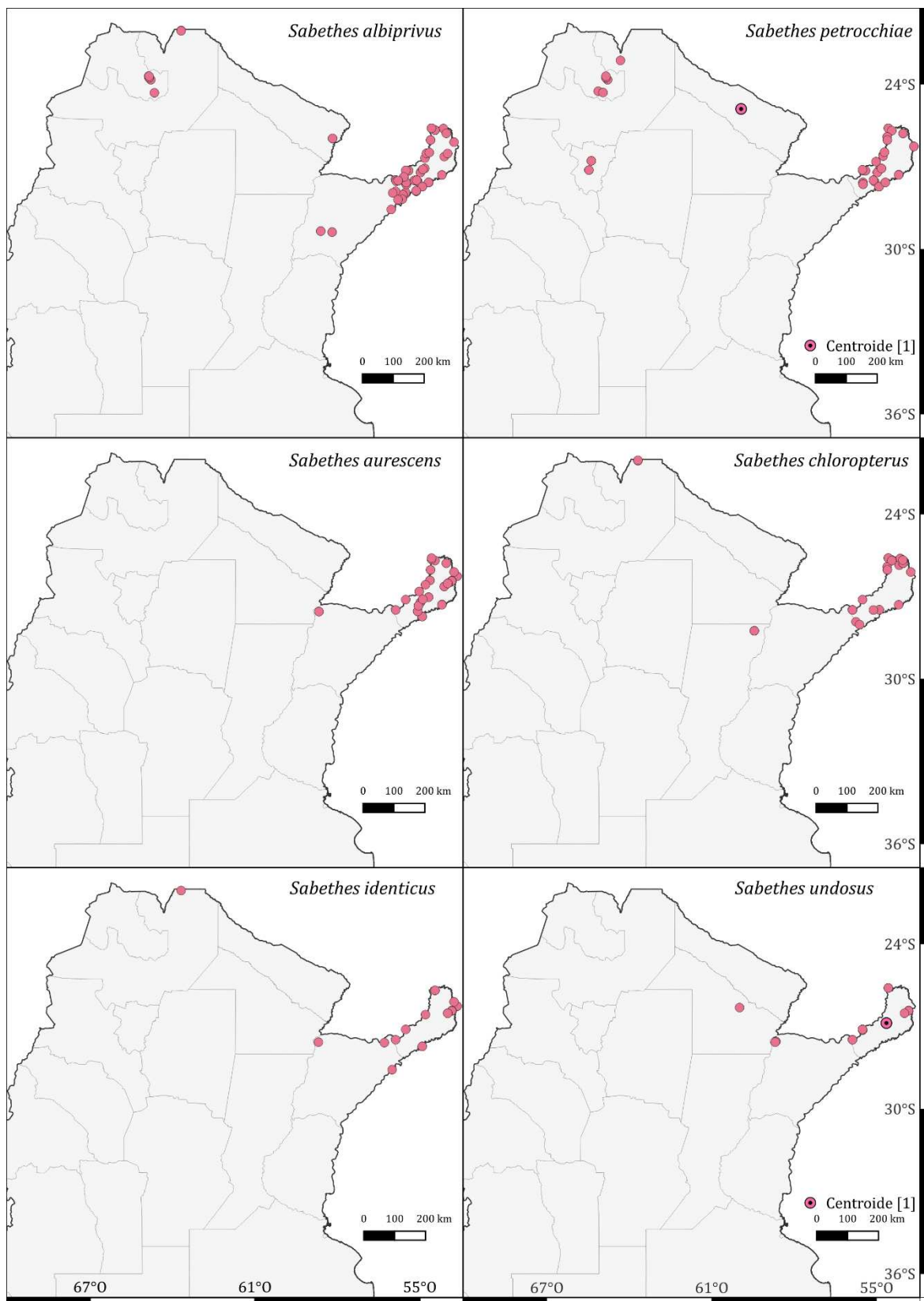


Figura 24. Mapas de distribución de 6 especies de *Sabethes*, según las divisiones administrativas de Argentina.

Capítulo I

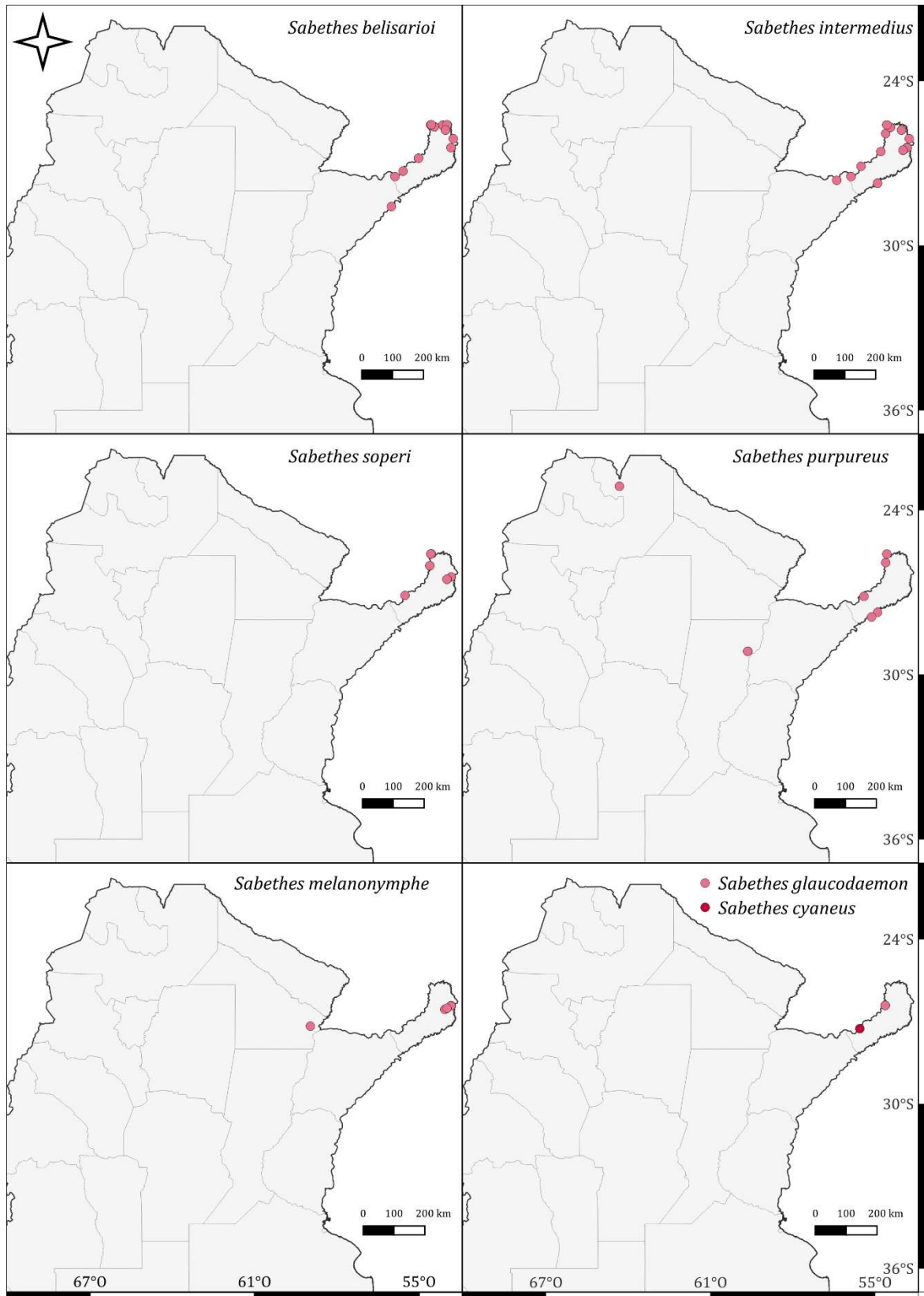


Figura 25. Mapas de distribución de 7 especies de *Sabethes*, según las divisiones administrativas de Argentina.

Capítulo I

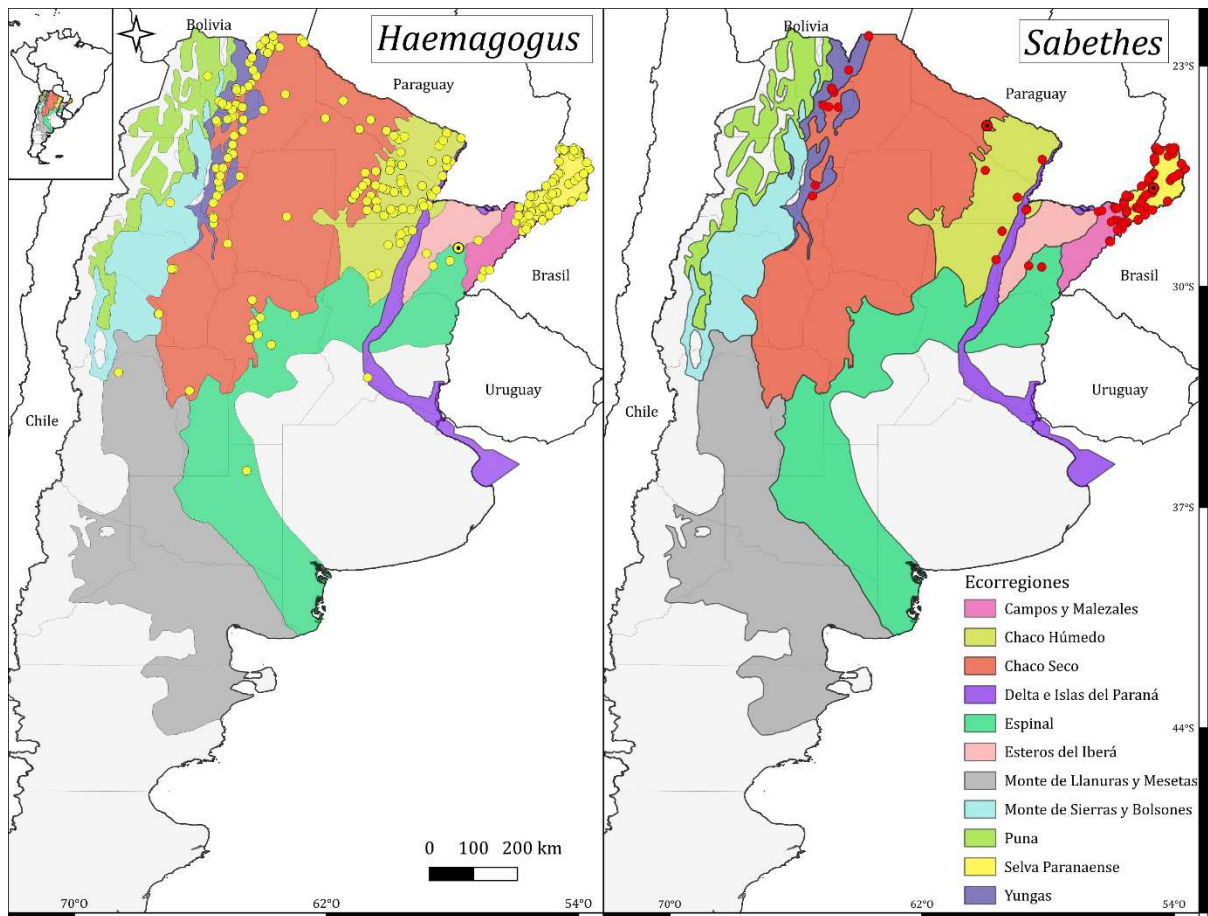


Figura 26. Mapas de distribución de los géneros *Haemagogus* (izq.) y *Sabethes* (der.) de acuerdo a las ecorregiones de Argentina según Burkart et al., 1999.

3.4. Discusión y Conclusiones del Capítulo I

En este capítulo se expusieron de diversas formas los datos relevados sobre los dos géneros implicados en la transmisión del VFA selvática en Argentina, *Haemagogus* y *Sabethes*.

Las colectas propias dieron resultados satisfactorios, a pesar de que en el PN Pilcomayo no se haya podido completar lo establecido, debido a las condiciones climáticas dadas. La mayoría de las determinaciones morfológicas comenzaron en las mismas campañas, pero se completaron en el laboratorio del CEPAVE. También se acudió a la herramienta molecular para diferenciar especies sobre las que se tenían dudas, como fue el caso de *Hg. spegazzinii* y *Hg. janthinomys*. En general, los muestreos diurnos y nocturnos no presentaron dificultades, excepto que en las Yungas durante los

Capítulo I

últimos dos días no se contó con suficiente hielo seco para agregar a las trampas CDC, lo que produjo una disminución en la atracción y por ende un bajo número de mosquitos colectados. Se observó que, en cuanto a las especies de interés de esta tesis, los muestreos diurnos fueron los adecuados para su captura. Estos trabajos de campo incorporaron nuevos registros de los géneros *Hg.* y *Sa.*

-*Sa. belisarioi* en la ciudad de Santo Tomé (provincia de Corrientes), nuevo registro para la provincia, pero no para la ecorregión (Campos y Malezales), aunque este nuevo registro está localizado a 121 km del registro previo encontrado más al sur.

-*Sa. albiprivus* colectado en la Estancia Guaycolec (provincia de Formosa). La presencia de *Sa. albiprivus* es nueva para la provincia y la ecorregión de Chaco Húmedo.

-*Hg. spegazzinii* en PN El Impenetrable, el cual no se había colectado nunca en el parque, pero sí se había registrado en la provincia y en la ecorregión. En este sitio se encontraron 22 ejemplares, de los cuales 10, fueron colectados como larva, en huecos de árboles.

La incorporación del análisis molecular permitió confirmar la identificación morfológica de esta última especie en el PN El Impenetrable. Además, permitió despejar dudas sobre los ejemplares de *Hg. janthinomys* encontrados en Yungas.

También se encontraron nuevos registros de *Orthopodomyia fascipes* (nueva para la provincia de Formosa), *Psorophora cilipes* (nueva para provincia de Chaco) *Culex brethesi/acharistus* (nueva para provincia de Chaco), *Anopheles mediopunctatus* (nueva para provincia de Jujuy) y *Wyeomyia sabethea* (nueva para provincia de Jujuy). Sobre las últimas tres especies mencionadas, se continuarán estudios taxonómicos para corroborar su correcta posición sistemática. Se destaca la presencia de *Ae. aegypti* en el PN Calilegua, en estado adulto y de larva, criando en un cantero cerca de la Seccional Aguas Negras.

Se describieron los datos en cuanto a la información que arrojaba el año de publicación y de colecta. Cuando se utilizaron los años de publicación, los registros se concentraron en el intervalo 1950–1959, debido a las publicaciones asociadas a numerosas campañas o comisiones realizadas en el norte del país para relevar las especies de culícidos presentes, tales como las de Castro, 1959 ó Duret, 1951. Las campañas se dieron previamente o durante estos intervalos, lo que coincide con los intervalos de años que tuvieron más registros asociados, ya si se tienen en cuenta los

Capítulo I

años de colecta se destacaron dos intervalos: 1940–1949 y 1950–1959. Este período podría asociarse también a la creación de instituciones de ciencia y tecnología en nuestro país, y a la llamada “modernización académica” de las universidades nacionales, que comenzaron a promover la dedicación de los/as profesores/as a la docencia y a la investigación científica (Bekerman, 2016). El aumento de estudios científicos relacionados a los culícidos, coincide por un lado, con las campañas de erradicación del mosquito *Aedes aegypti* en América, y al interés que se le estaba empezando a dar a estas problemáticas sanitarias (Pinto Severo, 1955); y por otro con los brotes de FA selvática en Argentina y sus correspondientes estudios (Ministerio de Salud, 2008).

Con respecto al análisis de las especies, la especie de *Haemagogus* mayormente distribuida es *Hg. spegazzinii*, y esto puede relacionarse con la capacidad que posee para adaptarse a diferentes tipos de ambientes y hábitats. Comparada a las otras tres especies que se distribuyen en Argentina, se la considera generalista en cuanto a los tipos de plantas que acumulan agua en los que puede criar (Silva-Inacio, 2020). Las otras especies de este género no tienen una distribución tan extensa. Un aspecto a destacar es que *Hg. janthinomys* se encuentra distribuida casi en su totalidad en el NOA, y hay un sólo individuo reportado en Misiones, específicamente en el PN Piñalito. Este ejemplar se conoce debido a que es parte de una colecta realizada en el año 2022 de una integrante del laboratorio, la cual realizó una identificación por medio de herramientas moleculares para confirmar su determinación (Brividor, en preparación). En el caso del género *Sabethes* los porcentajes de cada especie se modifican si se tienen en cuenta los registros o el número de individuos. Es importante destacar que los trabajos de recopilación (o listados de especies) como Duret, (1951, 1952), Castro et al. (1959), entre otros, en general no poseen datos de cantidad de individuos, sólo su presencia, en cambio en los trabajos más actuales es más frecuente que se detalle esta información.

En términos generales, la región del NEA (Chaco, Formosa, Corrientes y Misiones) fue la que presentó mayor cantidad de registros de estas especies, seguida por la del NOA (Catamarca, Jujuy, Salta, Santiago del Estero, Tucumán y La Rioja). Sin embargo, al poner el foco en la cantidad de individuos, el género *Haemagogus* obtuvo un porcentaje mucho mayor de ejemplares presentes en el NOA, por la presencia preponderante de las especies *Hg. spegazzinii* y *Hg. janthinomys*. Esta forma de

Capítulo I

caracterizar los datos de acuerdo a la cantidad de individuos, aporta una información muy útil para analizar la presencia de las especies en cada una de las regiones administrativas, además de que permite calcular índices de diversidad, que en este caso se utilizaron para comparar las ecorregiones. Asimismo, la ausencia de información sobre cantidad de individuos puede estar dada por las condiciones particulares en las que se colectó, tales como la época del año, el tipo de muestreo realizado, o las características poblacionales, entre otros aspectos, que pueden ser factores que modifiquen la abundancia.

En la mayoría de los estudios sobre la distribución de especies de mosquitos, la localización de los registros está basada en las divisiones administrativas (provincias) en vez de las ecorregiones (Carcavallo & Martínez, 1968; Rossi, 2015). En esta tesis mantuvimos la representación de los datos en cuanto a las provincias y por consiguiente a las regiones administrativas que conforman, debido a la frecuente presencia de trabajos científicos que los clasifican de esta manera. Sin embargo, es necesario tener en cuenta que las provincias no son referencias espaciales apropiadas para realizar estudios ecológicos o mapas de distribución. Por otro lado, las divisiones administrativas en Argentina (provincias) presentan en general extensiones muy grandes de territorio y se distribuyen abarcando varias ecorregiones. Además, si la fuente bibliográfica menciona una provincia, pero no una localidad específica, fue utilizado el centroide de la provincia para georreferenciar. Esto genera errores porque podría ubicar a los registros de las especies en áreas biogeográficas (ecorregión) donde no existen condiciones favorables para el desarrollo de una especie. *Hg. spegazzinii* es un ejemplo de esta situación; en la descripción de la especie, Brèthes (1912) enuncia: “*el espécimen capturado por C. Spegazzini fue encontrado en Jujuy en un matorral de bosque*” como referencia de la localidad y cuando se georreferencia este registro de acuerdo al centroide de la provincia, las coordenadas se localizan en la ecorregión de Puna, la cual sus características ecológicas hacen que sea un registro dudoso.

La precisión en la georreferenciación es esencial para otros estudios y para enfoques de análisis de datos como el modelado de distribución (Capítulo III). Otro problema con las divisiones administrativas es que en algunos casos, como el de la provincia de Misiones, puede haber un sesgo hacia una mayor actividad de muestreos

Capítulo I

sustentada por factores particulares, como la emergencia de fiebre amarilla selvática en esa área y su proximidad a países como Brasil y Paraguay, donde los brotes selváticos de la enfermedad son frecuentes (Degallier et al. 1992, Vasconcelos 2003), que puede llevar a presentar gran cantidad de registros y una sobreestimación de la presencia de ciertas especies.

Se corrobora en este capítulo que la distribución de los géneros *Haemagogus* y *Sabethes* está estrechamente relacionada con las ecorregiones de la Selva Paranaense, Yungas, Chaco Seco, Campos y Malezales y Chaco Húmedo, representando entre el 96% y 98% de los datos de ocurrencia.

Son conocidos algunos aspectos ecológicos generales que favorecen la presencia de las especies de estos géneros. Sus estados inmaduros crían en microhábitats llenos con agua de lluvia como huecos de árboles, entrenudos de bambúes (dendrotelmata), axilas de plantas nativas (fitotelmata), y raramente en contenedores artificiales (Lane y Cerqueira, 1942; Arnell, 1973; Campos et al. 2011) y en general, en áreas selváticas señaladas como apropiadas para el desarrollo de estos géneros por Pinto et al. (2009).

Si tenemos en cuenta los registros, los datos se distribuyen en mayor medida en la Selva Paranaense, luego en el Chaco Seco, Yungas, Chaco Húmedo y Campos y Malezales. Si se analiza por género y por especie, vemos que *Haemagogus* y más específicamente *Hg. spegazzinii* es el que genera este aumento de registros en la ecorregión de Chaco Seco, por sobre las demás ecorregiones. Ahora bien, si en vez de registros se tienen en cuenta el número de organismos, la Selva Paranaense y las Yungas son las ecorregiones preponderantes. Estas dos áreas son consideradas selváticas ya que presentan una cobertura arbórea densa formada por varios (2-5) estratos verticales y clima cálido y húmedo, entre otras características. La ecorregión del Chaco Húmedo también contiene muchos datos de ocurrencia (especialmente del género *Haemagogus*) probablemente debido a sus condiciones climáticas de alta temperatura y humedad que permiten la presencia de selvas bordeando los humedales típicos del Chaco Húmedo. Por último, la ecorregión Campos y Malezales, adyacente a la Selva Paranaense y caracterizada por franjas de selva en galería, presenta un porcentaje alto de datos de ocurrencia, y los puntos están distribuidos cerca de los márgenes norte (Burkart et al. 1999, WWF 2021).

Capítulo I

Una novedad que presenta este capítulo es el cálculo de la diversidad en las ecorregiones, obtenida a partir de los datos sobre cantidad de individuos de cada especie (columna "individualCount"). Estos cálculos ponen en evidencia que la Selva Paranaense es la ecorregión con mayor diversidad, diferenciándose de las demás. Sin embargo, el índice de Shannon (2,37) presenta valores medios de diversidad. Algunos autores interpretan que valores superiores a 3,5 indican diversidad alta (Margalef, 1972). Esto se puede distinguir mejor a través del índice exponencial de Shannon, cuyo valor es 7,91, lo que significa que esta ecorregión tiene una diversidad similar a un conjunto de aproximadamente 7 especies con la misma cantidad de individuos (o abundancia). Nuevamente, el resultado de estos índices, en especial el de Simpson, demuestra la abundancia de la especie *Hg. spegazzinii* y la dominancia que presenta en casi todas las ecorregiones.

En este capítulo se presentan, por primera vez, las distribuciones completas de estos géneros con sus respectivas especies presentes en Argentina, en formato de mapa y asociadas a ecorregiones.

Capítulo II

4. Capítulo II. Categorización de especies de mosquitos incriminadas como vectores potenciales de FA

4.1. Fundamentación

La búsqueda bibliográfica de registros de los géneros *Haemagogus* y *Sabethes* fue la primera actividad realizada al momento de comenzar esta tesis, ya que se presentaban como los principales géneros dentro de los posibles transmisores selváticos. Algunas especies, como *Hg. janthinomys* y *Hg. leucocelaenus*, han sido identificadas como transmisoras primarias en Sudamérica, mientras que otras, como *Sa. chloropterus*, son consideradas vectoras secundarias, putativas o sospechosas. Cabe destacar que esta clasificación puede variar según la fuente bibliográfica, la localización geográfica o el año de publicación (Carcavallo & Martínez, 1968; Degallier et al., 1991).

Además de estas especies, se encontraban otras (correspondientes a otros géneros) asociadas al ciclo, como *Ae. serratus* o *Ae. scapularis* que si bien estaban confirmadas como vectores en las publicaciones realizadas en Sudamérica (Brasil, Venezuela, Colombia) sobre el tema, en Argentina no había información relacionada al rol que estas u otras especies jugaban en el ciclo de transmisión selvática del VFA (Cardoso et al., 2010; Cunha et al., 2019).

En este sentido, Clements (2012) en “The Biology of Mosquitoes”, utiliza algunos criterios para determinar el grado de participación de las especies en el ciclo de transmisión y esclarecer algunas situaciones. En la obra se definen seis criterios para establecer que una especie es vector confirmado de FA selvática:

- (I) *El mosquito y el hospedador vertebrado ocupan simpátricamente el mismo hábitat en la misma estación del año.*
- (II) *El mosquito se alimenta preferentemente de uno o más hospedadores amplificadores.*
- (III) *El agente de infección ha sido aislado de mosquitos silvestres.*
- (IV) *La población de mosquitos alcanza un tamaño suficiente en relación con el de una o más especies de huéspedes amplificadores.*
- (V) *En el laboratorio los mosquitos son susceptibles a infectarse y transmitir la infección eficientemente.*

Capítulo II

(VI) *La esperanza de vida de una proporción suficientemente alta de mosquitos supera el período de incubación extrínseco del virus.*

Estos criterios permiten identificar qué especies tienen un papel predominante en el ciclo de la enfermedad y cuáles desempeñan un rol secundario. Algunos de estos requisitos son tan valiosos como fáciles de aplicar; por ejemplo, el criterio III que, con las técnicas moleculares adecuadas, resulta relativamente accesible de evaluar. Sin embargo, otros requisitos, como los que tienen que ver con las características poblacionales (tamaño de la población o esperanza de vida) de las especies, que, aunque son de gran interés, han sido poco exploradas para las especies selváticas, por lo que resultan difíciles de obtener y por lo tanto de utilizar como criterios.

Sumado a esto se conoce que los arbovirus (virus transmitidos por artrópodos) se encuentran influenciados por interacciones complejas entre sus vectores artrópodos (en este caso hablamos de mosquitos, pero puede tratarse de garrapatas o jejenes, entre otros) y sus huéspedes vertebrados (como humanos, aves o mamíferos). Estas interacciones no ocurren de manera aislada, sino que están modeladas por una variedad de factores ambientales y extrínsecos, también llamados factores abióticos (Kramer & Ciota, 2015).

Uno de los primeros aspectos a considerar para relacionar un vector con un agente etiológico y un hospedador, es el hábitat y la preferencia alimentaria del mismo. Estos corresponden a los criterios I y II establecidos por Clements (2012). Aunque los patrones alimentarios pueden ser complejos y variados, como en el caso de *Hg. janthinomys* (Alencar et al., 2005), estas especies suelen compartir hábitat y alimentarse de primates no humanos (PNH), lo que las coloca en contacto directo con el ciclo selvático del VFA.

Aun así, no todas las especies de mosquitos que comparten hábitat y/o se alimentan de los mismos hospedadores son capaces de alojar el virus, por lo que resulta crucial que además la especie haya sido encontrada infectada en la naturaleza. El VFA ha sido aislado en diversas especies de mosquitos en Sudamérica (Vasconcelos et al., 2003), sin embargo, en Argentina, específicamente en la provincia de Misiones, la única especie encontrada naturalmente infectada ha sido *Sa. albiprivus*, en la que se aisló e identificó

Capítulo II

el virus a través de técnicas de inmunofluorescencia y PCR con transcripción inversa (Goenaga et al., 2012).

Es importante destacar que no siempre toda esta información que se menciona, se encuentra en el mismo artículo y no hay ninguna publicación científica que, con un enfoque global, considere todos estos factores para incriminar a una especie como vector, sino que en general algunas reportan la presencia de una especie luego de un brote y otras analizan su competencia para transmitir el virus experimentalmente. Esto dificulta el hecho de establecer qué especies están implicadas secundariamente, debido a que la bibliografía sobre cada tipo de participación se encuentra dispersa o poco organizada, o sencillamente los artículos tienen objetivos no relacionados con los criterios mencionados.

Entonces, como objetivo de este capítulo se plantea la elaboración de una categorización argentina comparando toda la información que se encuentra para las especies de Argentina y las sudamericanas, para establecer niveles de importancia entre las especies relacionadas al ciclo selvático de transmisión del VFA. Se utilizará la información disponible sobre las especies que se distribuyen en Argentina, pero debido a la escasa información en nuestro país, se considerará la información proveniente de estas especies en otros países de Sudamérica. La mayor parte de este capítulo ha sido publicado y se incluye en el Anexo 4 (Cano et al., 2022). Se pretende que esta categorización contribuya a identificar los vacíos de información y los tipos de estudios que se requieren para continuar dilucidando el rol que cumplen las especies, sobre cuáles de ellas es necesario profundizar los análisis, y finalmente que establezca un grado de importancia (o una clasificación) de las especies de mosquitos vinculadas al ciclo de FA selvática.

4.2. Materiales y Métodos

Se revisaron varios repositorios disponibles en línea (BioOne, Google Scholar, PLoS, PubMed, Scielo, ScienceDirect, Wiley) para compilar archivos relacionados con este tópico. Las categorías que se propusieron para realizar la búsqueda en la bibliografía fueron las siguientes:

Capítulo II

1) **Hospedador:** a) **Asociado a:** Comparte el hábitat con mosquitos vectores. b) **Confirmación de que el mosquito se alimenta de ese hospedador.**

2) **Mosquitos vectores:** c) **Infectado en la naturaleza:** el VFA fue aislado o detectado en especímenes recolectados en el campo. d) **Susceptibilidad del vector a la infección:** se realizaron ensayos experimentales de infección con el virus. e) **Capacidad de transmisión:** Confirmación de la capacidad del mosquito vector para transmitir el virus a través de ensayos experimentales en el laboratorio.

3) **Brotos de fiebre amarilla:** f) Las especies de mosquitos están asociadas con un brote de FA en tiempo y espacio.

Las características (o subcategorías) d) y e) se consideraron de forma separada para realizar el puntaje y pueden contabilizarse como características diferentes para la escala final, sin embargo, ambos elementos se definen como competencia vectorial.

Por otro lado, los mosquitos son los responsables de la dispersión de la enfermedad puesto que se conoce que los primates no humanos no recorren grandes distancias en los hábitats que ocupan, debido a su área de vida (“home range” en inglés) y a sus recorridas diarias (Prist, 2021). Por este motivo en la segunda categoría se puso el foco en los “Mosquitos vectores”.

Se confeccionó una tabla para relevar la información proveniente de la bibliografía. Además de las categorías mencionadas anteriormente, los campos que contenía dicha tabla eran: Especie, Referencia y Ubicación (“location”). Para realizar la tabla, en los casos en que la publicación confirmaba o citaba la confirmación de cualquiera de las características, se indicó con un “SI” en la celda, y en el caso contrario (característica refutada), con un “NO”. La ausencia de información se indicó con un guión medio (-) (Figura 27).

Capítulo II

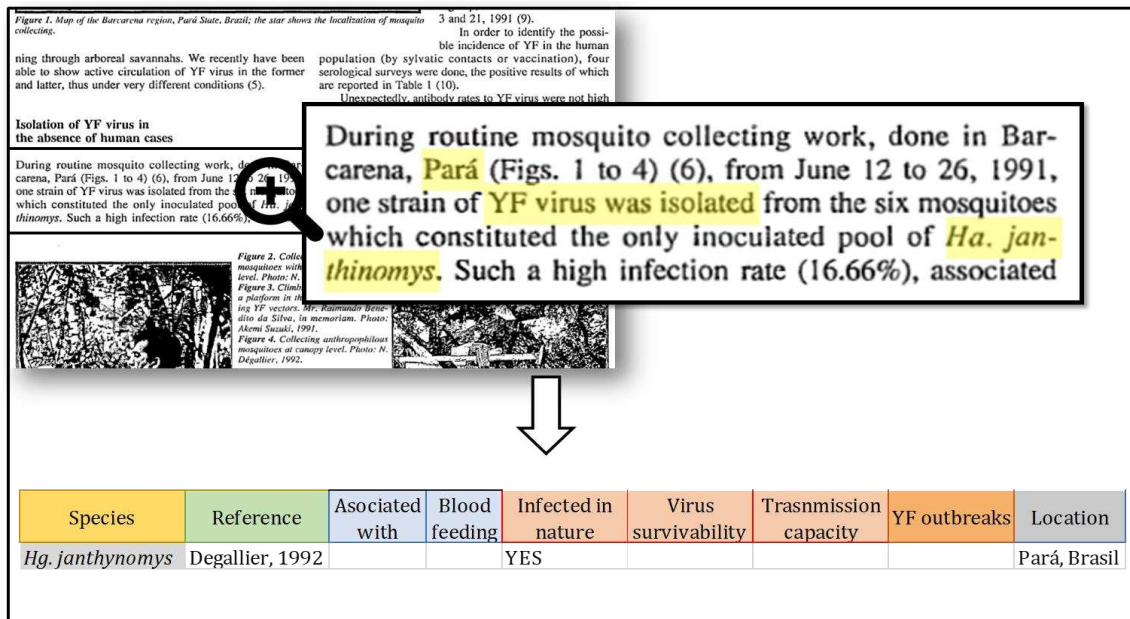


Figura 27. Modo de revisión de trabajos para la realización de la tabla (flecha descendente) (en inglés, de acuerdo a Cano et al., 2022).

Escalas de importancia:

Una vez que la tabla fue construida, se generó una escala de importancia por especie, representando los puntajes con números y de acuerdo a una escala de colores definida. El puntaje para la escala se realizó de dos formas: a una, la **escala “equitativa”**, se le asignaron valores iguales para cualquier campo de la categorización (cada celda positiva se contó como “1”); y asignando valores diferentes para cada campo, a la que se llamará **escala “ponderada”** (“1” para Asociado a, “2” para Brote de FA, 3 para Infección en la Naturaleza y “4” para el conjunto formado por la Susceptibilidad del vector y la Capacidad de transmisión). La importancia de las especies fue obtenida a través del conteo de las celdas positivas (señaladas con “SI”) de todas las características, excepto la de la columna “Ubicación”, y se asignó un puntaje entre 6 (máximo) y 1 (mínimo) para cada especie. Para la escala “ponderada” el puntaje máximo fue de 12 y el mínimo de 2.

En ambas escalas, si se encontraban datos repetidos, por ejemplo, dos o más trabajos confirmaban la presencia de la especie en brotes de fiebre amarilla, sólo uno de ellos fue considerado para establecer el puntaje en la escala de importancia (Figura 28). En algunos casos, se encontró información contradictoria. Estas situaciones se analizaron en detalle, y serán mencionadas en la sección de la Discusión. Para las

Capítulo II

especies en las que se encontraron resultados negativos en alguna o varias características, esto se indicó con un asterisco.

Especie	HOSPEDADOR		MOSQUITO VECTOR			B F A	Escala Argentina	HOSPEDADOR		MOSQUITO VECTOR			B F A	Escala Sudamérica	Escala General
	AA	AS	IN	SV	CT			AA	AS	IN	SV	CT			
<i>Especie ejemplo</i>	SI	-	-	-	-	SI	2	SI	-	SI	SI	SI	SI	5	5
Puntaje Escala "equitativa"	1	0	0	0	0	1	2	1	0	1	1	1	1	5	5
Puntaje Escala "ponderada"	1	0	0	0	0	2	3	1	0	3	2	2	2	10	10

Figura 28. Ejemplo sobre la contabilización del puntaje de las especies para las escalas “equitativa” y “ponderada” para la Escala Argentina y la Escala General (de ambas). Siglas: A A (Asociado a); A S (Alimentación sanguínea); I N (Infección en la naturaleza); S V (Susceptibilidad del vector); C T (Capacidad de transmisión); B F A (Brotos de FA).

Ambas escalas de importancia fueron creadas primero para las especies de mosquitos presentes en Argentina. Siguiendo la misma metodología se desarrolló otra escala para incorporar la información de las especies argentinas que se obtuvieron de otros países de Sudamérica, para confeccionar la Escala General. Basándonos en la información usada para construir la Escala General, las especies que originalmente no eran parte de la Escala de Argentina, pero se conoce de su presencia en territorio argentino, se incorporaron y se les asignó un valor de 0, porque no existe información de las mismas que las incrimine en las epizootias de FA de Argentina. En ambos casos, las especies de mosquitos localizadas en la parte superior tienen los mayores valores de importancia y los que están por debajo, tienen los valores más bajos. Las especies están ordenadas alfabéticamente cuando presentan el mismo puntaje en la escala.

Finalmente, se construyó una escala comparativa con las especies con valores de mayor importancia en la Escala de Argentina y en la Escala General.

4.3. Resultados

Para construir las tablas fueron revisados 54 artículos, incluyendo 7 exclusivos de Argentina y 47 de Sudamérica, publicados desde 1929 a 2021. En total, se encontraron 57 especies para las cuales se habían reportado características relevantes (Tabla 11).

Capítulo II

Tabla 11. Base de datos bibliográfica utilizada para la generación de la escala de importancia de los vectores de mosquitos de FA. Las referencias resaltadas en negrita indican que se trata de trabajos de Argentina. A A (Asociado a); A S (Alimentación sanguínea); I N (Infección en la naturaleza); S V (Susceptibilidad del vector); C T (Capacidad de transmisión); B F A (Brotos de FA).

Especie	HOSPEDADOR		MOSQUITO VECTOR			B F A	Ubicación	Referencia
	AA	AS	IN	SV	CT			
<i>Aedes aegypti</i> (Linnaeus, 1762)	-	-	NO	-	-	SI	Brasil	Abreu et al., 2019
	-	-	-	-	-	SI	Argentina	Carcavallo & Martínez, 1968
	-	-	SI	SI	SI	SI	Sudamérica	Clements, 2012
	-	-	-	-	-	SI	Brasil	Cunha et al., 2019
	SI	-	-	-	-	SI	Argentina	Goenaga et al., 2012
	-	-	-	-	-	SI	Argentina	Lazzarino, 2021
	-	-	-	-	-	SI	Venezuela	Muñoz-Rodríguez et al., 2010
<i>Aedes albifasciatus</i> (Macquart, 1838)	SI	-	-	-	-	SI	Argentina	Goenaga et al., 2012
<i>Aedes albopictus</i> (Skuse, 1895)	-	-	NO	-	-	SI	Brasil	Abreu et al., 2019
	-	-	SI	SI	-	-	Brasil	Amraoui et al., 2018
	-	-	-	-	SI	-	S/D	Bates, 1949
	-	-	-	SI	SI	SI	Brasil	Couto-Lima et al., 2017
	-	-	-	-	-	SI	Brasil	Cunha et al., 2019
	SI	-	-	-	-	-	Argentina	Goenaga et al., 2020
	-	-	SI	-	SI	-	Brasil	Gratz et al., 2004

Capítulo II

Especie	HOSPEDADOR		MOSQUITO VECTOR			B F A	Ubicación	Referencia
	AA	AS	IN	SV	CT			
<i>Aedes crinifer</i> (Theobald, 1903)	-	-	-	-	-	SI	Argentina	Barrera Oro et al., 1966
<i>Aedes fluviatilis</i> (Lutz, 1904)	-	-	NO	-	-	SI	Brasil	Abreu et al., 2019
	-	-	-	SI	SI	-	S/D	Antunes & Whitman, 1937
	-	-	-	-	-	SI	Argentina	Bejarano, 1979
	-	-	-	-	-	-	Argentina	Carcavallo & Martínez, 1968
	-	-	-	-	SI	-	Brasil	Cândido et al., 2019
	-	-	-	SI	SI	-	Brasil	Davis & Shannon, 1931
	-	-	NO	NO	-	SI	Brasil	Pinheiro et al., 2019
<i>Aedes fulvus</i> (Wiedemann, 1828)	-	-	-	-	NO	-	Brasil	Shannon et al., 1938
	-	-	SI	-	-	-	Brasil	Travassos da Rosa et al., 1987
	-	-	SI	-	-	-	Brasil	Vasconcelos, 2003
<i>Aedes hastatus</i> (Dyar, 1922)	-	-	-	-	-	SI	Argentina	Barrera Oro et al., 1966
<i>Aedes nubilus</i> Theobald, 1903	-	-	-	SI	NO	-	S/D	Antunes & Whitman, 1937
<i>Aedes scapularis</i> (Rondani, 1848)	-	-	SI	-	-	SI	Brasil	Abreu et al., 2019
	-	-	-	SI	SI	-	S/D	Antunes & Whitman, 1937
	-	-	-	-	-	SI	Argentina	Bejarano, 1979
	-	-	-	-	-	-	Argentina	Carcavallo & Martínez, 1968

Capítulo II

Especie	HOSPEDADOR		MOSQUITO VECTOR			B F A	Ubicación	Referencia
	AA	AS	IN	SV	CT			
<i>Aedes scapularis</i> (Rondani, 1848)	-	-	SI	SI	-	-	Brasil	Cunha et al., 2020
	-	-	-	SI	SI	-	Brasil	Davis & Shannon, 1929
	SI	-	-	-	-	SI	Argentina	Goenaga et al., 2012
	-	-	SI	-	-	-	Brasil	Ministério da Saúde, 2009
	-	-	SI	-	NO	-	Brasil	Shannon et al., 1938
	-	-	-	SI	-	-	Brasil	Travassos da Rosa et al., 1987
	-	-	SI	-	-	-	Brasil	Vasconcelos, 2003
<i>Aedes serratus</i> (Theobald, 1901)	-	-	NO	-	-	SI	Brasil	Abreu et al., 2019
	-	-	-	-	-	SI	Argentina	Barrera Oro et al., 1966
	-	-	-	-	-	-	Argentina	Carcavallo & Martínez, 1968
	SI	SI	SI	-	-	SI	Brasil	Cardoso et al., 2010
	-	-	-	SI	NO	-	Brasil	Davis & Shannon, 1929
	-	-	SI	-	-	-	Brasil	Ministério da Saúde, 2009
	-	-	-	-	NO	-	Brasil	Shannon et al., 1938
<i>Aedes terrens</i> (Walker, 1856)	-	-	-	-	-	SI	Brasil	Abreu et al., 2019
	-	-	-	SI	NO	-	S/D	Antunes & Whitman, 1937

Capítulo II

Especie	HOSPEDADOR		MOSQUITO VECTOR			B F A	Ubicación	Referencia
	AA	AS	IN	SV	CT			
<i>Aedes terrens</i> (Walker, 1856)	-	-	-	-	-	SI	Argentina	Barrera Oro et al., 1966
	-	-	-	-	-	-	Argentina	Carcavallo & Martínez, 1968
	-	-	-	-	NO	-	Brasil	Shannon et al., 1938
<i>Coquillettidia albicosta</i> (Peryassú, 1908)	-	-	NO	-	-	SI	Brasil	Abreu et al., 2019
<i>Coquillettidia hermanoi</i> (Lane & Coutinho, 1940)	-	-	NO	-	-	SI	Brasil	Abreu et al., 2019
<i>Coquillettidia juxtamansonia</i> (Chagas, 1907)	-	-	NO	-	-	SI	Brasil	Abreu et al., 2019
<i>Coquillettidia nigricans</i> (Coquillett, 1904)	-	-	NO	-	-	SI	Brasil	Abreu et al., 2019
<i>Coquillettidia shannoni</i> (Lane & Antunes, 1937)	-	-	NO	-	-	SI	Brasil	Abreu et al., 2019
<i>Coquillettidia venezuelensis</i> (Theobald, 1912)	-	-	NO	-	-	SI	Brasil	Abreu et al., 2019
<i>Culex quinquefasciatus</i> Say, 1823	-	-	NO	-	-	SI	Brasil	Abreu et al., 2019
	-	-	-	-	-	-	Argentina	Carcavallo & Martínez, 1968
	-	-	-	SI	NO	-	S/D	Davis & Shannon, 1929

Capítulo II

Especie	HOSPEDADOR		MOSQUITO VECTOR			B F A	Ubicación	Referencia
	AA	AS	IN	SV	CT			
<i>Haemagogus capricornii</i> Lutz, 1904	-	-	-	-	-	-	Brasil	Alencar et al., 2009
	-	-	SI	-	-	-	S/D	Bates, 1944
	SI	SI	-	-	-	-	Colombia	Bates & Roca-García, 1945
	-	-	-	-	-	SI	Argentina	Bejarano, 1979
	-	-	SI	-	SI	-	Colombia	Boshell-Manrique & Osorno- Mesa, 1944
	-	-	-	-	-	-	Argentina	Carcavallo & Martínez, 1968
	-	-	-	SI	SI	-	Colombia	Clements, 2012
	-	-	SI	SI	SI	-	Brasil	Levi-Castillo, 1951
	-	-	SI	-	SI	-	Colombia	Shannon et al., 1938
	-	-	-	-	SI	-	S/D	Wadell, 1949
	-	-	-	-	SI	-	S/D	Wadell & Kumm, 1948
<i>Haemagogus janthinomys</i> Dyar, 1921	-	-	SI	-	-	SI	Brasil	Abreu et al., 2019
	-	-	-	-	-	-	Brasil	Alencar et al., 2009
	-	-	-	-	SI	-	S/D	Antunes & Whitman, 1937
	-	SI	-	-	-	-	Sudamérica	Barrett & Higgs, 2007
	-	-	-	-	-	SI	AR	Bejarano, 1979
	-	-	-	-	-	-	AR	Carcavallo & Martínez, 1968
	SI	SI	SI	SI	SI	SI	Trinidad y Tobago, Brasil, Colombia, Panamá	Clements, 2012

Capítulo II

Especie	HOSPEDADOR		MOSQUITO VECTOR			B F A	Ubicación	Referencia
	AA	AS	IN	SV	CT			
<i>Haemagogus janthinomys</i> Dyar, 1921	-	-	-	-	SI	-	S/D	Degallier et al., 1991
	-	-	SI	-	-	-	Brasil	Degallier et al., 1992b
	-	-	SI	-	-	-	Brasil	Ministério da Saúde, 2009
	-	-	SI	-	-	-	Brasil	Komp, 1952
	-	-	NO	-	-	-	Brasil	Lira-Vieira et al., 2013
	-	-	SI	-	-	-	Brasil	Mondet et al., 2002
	-	-	-	-	-	SI	Venezuela	Muñoz-Rodríguez et al., 2010
	SI	-	SI	-	-	SI	Brasil	Obara et al., 2012
	-	-	-	-	-	SI	Brasil	Pinto et al., 2009
	SI	SI	SI	-	SI	-	Brasil	Vasconcelos, 2003
	-	-	SI	-	SI	-	Brasil	Travassos da Rosa et al., 1987
<i>Haemagogus leucocelaenus</i> (Dyar & Shannon, 1924)	-	-	SI	-	-	SI	BR	Abreu et al., 2019
	-	-	-	-	-	SI	AR	Barrera Oro et al., 1966
	-	-	-	-	-	SI	AR	Bejarano, 1979
	-	-	SI	-	-	-	CO	Boshell-Manrique & Osorno- Mesa, 1944
	-	-	-	-	-	-	AR	Carcavallo & Martínez, 1968
	SI	SI	SI	-	-	SI	Brasil	Cardoso et al., 2010
	SI	SI	SI	-	SI	SI	Brasil, Trinidad y Tobago	Clements, 2012

Capítulo II

Especie	HOSPEDADOR		MOSQUITO VECTOR			B F A	Ubicación	Referencia
	AA	AS	IN	SV	CT			
<i>Haemagogus leucocelaenus</i> (Dyar & Shannon, 1924)	-	-	SI	-	-	-	Brasil	Consoli & Lourenço de Oliveira, 1994
	-	-	SI	-	-	-	Brasil	Ministério da Saúde, 2009
	SI	-	-	-	-	SI	Argentina	Goenaga et al., 2012
	-	-	NO	-	-	-	Brasil	Lira-Vieira et al., 2013
	SI	-	-	-	-	-	Argentina	Manso Soto & Martínez, 1953
	SI	-	-	-	-	-	Argentina	Manso Soto & Martínez, 1953
	SI	-	-	-	-	-	Bolivia	Manso Soto & Martínez, 1953
	SI	-	-	-	-	-	Paraguay	Manso Soto & Martínez, 1953
	-	-	-	-	-	SI	Bolivia, Argentina	Manso Soto & Martínez, 1953
	-	-	SI	-	-	SI	Brasil	Mascheretti et al., 2013
	SI	-	SI	-	-	SI	Brasil	Obara et al., 2012
	-	-	-	-	-	SI	Brasil	Pinto et al., 2009
	-	-	SI	-	SI	-	Brasil	Shannon et al., 1938
	SI	SI	SI	-	SI	-	Brasil	Souza et al., 2011
	-	-	SI	-	SI	-	Brasil	Travassos da Rosa et al., 1987
	-	-	-	-	SI	-	Brasil	Vasconcelos, 2003
	SI	SI	SI	SI	SI	-	Brasil	Vasconcelos et al., 2003
	-	-	-	-	SI	-	S/D	Wadell, 1949

Capítulo II

Especie	HOSPEDADOR		MOSQUITO VECTOR			B F A	Ubicación	Referencia
	AA	AS	IN	SV	CT			
<i>Haemagogus spegazzinii</i> Brèthes, 1912	-	-	-	-	NO	-	S/D	Antunes & Whitman, 1937
	-	-	-	-	-	SI	Bolivia	Arnell, 1973
	-	-	-	-	SI	-	S/D	Bates, 1949
	-	-	-	-	-	-	Argentina	Carcavallo & Martínez, 1968
	-	-	-	-	-	SI	Brasil	Cerqueira & Boshell-Manrique, 1946
	-	-	-	-	-	-	S/D	Clements, 2012
	-	-	SI	-	-	-	Brasil	Consoli & Lourenço de Oliveira, 1994
	-	-	-	SI	-	-	Trinidad y Tobago	De Rodaniche et al., 1956
	-	-	-	-	NO	-	S/D	Degallier et al., 1991
	-	-	SI	SI	SI	-	S/D	Levi-Castillo, 1951
	SI	-	-	-	-	-	Argentina	Manso Soto & Martínez, 1953
	SI	-	-	-	-	-	Argentina	Manso Soto & Martínez, 1953
	SI	-	-	-	-	-	Bolivia	Manso Soto & Martínez, 1953
	SI	-	-	-	-	-	Paraguay	Manso Soto & Martínez, 1953
	-	-	-	-	-	SI	Bolivia, Argentina	Manso Soto & Martínez, 1953
	-	-	-	-	SI	-	S/D	Wadell, 1949
<i>Limatus durhamii</i> Theobald, 1901	-	-	NO	-	-	SI	Brasil	Abreu et al., 2019

Capítulo II

Especie	HOSPEDADOR		MOSQUITO VECTOR			B F A	Ubicación	Referencia
	AA	AS	IN	SV	CT			
<i>Mansonia indubitans</i>	-	-	NO	-	-	SI	Brasil	Abreu et al., 2019
Dyar & Shannon, 1925	SI	-	-	-	-	SI	Argentina	Goenaga et al., 2012
<i>Mansonia titillans</i> (Walker, 1848)	-	-	NO	-	-	SI	Brasil	Abreu et al., 2019
<i>Onirion personatum</i> (Lutz, 1904)	-	-	NO	-	-	SI	Brasil	Abreu et al., 2019
<i>Psorophora albigena</i> (Peryassú, 1908)	-	-	-	-	-	SI	Argentina	Barrera Oro et al., 1966
<i>Psorophora albipes</i> (Theobald, 1907)	-	-	NO	-	-	SI	Brasil	Abreu et al., 2019
	SI	-	-	-	-	SI	Argentina	Goenaga et al., 2012
	-	-	-	-	NO	-	Brasil	Shannon et al., 1938
	-	-	SI	-	-	-	Brasil	Vasconcelos, 2003
<i>Psorophora cyanescens</i> (Coquillett, 1902)	SI	-	-	-	-	SI	Argentina	Goenaga et al., 2012
<i>Psorophora ferox</i> (von Humboldt, 1819)	-	-	NO	-	-	SI	Brasil	Abreu et al., 2019
	-	-	-	-	-	SI	Argentina	Barrera Oro et al., 1966
	-	-	-	-	-	-	Argentina	Carcavallo & Martínez, 1968
	-	-	SI	-	-	-	Brasil	Cunha et al., 2019
	SI	-	-	-	-	SI	Argentina	Goenaga et al., 2012

Capítulo II

Especie	HOSPEDADOR		MOSQUITO VECTOR			B F A	Ubicación	Referencia
	AA	AS	IN	SV	CT			
<i>Psorophora ferox</i> (von Humboldt, 1819)	-	-	SI	-	-	-	Brasil	Ministério da Saúde, 2009
	-	-	NO	NO	NO	SI	Brasil	Pinheiro et al., 2019
	-	-	-	-	NO	-	Brasil	Shannon et al., 1938
	-	-	SI	-	-	-	Brasil	Stramandoli Moreno et al., 2011
<i>Runchomyia frontosa</i> Theobald, 1903	-	-	NO	-	-	SI	Brasil	Abreu et al., 2019
	-	-	-	-	-	SI	Argentina	Bejarano, 1979
	-	-	-	SI	-	-	Brasil	Travassos da Rosa et al., 1987
<i>Sabethes albiprivus</i> Theobald, 1903	-	-	NO	-	-	SI	Brasil	Abreu et al., 2019
	-	-	-	-	-	SI	Argentina	Barrera Oro et al., 1966
	-	-	-	-	-	SI	Brasil	Castro-Gomes et al., 2010
	-	-	-	-	SI	SI	Brasil	Couto-Lima et al., 2017
	SI	-	SI	-	-	SI	Argentina	Goenaga et al., 2012
<i>Sabethes aurescens</i> (Lutz, 1905)	-	-	NO	-	-	SI	Brasil	Abreu et al., 2019
	-	-	-	-	-	SI	Argentina	Barrera Oro et al., 1966
	SI	-	-	-	-	SI	Argentina	Goenaga et al., 2012
	-	-	-	-	-	SI	Venezuela	Muñoz-Rodríguez et al., 2010

Capítulo II

Especie	HOSPEDADOR		MOSQUITO VECTOR			B F A	Ubicación	Referencia
	AA	AS	IN	SV	CT			
<i>Sabethes belisarioi</i> Neiva, 1908	-	-	NO	NO	-	SI	Brasil	Cunha et al., 2019
	SI	-	-	-	-	SI	Argentina	Goenaga et al., 2012
	-	-	-	-	-	SI	Brasil	Pinto et al., 2009
<i>Sabethes chloropterus</i> (von Humboldt, 1819)	-	-	SI	-	-	SI	Brasil	Abreu et al., 2019
	-	-	SI	-	-	-	Bolivia	Auguste et al., 2010
	-	-	-	-	-	SI	Argentina	Bejarano, 1979
	-	-	-	-	-	-	AR	Carcavallo & Martínez, 1968
	SI	SI	SI	SI	SI	SI	Trinidad y Tobago, Panamá, Colombia, Centro y Sudamérica	Clements, 2012
<i>Sabethes chloropterus</i> (von Humboldt, 1819)	-	-	SI	-	-	SI	Brasil	Degallier et al., 1992a
	-	-	SI	-	-	SI	Brasil	Degallier et al., 1992b
	-	-	SI	-	-	-	Brasil	Ministério da Saúde, 2009
	SI	-	-	-	-	SI	Argentina	Goenaga et al., 2012
	-	-	-	SI	-	-	Trinidad y Tobago	Navarro, 1995
	-	-	-	-	-	SI	Brasil	Pinto et al., 2009
	-	-	SI	-	SI	-	Brasil	Travassos da Rosa et al., 1987
	-	-	SI	-	-	-	Brasil	Vasconcelos, 2003

Capítulo II

Especie	HOSPEDADOR		MOSQUITO VECTOR			B F A	Ubicación	Referencia
	AA	AS	IN	SV	CT			
<i>Sabethes cyaneus</i> (Fabricius, 1805)	-	-	SI	-	-	-	Brasil	Ministério da Saúde, 2009
	-	-	-	-	-	SI	Venezuela	Muñoz-Rodríguez et al., 2010
	-	-	-	-	-	SI	Brasil	Pinto et al., 2009
	-	-	SI	-	-	-	Brasil	Vasconcelos, 2003
<i>Sabethes glaucodaemon</i> (Dyar & Shannon, 1925)	-	-	SI	-	-	SI	Brasil	Carvalho et al., 2008
	-	-	SI	-	-	-	Brasil	Ministério da Saúde, 2009
	-	-	-	-	-	SI	Brasil	Pinto et al., 2009
	-	-	SI	-	-	-	Brasil	Vasconcelos, 2003
<i>Sabethes identicus</i> Dyar & Knab, 1907	-	-	NO	-	-	SI	Brasil	Abreu et al., 2019
	SI	-	-	-	-	SI	Argentina	Goenaga et al., 2012
<i>Sabethes intermedius</i> (Lutz, 1904)	-	-	NO	-	-	SI	Brasil	Abreu et al., 2019
	-	-	NO	NO	-	SI	Brasil	Cunha et al., 2019
	SI	-	-	-	-	SI	Argentina	Goenaga et al., 2012
<i>Sabethes melanonymphe</i> Dyar, 1924	-	-	NO	-	-	SI	Brasil	Abreu et al., 2019
<i>Sabethes petrocchiaie</i> (Shannon & Del Ponte, 1928)	-	-	NO	-	-	SI	Brasil	Abreu et al., 2019
<i>Sabethes purpureus</i> (Theobald, 1907)	-	-	NO	-	-	SI	Brasil	Abreu et al., 2019
<i>Sabethes soperi</i> Lane & Cerqueira, 1942	-	-	NO	-	-	SI	Brasil	Abreu et al., 2019
	-	-	SI	-	-	SI	Brasil	Degallier et al., 1992a

Capítulo II

Especie	HOSPEDADOR		MOSQUITO VECTOR			B F A	Ubicación	Referencia
	AA	AS	IN	SV	CT			
<i>Sabethes soperi</i> Lane & Cerqueira, 1942	-	-	SI	-	-	-	Brasil	Degallier et al., 1992b
	-	-	SI	-	-	-	Brasil	Ministério da Saúde, 2009
	-	-	SI	-	-	-	Brasil	Vasconcelos, 2003
<i>Sabethes undosus</i> (Coquillett, 1906)	-	-	NO	NO	-	SI	Brasil	Cunha et al., 2019
	SI	-	-	-	-	SI	Argentina	Goenaga et al., 2012
	-	-	-	-	-	SI	Venezuela	Muñoz-Rodríguez et al., 2010
<i>Shannoniana fluviatilis</i> (Theobald, 1903)	-	-	NO	-	-	SI	Brasil	Abreu et al., 2019
	-	-	-	-	-	SI	Argentina	Barrera Oro et al., 1966
	SI	-	-	-	-	SI	Argentina	Goenaga et al., 2012
<i>Trichoprosopon castroi</i> Lane & Cerqueira, 1942	-	-	-	-	-	SI	Argentina	Barrera Oro et al., 1966
<i>Trichoprosopon compressum</i> Lutz, 1905	-	-	NO	-	-	SI	Brasil	Abreu et al., 2019
	-	-	-	-	-	SI	Argentina	Barrera Oro et al., 1966
<i>Trichoprosopon pallidiventer</i> (Lutz, 1905)	-	-	NO	-	-	SI	Brasil	Abreu et al., 2019
	-	-	-	-	-	SI	Argentina	Barrera Oro et al., 1966
<i>Wyeomyia codiocampa</i> Dyar & Knab, 1907	-	-	NO	-	-	SI	Brasil	Abreu et al., 2019

Capítulo II

Especie	HOSPEDADOR		MOSQUITO VECTOR			B F A	Ubicación	Referencia
	AA	AS	IN	SV	CT			
<i>Wyeomyia limai</i> Lane & Cerqueira, 1942	-	-	-	-	-	SI	Argentina	Barrera Oro et al., 1966
<i>Wyeomyia lutzi</i> (Da Costa Lima, 1930)	-	-	NO	-	-	SI	Brasil	Abreu et al., 2019
<i>Wyeomyia melanocephala</i> Dyar & Knab, 1906	-	-	NO	-	-	SI	Brasil	Abreu et al., 2019
<i>Wyeomyia mystes</i> Dyar, 1924	-	-	NO	-	-	SI	Brasil	Abreu et al., 2019
<i>Wyeomyia oblita</i> (Lutz, 1904)	-	-	NO	-	-	SI	Brasil	Abreu et al., 2019
	-	-	-	-	-	SI	Argentina	Barrera Oro et al., 1966
	SI	-	-	-	-	SI	Argentina	Goenaga et al., 2012
<i>Wyeomyia pilicauda</i> Root, 1928	-	-	NO	-	-	SI	Brasil	Abreu et al., 2019
<i>Wyeomyia sabethea</i> Lane & Cerqueira, 1942	-	-	-	-	-	SI	Argentina	Barrera Oro et al., 1966

Escalas de importancia

Dentro de la **escala “equitativa”**, por un lado, se realizó la Escala de Argentina, que presentó valores máximos posibles de puntaje de 3, 2 o 1 (Figura 29.A). En este caso sólo la especie *Sa. albiprivus* (2% del total de especies) tuvo un puntaje de 3, dado por su asociación a hospederos, por haberla encontrada infectada en la naturaleza y asociada a brotes de FA. Las especies que obtuvieron un puntaje de 2 (30%; n=17) fueron asociadas a monos y a brotes de FA. Las especies con un puntaje de 1 (26%; n=15)

Capítulo II

se encontraron luego de un brote de FA, excepto *Ae. albopictus* que recibe este puntaje debido a su asociación a monos. Las otras especies (42%; n=24) con un puntaje de 0 son aquellas que fueron citadas en la literatura de Sudamérica, pero que no poseen ningún dato que las incrimine en las epizootias de FA de Argentina. En un principio se habían incluido las especies *Runchomyia cerqueirai* y *Aedes taeniorhynchus* para construir la tabla, sin embargo, en la revisión final no se incorporaron ya que no está confirmada su presencia en nuestro país, aunque sobre la última de las especies mencionadas hay portales que la reportan en Argentina (Walter Reed, 2024).

En la Escala General, sólo el 5% de las especies poseen un puntaje de 6, el 11% un puntaje de 5, un 2% un puntaje de 4, un 5% un puntaje de 3, el 28% un puntaje de 2 y por último el 49% un puntaje de 1 (n total=57) (Figura 29.B).

La **escala “ponderada”** obtuvo resultados muy similares a la escala “equitativa”, a pesar de los valores de puntaje, que sí se vieron modificados. En la Escala Argentina, los puntajes fueron de 6 a 0, y se observa que la especie *Ae. albopictus* se separa del grupo en el que se encontraba en la escala “equitativa” ya que posee un puntaje de 1, sólo por haber sido asociada a primates. En el caso de la Escala General “ponderada”, el puntaje fue de 12 a 2. Para las especies con puntaje 12, 10, 8 y 6 no se encontraron diferencias, y correspondieron a los puntajes 6, 5, 4 y 3 de la escala “equitativa”. En los siguientes, los grupos de especies con puntajes 5, 4 y 3, correspondieron a la mayoría de las especies con puntaje 2 de la escala “equitativa”, aunque se presentan algunas modificaciones. Por ejemplo, al colocarle un valor de 3 a la característica “infectado en la naturaleza”, la especie *Ae. fulvus*, que en la escala “equitativa” se encontraba en el grupo con puntaje 1, en la escala “ponderada” presentó un puntaje de 3, junto a otras 10 especies.

Capítulo II

A	Especies	Escala Arg	B	Especies	Escala General
	<i>Sabethes albiprivus</i>	3		<i>Haemagogus janthinomys</i>	6
	<i>Aedes aegypti</i>	2		<i>Haemagogus leucocelaenus</i>	
	<i>Aedes albifasciatus</i>			<i>Sabethes chloropterus</i>	
	<i>Aedes scapularis</i>			<i>Haemagogus capricornii</i>	
	<i>Haemagogus leucocelaenus</i>			<i>Aedes aegypti</i>	5
	<i>Haemagogus spegazzinii</i>			<i>Aedes albopictus</i>	
	<i>Mansonia indubitans</i>			<i>Aedes scapularis</i>	
	<i>Psorophora albipes</i>			<i>Aedes serratus*</i>	
	<i>Psorophora cyanescens</i>			<i>Haemagogus spegazzinii</i>	4
	<i>Psorophora ferox</i>			<i>Sabethes albiprivus</i>	
	<i>Sabethes aurescens</i>		3		<i>Aedes fluviatilis*</i>
	<i>Sabethes belisarioi</i>			<i>Psorophora albipes</i>	
	<i>Sabethes chloropterus</i>			<i>Psorophora ferox*</i>	
	<i>Sabethes identicus</i>	2		<i>Aedes albifasciatus</i>	
	<i>Sabethes intermedius</i>			<i>Aedes terreus*</i>	
	<i>Sabethes undosus</i>			<i>Culex quinquefasciatus*</i>	
	<i>Shannoniana fluviatilis</i>			<i>Mansonia indubitans*</i>	
	<i>Wyeomyia oblita</i>			<i>Psorophora cyanescens</i>	
	<i>Aedes albopictus</i>			<i>Runchomyia frontosa*</i>	
	<i>Aedes crinifer</i>			<i>Sabethes aurescens*</i>	
	<i>Aedes fluviatilis</i>			<i>Sabethes belisarioi</i>	
	<i>Aedes hastatus</i>			<i>Sabethes cyaneus</i>	
	<i>Aedes serratus</i>			<i>Sabethes glaucodaemon</i>	
	<i>Aedes terreus</i>	1		<i>Sabethes identicus</i>	
	<i>Haemagogus capricornii</i>			<i>Sabethes intermedius</i>	
	<i>Haemagogus janthinomys</i>			<i>Sabethes soperi</i>	
	<i>Psorophora albigena</i>			<i>Sabethes undosus*</i>	
	<i>Runchomyia frontosa</i>			<i>Shannoniana fluviatilis*</i>	
	<i>Trichoprosopon castroi</i>			<i>Wyeomyia oblita*</i>	
	<i>Trichoprosopon compressum</i>			<i>Aedes crinifer</i>	
	<i>Trichoprosopon pallidiventer</i>			<i>Aedes fulvus*</i>	
	<i>Wyeomyia limai</i>			<i>Aedes hastatus</i>	
	<i>Wyeomyia sabethea</i>			<i>Aedes nubilus*</i>	
	<i>Aedes fulvus</i>	0		<i>Coquillettidia hermanoi*</i>	
	<i>Aedes nubilus</i>			<i>Coquillettidia shannoni*</i>	
	<i>Coquillettidia hermanoi</i>			<i>Coquillettidia albicosta*</i>	
	<i>Coquillettidia shannoni</i>			<i>Coquillettidia juxtamansonia*</i>	
	<i>Coquillettidia albicosta</i>			<i>Coquillettidia nigricans*</i>	
	<i>Coquillettidia juxtamansonia</i>			<i>Coquillettidia venezuelensis*</i>	
	<i>Coquillettidia nigricans</i>			<i>Limatus durhamii*</i>	
	<i>Coquillettidia venezuelensis</i>			<i>Mansonia titillans*</i>	
	<i>Culex quinquefasciatus</i>			<i>Onirion personatum*</i>	
	<i>Limatus durhamii</i>			<i>Psorophora albigena</i>	
	<i>Mansonia titillans</i>	1		<i>Sabethes melanonymph*</i>	
	<i>Onirion personatum</i>			<i>Sabethes petrocchia*</i>	
	<i>Sabethes cyaneus</i>			<i>Sabethes purpureus*</i>	
	<i>Sabethes glaucodaemon</i>			<i>Trichoprosopon pallidiventer*</i>	
	<i>Sabethes melanonymph</i>			<i>Trichoprosopon castroi</i>	
	<i>Sabethes petrocchia</i>			<i>Trichoprosopon compressum*</i>	
	<i>Sabethes purpureus</i>			<i>Trichoprosopon pallidiventer</i>	
	<i>Sabethes soperi</i>			<i>Wyeomyia codiocampa*</i>	
	<i>Trichoprosopon pallidiventer</i>			<i>Wyeomyia limai</i>	
	<i>Wyeomyia codiocampa</i>			<i>Wyeomyia lutzii*</i>	
	<i>Wyeomyia lutzii</i>		<i>Wyeomyia melanocephala*</i>		
	<i>Wyeomyia melanocephala</i>		<i>Wyeomyia mystes*</i>		
	<i>Wyeomyia mystes</i>		<i>Wyeomyia pilicauda*</i>		
	<i>Wyeomyia pilicauda</i>		<i>Wyeomyia sabethea</i>		

Figura 29. Escala “equitativa” de importancia por especie (Total Arg. = Total Argentina). **(A)** Puntuaciones obtenidas en la Escala de Especies de Argentina. **(B)** Puntuaciones obtenidas en la escala de especies de Sudamérica. Los asteriscos representan las especies para las cuales se registraron resultados negativos. Puntuación de importancia: 6 máximo–0 mínimo.

Capítulo II

A	Especies	Escala Arg	B	Especies	Escala General	
	<i>Sabethes albiprivus</i>	6		<i>Haemagogus janthinomys</i>	12	
	<i>Aedes aegypti</i>	3		<i>Haemagogus leucocelaenus</i>		
	<i>Aedes albifasciatus</i>			<i>Sabethes chloropterus</i>		
	<i>Aedes scapularis</i>			<i>Haemagogus capricornii</i>		
	<i>Haemagogus leucocelaenus</i>			<i>Aedes aegypti</i>	10	
	<i>Haemagogus spegazzinii</i>			<i>Aedes albopictus</i>		
	<i>Mansonia inubuitans</i>			<i>Aedes scapularis</i>		
	<i>Psorophora albipes</i>			<i>Aedes serratus*</i>		
	<i>Psorophora cyanescens</i>			<i>Haemagogus spegazzinii</i>		
	<i>Psorophora ferox</i>		3		<i>Sabethes albiprivus</i>	8
	<i>Sabethes aurescens</i>				<i>Aedes fluviatilis*</i>	6
	<i>Sabethes belisarioi</i>		<i>Psorophora albipes</i>			
	<i>Sabethes chloropterus</i>		<i>Psorophora ferox*</i>			
	<i>Sabethes identicus</i>		<i>Sabethes cyaneus</i>	5		
	<i>Sabethes intermedius</i>		<i>Sabethes glaucodaemon</i>			
	<i>Sabethes undosus</i>		<i>Sabethes soperi</i>	4		
	<i>Shannoniana fluviatilis</i>		<i>Aedes terrens*</i>			
	<i>Wyeomyia oblita</i>	2		<i>Culex quinquefasciatus*</i>		
	<i>Aedes crinifer</i>			<i>Runchomyia frontosa*</i>	3	
	<i>Aedes fluviatilis</i>			<i>Aedes albifasciatus</i>		
	<i>Aedes hastatus</i>			<i>Aedes fulvus*</i>		
	<i>Aedes serratus</i>			<i>Mansonia inubuitans*</i>		
	<i>Aedes terrens</i>			<i>Psorophora cyanescens</i>		
	<i>Haemagogus capricornii</i>			<i>Sabethes aurescens*</i>		
	<i>Haemagogus janthinomys</i>			<i>Sabethes belisarioi</i>		
	<i>Psorophora albigena</i>			<i>Sabethes identicus</i>		
	<i>Runchomyia frontosa</i>			<i>Sabethes intermedius</i>		
	<i>Trichoprosopon castroi</i>		<i>Sabethes undosus*</i>			
	<i>Trichoprosopon compressum</i>		<i>Shannoniana fluviatilis*</i>	5		
	<i>Trichoprosopon pallidiventer</i>		<i>Wyeomyia oblita*</i>			
	<i>Wyeomyia limai</i>		<i>Aedes crinifer</i>	4		
	<i>Wyeomyia sabethea</i>		<i>Aedes hastatus</i>			
	<i>Aedes albopictus</i>	1		<i>Aedes nubilus*</i>	2	
	<i>Aedes fulvus</i>	0		<i>Coquillettidia hermanni*</i>		
	<i>Aedes nubilus</i>			<i>Coquillettidia shannoni*</i>		
	<i>Coquillettidia hermanni</i>			<i>Coquillettidia albicosta*</i>		
	<i>Coquillettidia shannoni</i>			<i>Coquillettidia juxtamansonia*</i>		
	<i>Coquillettidia albicosta</i>			<i>Coquillettidia nigricans*</i>		
	<i>Coquillettidia juxtamansonia</i>			<i>Coquillettidia venezuelensis*</i>		
	<i>Coquillettidia nigricans</i>			<i>Limatus durhamii*</i>		
	<i>Coquillettidia venezuelensis</i>			<i>Mansonia titillans*</i>		
	<i>Culex quinquefasciatus</i>			<i>Onirion personatum*</i>		
	<i>Limatus durhamii</i>			<i>Psorophora albigena</i>	2	
	<i>Mansonia titillans</i>		<i>Sabethes melanonymphe*</i>			
	<i>Onirion personatum</i>		<i>Sabethes petrocchiae*</i>			
	<i>Sabethes cyaneus</i>		<i>Sabethes purpureus*</i>			
	<i>Sabethes glaucodaemon</i>		<i>Trichoprosopon pallidiventer*</i>			
	<i>Sabethes melanonymphe</i>		<i>Trichoprosopon castroi</i>			
	<i>Sabethes petrocchiae</i>		<i>Trichoprosopon compressum*</i>			
	<i>Sabethes purpureus</i>		<i>Trichoprosopon pallidiventer</i>			
	<i>Sabethes soperi</i>		<i>Wyeomyia codiocampa*</i>			
	<i>Trichoprosopon pallidiventer</i>		<i>Wyeomyia limai</i>			
	<i>Wyeomyia codiocampa</i>		<i>Wyeomyia lutzii*</i>			
	<i>Wyeomyia lutzii</i>		<i>Wyeomyia melanocephala*</i>			
	<i>Wyeomyia melanocephala</i>		<i>Wyeomyia mystes*</i>			
	<i>Wyeomyia mystes</i>		<i>Wyeomyia pilicauda*</i>			
	<i>Wyeomyia pilicauda</i>		<i>Wyeomyia sabethea</i>			

Figura 30. Escala de importancia “ponderada” por especie (Total Arg. = Total Argentina). **(A)** Puntuaciones obtenidas en la Escala de Especies de Argentina. **(B)** Puntuaciones obtenidas en la escala de especies de Sudamérica. Los asteriscos representan las especies para las cuales se registraron resultados negativos. Puntuación de importancia: 12 máximo–2 mínimo.

Con respecto a la escala comparativa (Figura 31), se vieron diferencias entre los puntajes obtenidos para cada una de las especies. En particular, el puntaje de *Sa.*

Capítulo II

albiprivus en la Escala de Argentina difiere en 1 punto con respecto al puntaje obtenido en la Escala General. Por otro lado, algunas especies presentaron diferencias de tres a cinco puntos entre escalas. De igual manera en la escala “ponderada” se encontraron diferencias entre la de Argentina y la General, incluso cambia levemente el puntaje con respecto a la que toma cada categoría con valores iguales.

Escala General	Especies	Escala Arg
6	<i>Haemagogus leucocelaenus</i>	2
	<i>Sabethes chloropterus</i>	2
	<i>Haemagogus janthinomys</i>	1
	<i>Haemagogus capricornii</i>	1
5	<i>Aedes aegypti</i>	2
	<i>Aedes scapularis</i>	2
	<i>Haemagogus spegazzinii</i>	2
	<i>Aedes albopictus</i>	1
	<i>Aedes serratus*</i>	1
4	<i>Sabethes albiprivus</i>	3

Figura 31. Escala comparativa entre la Escala General (izquierda) y la Escala de Argentina (derecha).

Escala General	Especies	Escala Arg
12	<i>Haemagogus leucocelaenus</i>	3
	<i>Sabethes chloropterus</i>	3
	<i>Haemagogus janthinomys</i>	2
	<i>Haemagogus capricornii</i>	2
10	<i>Aedes aegypti</i>	3
	<i>Aedes scapularis</i>	3
	<i>Haemagogus spegazzinii</i>	3
	<i>Aedes serratus*</i>	2
	<i>Aedes albopictus</i>	1
8	<i>Sabethes albiprivus</i>	6

Figura 32. Escala “ponderada” comparativa entre la Escala General (izquierda) y la Escala de Argentina (derecha), con valores ponderados.

Capítulo II

4.4. Discusión y Conclusiones del Capítulo II

Se han propuesto varios criterios de incriminación de vectores en la literatura y la mayoría de las clasificaciones concluyen que tres componentes de la transmisión resultan indispensables: “Interacción Virus - Vector - Vertebrado Hospedero (Hardy et al., 1983). En esta tesis se utilizaron como base los propuestos por Clements (2012), porque se consideró que están más actualizados y son más completos y generales. Sin embargo, se encuentran otras series de criterios de incriminación como los que comenta Gratz (2004), para el mosquito transmisor de dengue *Ae. albopictus*. En este caso, se plantean cuatro criterios para la incriminación. Tres de ellos remiten al mosquito vector, los que se resumen en haberlo encontrado infectado, haber confirmado su capacidad de ser infectado con el virus experimentalmente y la de transmitirlo. El cuarto criterio plantea que también se debe probar la asociación con la población de vertebrados en la que se produjo (o se está produciendo) el brote de una enfermedad. Sin embargo, en este criterio no se distingue entre encontrarlo compartiendo el hábitat con un hospedador o si se ha confirmado la alimentación proveniente de un vertebrado. En algunos casos sucede, especialmente en trabajos históricos, que a un vector se lo ha reconocido en el mismo sitio que un primate no humano, pero no se ha podido analizar la muestra del mosquito para confirmar si efectivamente se ha alimentado de él. Para que este dato cuente en la categorización es que se ha tomado la decisión de dividir esta información al construir la escala de este capítulo.

Con respecto a las escalas presentadas, en una de ellas se le asignó el mismo valor a cada característica, sin embargo, algunas podrían tener más relevancia como condicionantes para incriminar a las especies como vectores. En esta primera escala “equitativa”, un puntaje mayor establecería la participación de una especie en el ciclo, aunque dependería de qué característica se trate. En este sentido, en el caso de las características virales (incorporadas dentro de: “Mosquito Vector”), el hallazgo de una determinada especie infectada en la naturaleza o el hecho de encontrar un resultado positivo en los estudios de competencia vectorial representa un indicador de su incriminación en el ciclo, pero no se debería considerar como prueba definitiva de que una población perteneciente a esa especie es un vector potencial del virus. Dentro de

Capítulo II

cada especie, puede haber variaciones poblacionales que determinen diferencias en la susceptibilidad para la infección o la transmisión de un virus, y que impacten directamente en la competencia vectorial (Black et al., 2002).

Para considerar las diferencias entre las características e intentar mejorar el puntaje, se agregó una escala “ponderada”, basada en un orden de importancia cualitativa de las características. Sin embargo, no se encontraron grandes modificaciones en el orden de las especies, producidas por la adjudicación de un valor más alto en algunos de los criterios. En la Escala de Argentina y en la Escala General, se mantuvo el orden de especies obtenido sin ponderar, aunque los valores de puntaje se vieron modificados. Una de las ventajas de esta escala es que permite visualizar de manera más clara las características que establecen las agrupaciones según el puntaje, y de esta forma evidenciar los estudios que deberían realizarse a fin de investigar el rol que poseen en el ciclo de transmisión del VFA.

En general, la información disponible para incriminar especies de mosquitos en epizootias de FA en Argentina es escasa; de hecho, como se muestra en Resultados, el "Brote de FA" fue el único campo para el que se disponía de información para todas las especies incluidas. En este sentido ambas escalas muestran que a pesar de que muchas especies han sido colectadas en asociación con epizootias de FA, a la mayoría se les asignaron los puntajes más bajos, generalmente por estar asociadas con el hábitat de hospederos (monos) o por haber sido encontradas después de un brote.

La categoría denominada “Mosquito vector” (y sus subcategorías), se basa en la posibilidad de medir experimentalmente la competencia vectorial, un concepto que sirve para evaluar la capacidad de los mosquitos para adquirir, mantener y transmitir un virus. El concepto de capacidad vectorial, es aún más amplio e integra factores biológicos del mosquito, como la abundancia, supervivencia, la competencia vectorial, entre otros y factores abióticos como temperatura, permitiendo comprender mejor las interrelaciones que afectan la transmisión del virus (Kramer & Ebel, 2003). En otros países se tiene información sobre estos aspectos, sin embargo, hasta el momento no se han realizado este tipo de estudios para el VFA en nuestro país.

Sabethes albiprivus es la especie que ocupa el lugar más alto en la Escala Argentina, ya que el único aislamiento del VFA en nuestro país hasta la fecha se obtuvo

Capítulo II

de esta especie (Goenaga et al., 2012). La Escala General incorpora más información que confirma la competencia vectorial en mosquitos de las especies *Sa. albiprivus* y *Hg. leucocelaenus* en Brasil (Couto-Lima et al. 2017, 2020); por lo tanto, los puntajes aumentan en una unidad comparados con los de la Escala de Argentina. Incluso, se debe señalar que, al momento de realizar el artículo sobre este capítulo de la tesis, aún no se había publicado el trabajo de Oliveira et al. (2023), que encuentra a la especie *Sa. albiprivus* portando el VFA en el estado de Minas Gerais, Brasil. Este hallazgo no modifica la Escala General, porque haberla encontrado infectada en la naturaleza en Argentina permitía que esa característica ya estuviera contabilizada. No obstante, refuerza la relevancia de esta especie en los ciclos selváticos de transmisión.

Algunas especies como *Hg. leucocelaenus*, *Sa. chloropterus*, *Hg. janthinomys* y *Hg. capricornii* obtuvieron altos puntajes en la Escala General, confirmando todas las características de la categorización, con numerosos reportes bibliográficos distribuidos por una gran cantidad de países y años de publicación. Sin embargo, no completan la mayoría de los criterios cuando sólo se considera Argentina, en particular, *Hg. leucocelaenus* y *Sa. chloropterus*, las cuales fueron asociadas sólo al hecho de compartir el hábitat con monos y haber sido encontradas luego de un brote, y las especies *Hg. janthinomys* y *Hg. capricornii* sólo fueron relacionadas a un brote en una única ocasión (Manso Soto et al., 1953; Barrera Oro et al., 1966; Bejarano, 1979; Goenaga et al., 2012).

Con respecto a las especies con un puntaje de 5 en la Escala General (o puntaje 10 si tenemos en cuenta la escala “ponderada”), las cuales son *Ae. aegypti*, *Ae. albopictus*, *Ae. scapularis*, *Ae. serratus* y *Hg. spegazzinii*, ninguna de estas especies ha sido estudiada en relación a la FA en Argentina. *Aedes aegypti*, a pesar de ser el vector más importante históricamente en el ciclo urbano de transmisión de este virus, tiene un puntaje bajo en Argentina debido a que aún no se han realizado estudios de competencia vectorial relacionadas al virus de la FA. Esta especie ha sido asociada a monos entre otras especies encontradas luego de un brote (Goenaga et al., 2020), y es la única especie incriminada en el ciclo urbano en la epidemia de Buenos Aires en 1871 (Lazzarino, 2021). *Aedes serratus* presenta esos puntajes porque casi todos los criterios fueron confirmados. En algunos casos se han obtenido individuos infectados en la naturaleza (Cardoso et al., 2010), aunque en otros estudios no se han encontrado individuos positivos para el VFA

Capítulo II

(Abreu et al., 2019). En este sentido otros autores rechazan la competencia (“ability,” en inglés) de esta especie en la transmisión del virus, aunque sus trabajos son muy antiguos y las técnicas diagnósticas han evolucionado (Davis & Shannon, 1929; Shannon et al., 1938).

En el caso de *Ae. fluviatilis* y *Ps. ferox*, ambas especies han sido abundantes en colectas realizadas en contextos de brotes de FA en Argentina y Brasil. Sin embargo, *Ae. fluviatilis* no ha sido encontrada infectada en el campo, y *Ps. ferox* ha sido encontrada en una sola ocasión infectada con el virus de la FA y sumado a esto, otros estudios reportan que no han podido encontrar el virus ni confirmar su capacidad vectorial (Barrera Oro et al., 1966; Goenaga et al., 2012; Abreu et al., 2019, Pinheiro et al., 2019).

Con respecto a la información de Argentina, muchos reportes, excepto los trabajos de Goenaga (Goenaga et al., 2012; 2020) están desactualizados, habiendo sido publicados hace más de 20 años atrás. Esto demuestra la falta de estudios que evalúen la importancia de estas especies en la transmisión de la FA en Argentina. Esta categorización puede ser usada para la vigilancia entomológica en el campo a cargo de los agentes de control, y para enfocar los estudios en las especies incriminadas en el ciclo selvático y orientar nuevas investigaciones en áreas de vacancia de la epidemiología de esta enfermedad.

Capítulo III

5. Capítulo III. Modelado de distribución de especies relacionadas al ciclo selvático de FA

5.1. Fundamentación

Las distribuciones geográficas y ambientales de las especies han sido objeto de estudio durante siglos en ecología, así como los métodos utilizados para su investigación (Wallace, 1860; Cabrera, 1953). Una de las últimas conceptualizaciones sobre la distribución de las especies biológicas es la de Townsend Peterson (2006). Según este autor, existen ciertos factores que influyen en la distribución: los factores abióticos (A), los factores bióticos (B) y la capacidad de dispersión (“movement” en inglés) (M). Estos tres elementos se pueden resumir en el diagrama de BAM, por la conjunción de sus siglas, el cual se trata de una representación del espacio geográfico (Figura 33) (Townsend Peterson et al., 2011; Soberón, 2017).

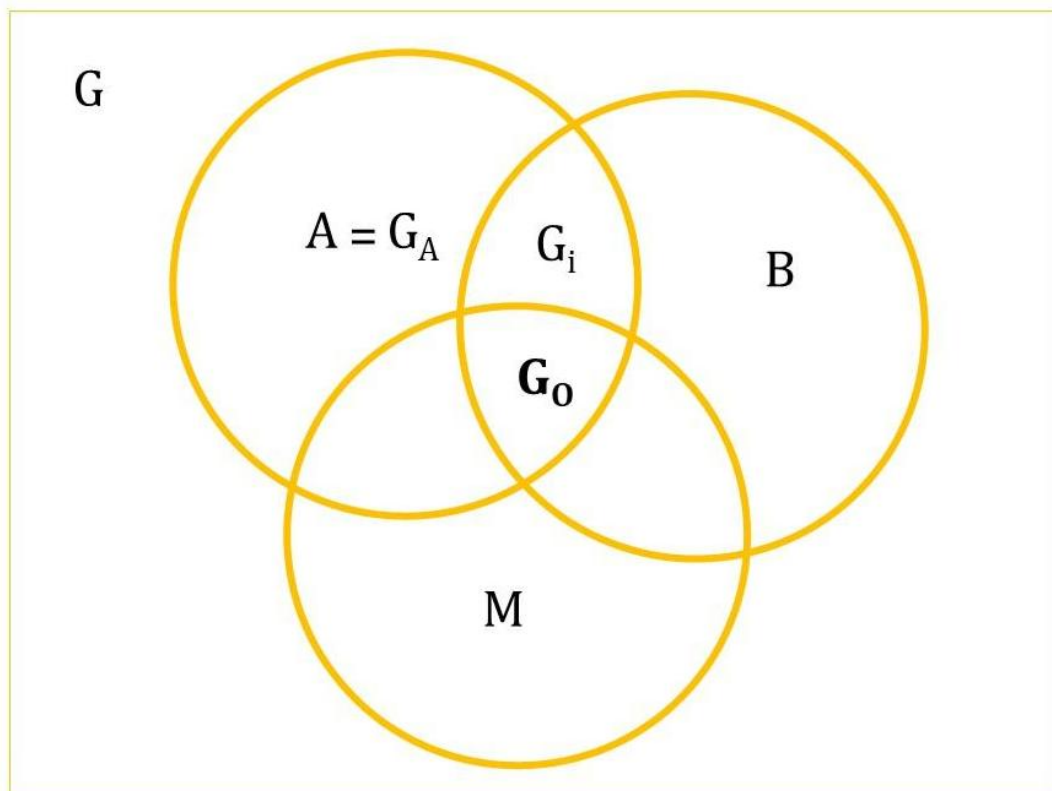


Figura 33. Diagrama de Venn llamado “diagrama BAM” que representa el espacio geográfico de una especie.

Capítulo III

Esta simplificación gráfica permite inferir que una especie tiene altas probabilidades de encontrarse en sitios donde los tres factores confluyan, a lo que también se denomina nicho ocupado o el nicho realizado (G_0). La región definida como G_1 representa zonas donde las condiciones abióticas y bióticas permitirían el desarrollo de la especie, pero es inaccesible conforme a la capacidad de dispersión de la especie (nicho realizado acotado por movimientos). La región A ó G_A se trata de aquellos sitios con variables ambientales propicias para la ocurrencia de la especie y es también llamado nicho fundamental (Nf). Con el avance de este tipo de análisis, algunos conceptos pueden verse modificados o ajustados según los objetivos específicos de cada estudio. Sin embargo, las ideas mencionadas siguen siendo las bases teóricas generales de esta temática (Sillero, 2021).

No obstante, ¿qué relación existe entre los conceptos descritos con el presente capítulo? Estas nociones algo abstractas son la base teórica de las técnicas de modelado de nicho (ENM, siglas en inglés de “Ecological Niche Model”) y de modelado de distribución (SDM, siglas en inglés de “Species Distribution Model”), dos abordajes que a su vez se encuentran relacionados con el concepto de “dualidad de Hutchinson”. El autor plantea que, si bien las áreas de distribución son subconjuntos del espacio geográfico, los nichos ecológicos existen en un espacio ambiental diferente. Además, un punto en el espacio ambiental puede corresponder a no uno, sino varios puntos en el espacio geográfico, ya que puede haber dos (o más) sitios con valores de las variables ambientales iguales o similares (Soberón et al., 2017). De esta dualidad se desprende que, con respecto a los conceptos antes nombrados, si se hace referencia al espacio ambiental o al espacio geográfico, cambian las nomenclaturas. El llamado nicho ocupado en el espacio ambiental, es el área ocupada en el espacio geográfico; el nicho realizado acotado por movimientos se denomina de esa forma en el espacio ambiental, pero se refiere al área invadible en el espacio geográfico; y por último el nicho fundamental (Nf), cuando se proyecta al espacio geográfico se trata del nicho potencial (o nicho existente) (Hutchinson, 1957; Soberón et al., 2017) (Figura 34).

Capítulo III

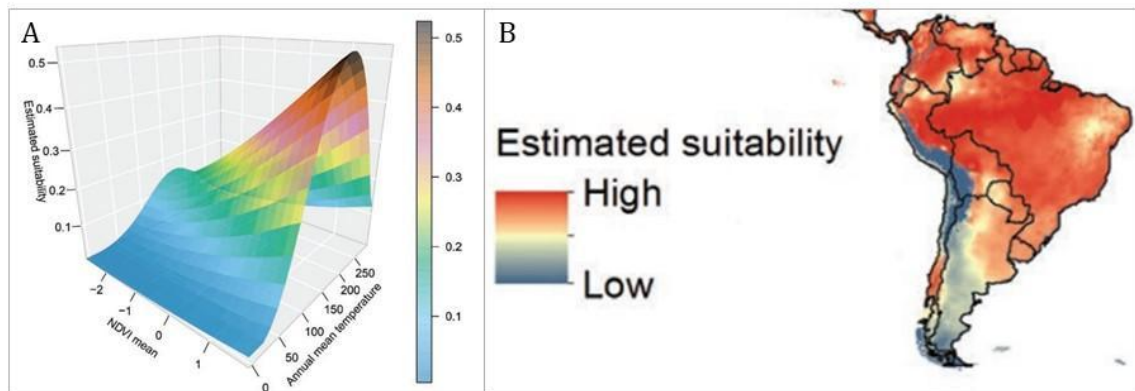


Figura 34. Comparación gráfica entre un ENM (A) y un SDM (B). Fuente: Yáñez Arenas et al., 2017.

Entonces, por un lado, la modelización de nichos, o de nichos ecológicos, tiene como objetivo principal definir las condiciones ambientales que caracterizan el nicho fundamental de una especie. Esto implica comprender los factores ambientales específicos que permiten que una especie sobreviva y se reproduzca (Townsend Peterson & Soberón, 2012). En cambio, el modelado de distribución puede plasmar en el espacio geográfico la distribución real de una especie o predecir dónde se encontrará geográficamente una especie, o sea su distribución potencial a través de los datos de presencia y las variables ambientales (Soberón et al., 2017). Estos modelos permiten realizar representaciones cartográficas de la idoneidad ("suitability", en inglés) de un área espacial para la presencia de una especie, también llamada idoneidad de hábitat (Mateo et al., 2011; Hutchinson, 1957).

Es importante resaltar que la distribución potencial está basada, como ya se mencionó, en el concepto de idoneidad ambiental, es decir, se consigue a partir de modelos que sugieren áreas en las que podría encontrarse una especie en función de las condiciones ambientales, y no tienen en cuenta todas las complejidades de las interacciones en el mundo real que afectan a la presencia real de las especies. Si se tienen en cuenta en el modelo otros factores como las interacciones bióticas como competencia, depredación, o la dispersión de la especie, se habla de la distribución real (Barve et al., 2011).

Existe una creciente utilización de los modelos de nicho y de distribución en estos últimos años, y se han propuesto criterios de empleo de estos modelos con el fin de mejorar la transparencia y la repetibilidad en las evaluaciones de la biodiversidad (Araújo et al., 2019). De esta manera, se han establecido como una herramienta

Capítulo III

estratégica en estudios epidemiológicos, de conservación, ecológicos, evolutivos, sobre el avance de especies invasoras, relacionados al cambio climático, de urbanización, entre muchos otros usos (Alvarado-Serrano & Knowles, 2014; Bajocco et al., 2016; Bond et al., 2020; Ibarra Montoya et al., 2011; Ikeda et al., 2022; Yañez Arenas et al., 2017).

En el ENM y SDM se diferencian dos grandes tipos de modelos: modelos mecanicistas y modelos correlacionales. Los modelos mecanicistas se basan en procesos fisiológicos y biofísicos de los organismos, y tienen como objetivo determinar la manera en que los factores ambientales afectan a las especies. Estos modelos suelen implicar cálculos complejos y requieren la disponibilidad de datos fisiológicos detallados sobre la especie (Townsend Peterson et al., 2011). Los modelos correlacionales o correlativos, en cambio, se centran en identificar y modelar la relación entre la presencia de una especie y las condiciones ambientales. Analizan los datos de ocurrencia geográfica para determinar qué variables ambientales se correlacionan con la presencia de una especie en diferentes lugares (Townsend Peterson et al., 2015; Pshegusov, 2023).

Por otro lado, existen diferentes métodos o modelos que se utilizan para predecir valores de una variable en función de otras que resultan conocidas. El “random forest” o bosque aleatorio es un método de aprendizaje automático (machine learning), que es adecuado en modelos con muchas variables, ya que disminuye el sobreajuste y la autocorrelación de las mismas. Este algoritmo utiliza un gran número de árboles de regresión en conjunto, pero selecciona aleatoriamente las variables predictivas (Breiman, 2001; Liang Liu et al., 2023; Tang, 2019).

En esta tesis, se utilizarán los puntos de presencia de las especies, para luego modelar su distribución potencial (SDM). Los registros de ocurrencia son los que determinarán o servirán de punto de partida para conocer cuáles son las variables ambientales que se ajustan mejor a la distribución de las especies. En este capítulo se utilizarán técnicas de modelado de distribución para dilucidar los patrones geográficos de las especies y, a través de la distribución potencial resultante, acercar una resolución a la hipótesis planteada en esta tesis.

Capítulo III

5.2. Metodología

Para desarrollar el modelo se utilizó Google Earth Engine (GEE), una plataforma de computación en la nube que permite procesar grandes cantidades de datos e imágenes de satélite (Google LLC, 2010; Mutanga & Kumar, 2019). A diferencia de los softwares como MaxEnt entre otros, GEE funciona sin necesidad de almacenar y gestionar datos localmente, aunque requiere una conexión estable a Internet. El GEE facilita la creación de mapas personalizados de la cobertura terrestre y permite la realización de modelados, ya que tiene la capacidad de generar y exportar datos ambientales de una especie en una región específica, entre muchas otras aplicaciones (Crego et al., 2022; Mutanga & Kumar, 2019; Gorelick et al., 2017).

El proceso de modelado utilizado se puede resumir en los siguientes pasos:

1. Filtrado de datos de ocurrencia.
2. Selección de variables predictivas.
3. Modelo de distribución.

5.2.1. Datos de ocurrencia

Los datos de ocurrencia utilizados en este capítulo fueron los mencionados en el Capítulo I: “Distribución geográfica de los vectores de la fiebre amarilla en Argentina”. En primer lugar, se realizó un filtrado de los datos posteriores al año 2000, de acuerdo a su fecha de colecta. En caso de que la fecha de colecta no estuviera disponible, se utilizó la fecha de publicación del trabajo al que pertenecía el dato como referencia. Se utilizaron datos posteriores al 2000 con el fin de obtener resultados más adecuados, ya que pueden ajustarse mejor a las condiciones actuales de los ecosistemas y ofrecen mejores capacidades para el monitoreo y el análisis ecológico (Pettorelli et al., 2014). De acuerdo a eso, las variables ambientales se obtuvieron también a partir de datos posteriores al 2000, hasta el año 2023.

En primer lugar, se procedió a modelar cada especie por separado, y luego se utilizó la categorización del capítulo II para modelar juntas las especies que obtuvieron el mayor puntaje en la Escala General (*Hg. janthinomys*, *Hg. leucocelaenus* y *Sa. chloropterus*). En otro modelo se incluyó a *Sa. albiprivus* entre los puntos de presencia,

Capítulo III

ya que resultó la especie con mayor puntaje para Argentina. Además, se realizó una validación, o corroboración del modelo con datos provenientes de Paraguay que son parte de un trabajo en colaboración.

En esta etapa inicial también se debió definir una resolución espacial, la que determina la escala a la que operará el modelo. En el código se define como “grainSize” y en este caso fue de 100 metros. Una vez establecida la resolución, se aplicó un filtro para eliminar los duplicados, esto es, datos que se encuentran en el mismo píxel. Este paso es importante para mejorar la precisión del modelo y evitar el sobreajuste, asegurando que cada punto de datos único contribuya de manera equitativa al proceso de entrenamiento y evaluación.

Para finalizar, se seleccionó el área de interés (AOI) de acuerdo a las ecorregiones que ocuparon los datos de presencia. Con esa finalidad, no sólo se tuvo en cuenta la superficie ocupada en nuestro país, sino las ecorregiones completas. Se realizó un “shapefile” con la agrupación de las ecorregiones: Monte de Sierras y Bolsones (High Monte), Campos y Malezales (Southern Cone Mesopotamian), Yungas (Southern Andean Yungas), Chaco Húmedo (Humid Chaco), Chaco Seco (Dry Chaco), Bosque Atlántico del Alto Paraná (Alto Paraná Atlantic Forest) (donde se encuentra en nuestro país la Selva Paranaense), Delta e Islas del Paraná (Paraná Flooded Savanna); y una vez unidas, esa capa fue la que se utilizó para la siguiente fase.

5.2.2. Variables predictivas

Como variables predictivas se utilizaron colecciones de imágenes satelitales que fueron filtradas, procesadas, y ajustadas estacionalmente para calcular sus medias en el período enero-marzo, abarcando el período 2000 a 2023, como ya se mencionó. Se descargó la temperatura superficial terrestre (LST, por sus siglas en inglés) desde el sensor MODIS (Moderate Resolution Imaging Spectroradiometer) (MOD11A2) y el índice de vegetación NDVI también desde MODIS (MOD13A2), ambos productos de MODIS ya calculados y preprocesados. La variable Precipitación se clasificó a través de CHIRPS, un producto de estimación de precipitación que combina datos de satélites con datos de estaciones meteorológicas en tierra y se calculó la media histórica del período (Funk, 2015). Para la cobertura arbórea se utilizó el GFCC (Global Forest Cover Change)

Capítulo III

(NASA MEASURES), que corresponde a un conjunto de datos producto de la adquisición de información satelital, el procesamiento de imágenes y la generación de mapas de cobertura forestal (Sexton et al., 2013). Para la elevación y los parámetros derivados (pendiente, orientación) se utilizaron los productos de la SRTM (Shuttle Radar Topography Mission), una misión que tuvo como objetivo recolectar datos topográficos de alta resolución para crear un modelo digital de elevación (DEM) casi global de las superficies terrestres (Farr et al., 2007). Las variables climáticas como evapotranspiración, déficit hídrico y humedad del suelo se obtuvieron desde el sensor TerraClimate (Abatzoglou et al., 2018). Todas estas capas se combinan en una imagen multibanda que representa los predictores climáticos y geospaciales relevantes para el modelado de nicho (Figura 35).



Figura 35. Variables predictivas utilizadas en el modelo, y la fuente utilizada en cada una de ellas.

Una vez establecidas las variables, se generó una base de datos combinándolas con los puntos de distribución, y se analizó para identificar la posible correlación entre variables con el fin de optimizar el modelo. El umbral que se utilizó para establecer la correlación fue un coeficiente de 0.7 o más; y en el caso de las variables topográficas, si no estaban correlacionadas, se optó por elegir sólo una de ellas, para evitar sobreestimar la importancia del relieve.

Capítulo III

5.2.3. Modelo de distribución

Determinar las condiciones ambientales en las que se encuentra una especie es tan importante como determinar aquellas en las que no se encuentra. Cuando se realizan este tipo de modelados, se recomienda utilizar datos de presencia y de ausencia. Sin embargo, no siempre esta información está disponible, y por eso en este caso se procedió a utilizar las pseudoausencias. Se trata de sitios en donde aparentemente no se encuentra una especie, pero que son seleccionados de manera aleatoria, o se pueden crear artificialmente (Phillips et al., 2004; Sillero et al., 2021). Aunque existen diversos métodos para estimar las pseudoausencias, en este caso se utilizó la técnica de elaboración de perfiles ambientales (Crego et al., 2022). Se utiliza información sobre el entorno y las áreas donde se conoce que las condiciones son aptas para la especie y estas son enmascaradas (u ocultas) al seleccionar las pseudoausencias.

Este paso resulta crucial para continuar con el ajuste del modelo. El procedimiento consiste en dividir a los datos en dos conjuntos: uno para entrenamiento, que se utiliza para ajustar el modelo y optimizar sus parámetros, y otro para validación, utilizado para evaluar el rendimiento del modelo en datos nuevos y no vistos durante el proceso de entrenamiento. Luego se aplicó el algoritmo Random Forest que, de forma resumida, utiliza un conjunto de árboles de decisión para hacer predicciones, y realiza múltiples iteraciones. Esto asegura que el modelo sea estable y no se encuentre sesgado por una partición específica de datos o una configuración particular, proporcionando una evaluación más precisa de su capacidad para generalizar a nuevos datos (Svetnik et al., 2003).

Al completar esta serie de pasos, se generó el modelo de idoneidad de hábitat, y se visualizó en el panel. De cada modelo se obtuvieron dos tipos de imágenes, una que representa el índice de idoneidad de hábitat (HSI) y otra que permite visualizar las áreas donde la especie (o lo que se modele) se encuentra presente y áreas de ausencia (o pseudoausencia, en este caso) del elemento modelado. Además, se realizó una evaluación de precisión para calcular métricas como sensibilidad, especificidad, AUC-ROC y AUC-PR. El AUC-ROC varía de 0 a 1, donde 1 indica una discriminación perfecta entre sitios de presencia y ausencia-pseudoausencia, 0,5 representa una discriminación

Capítulo III

no mejor que el rendimiento aleatorio, y valores menores de 0,5 indican un rendimiento peor que el aleatorio. El AUC-PR también oscila entre 0 y 1, sin embargo resulta más adecuado en datos que sólo contemplan presencia (Sofaer et al., 2019).

5.2.4. Asociación a cuerpos de agua

Se incluyó en este capítulo un último análisis de los puntos de presencia con el fin de cuantificar cuántos de ellos se encuentran asociados a cuerpos de agua. A través de QGIS se generó un buffer de 3 km de cada cuerpo de agua (ríos, arroyos, riachos, lagunas, humedales, etc.) de Argentina y luego se calculó el porcentaje de registros que se encontraron dentro de ese buffer.

5.3. Resultados

En primer lugar, se modelaron los datos de presencia por especie. Sin embargo, no fue posible obtener resultados para todas ellas debido a la poca cantidad de datos que presentaban luego del año 2000. *Hg. janthinomys*, *Sa. belisarioi*, *Sa. chloropterus*, *Sa. glaucodaemon*, *Sa. melanonymphe*, *Sa. petrocchiaie*, *Sa. purpureus* y *Sa. soperi*, dieron como resultado que los datos de entrenamiento no eran válidos, por lo que no se podía continuar con el modelo (“No valid training data were found”). Las especies *Sa. cyaneus* y *Hg. capricornii* directamente no presentaron registros luego del 2000. En otros casos, el mapa resultante del modelo no presentó un rango de valores de idoneidad de hábitat (HSI). Este fue el caso de las especies: *Hg. spegazzinii*, *Sa. albiprivus*, *Sa. aurescens*, *Sa. identicus*, *Sa. intermedius*, *Sa. undosus*. La única especie que presentó una imagen válida fue *Hg. leucocelaenus* (Figura 36). En todos los casos, la escala de colores de los mapas varía entre el rojo (valores altos de idoneidad de hábitat) y el azul (valores bajos de idoneidad de hábitat), con un gradiente de tonos entre estos dos extremos (Tabla 12).

Las variables utilizadas para modelar fueron LST, precipitación, cobertura arbórea y elevación, definidas a través de los análisis de autocorrelación. Las matrices de correlación se adjuntan en el Anexo 5.

Capítulo III

Tabla 12. Especies y agrupaciones que obtuvieron resultados válidos en el modelado. n inicial: cantidad de datos previa; n final: posterior a la eliminación de duplicados.

Especie	n inicial	n final	AUC-ROC	AUC-PR	Rango de Valores de HSI	
<i>Hg. leuocolaenus</i>	45	36	0,55	0,37	0,61	0,37
Sp-Puntaje máximo	59	42	0,60	0,38	0,62	0,35
Sp-Puntaje máximo y <i>Sa. abiprivus</i>	84	52	0,82	0,58	0,74	0,23

Capítulo III

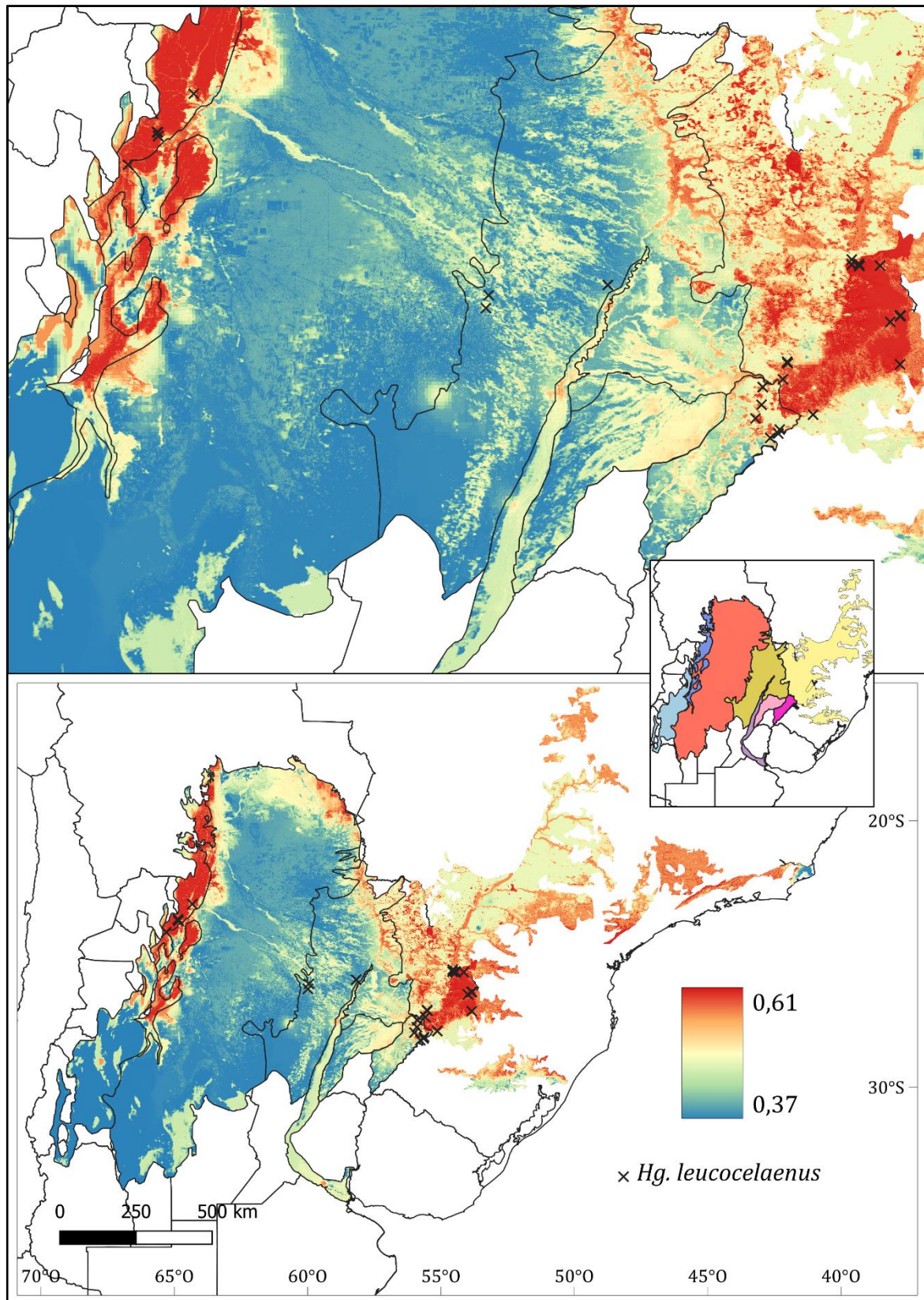


Figura 36. Modelo resultante de la especie *Hg. leucocelaenus*. AUC-ROC= 0,55; AUC-PR=0,37. Los íconos corresponden a los puntos de presencia de esta especie.

Capítulo III

Se realizó el modelo también de la agrupación de las especies que obtuvieron el máximo puntaje en la categorización del Capítulo II (*Hg. leucocelaenus*, *Hg. janthinomys* y *Sa. chloropterus*). Las variables ambientales utilizadas fueron LST, precipitación, cobertura arbórea y elevación (Figura 37).

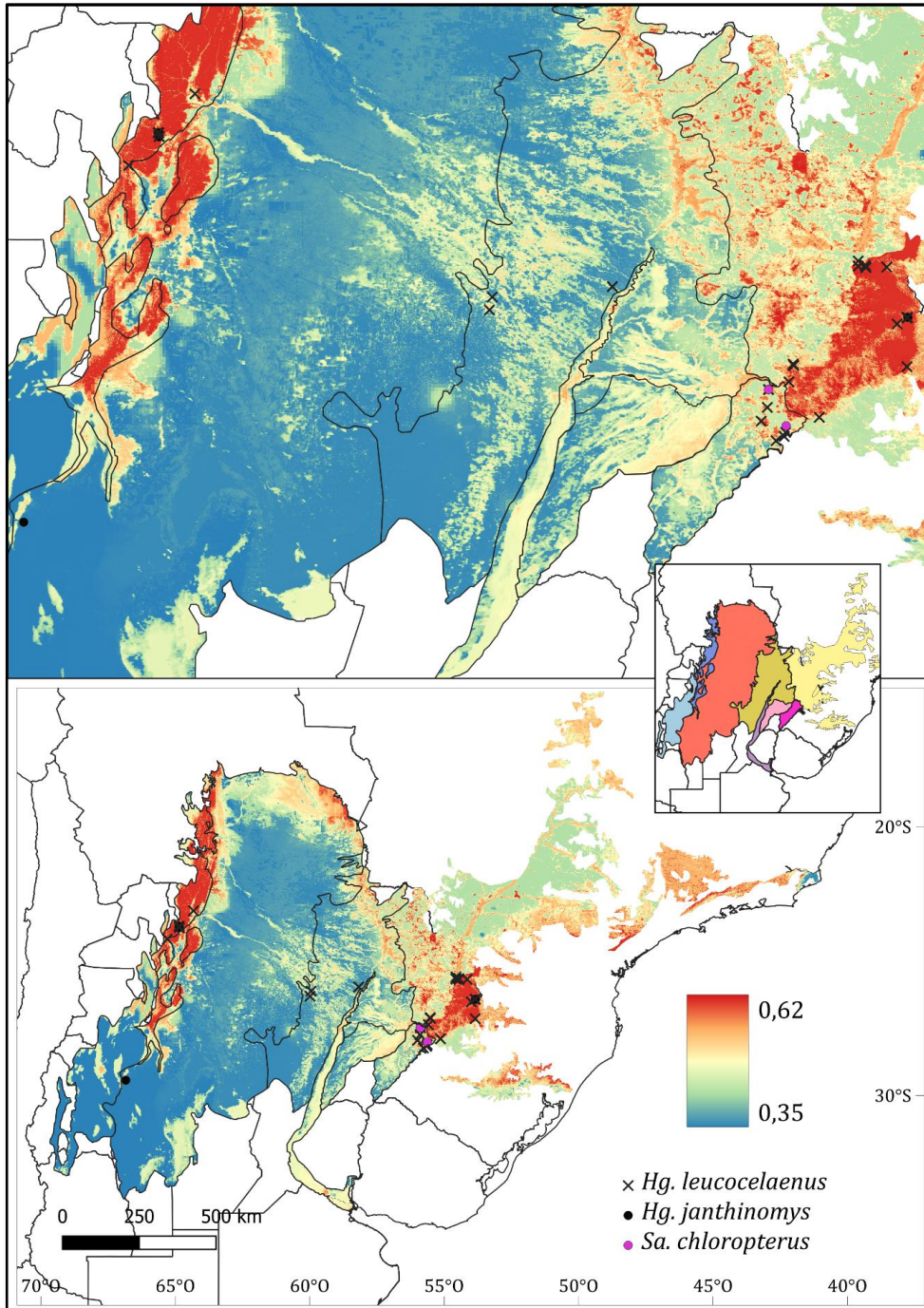


Figura 37. Modelo resultante de la agrupación de las especies que obtuvieron puntaje máximo en la categorización del Capítulo II. AUC-ROC=0,60; AUC-PR=0,38.

Capítulo III

Con respecto a este grupo, también se calcularon los valores que tomaban cada una de las variables ambientales de acuerdo a los puntos de presencia y se obtuvieron los promedios correspondientes (Tabla 13). La cobertura arbórea se refiere al porcentaje de suelo horizontal en cada píxel de 30 metros cubierto por vegetación leñosa de más de 5 metros de altura.

Tabla 13. Valores que toman las variables utilizadas en este modelo de acuerdo a los puntos de presencia de la agrupación de especies con el puntaje máximo en la categorización.

Variables	Valor Mínimo	Valor Máximo	Promedio
LST (°C)	25,3	35,8	28,8
Precipitación diaria (mm)	0,08	4,19	2,48
Precipitación mensual (mm)	2,39	125,7	74,3
Elevación (m)	71	1269	384,7
Cobertura Arbórea	0,75	70,5	42,3

También se realizó un modelo incorporando al grupo de especies a *Sa. albiprivus*, ya que es la especie que obtuvo el puntaje máximo en la Escala Argentina. De acuerdo al análisis de autocorrelación, se utilizaron las mismas variables ambientales que para el grupo anterior (Figura 38).

Capítulo III

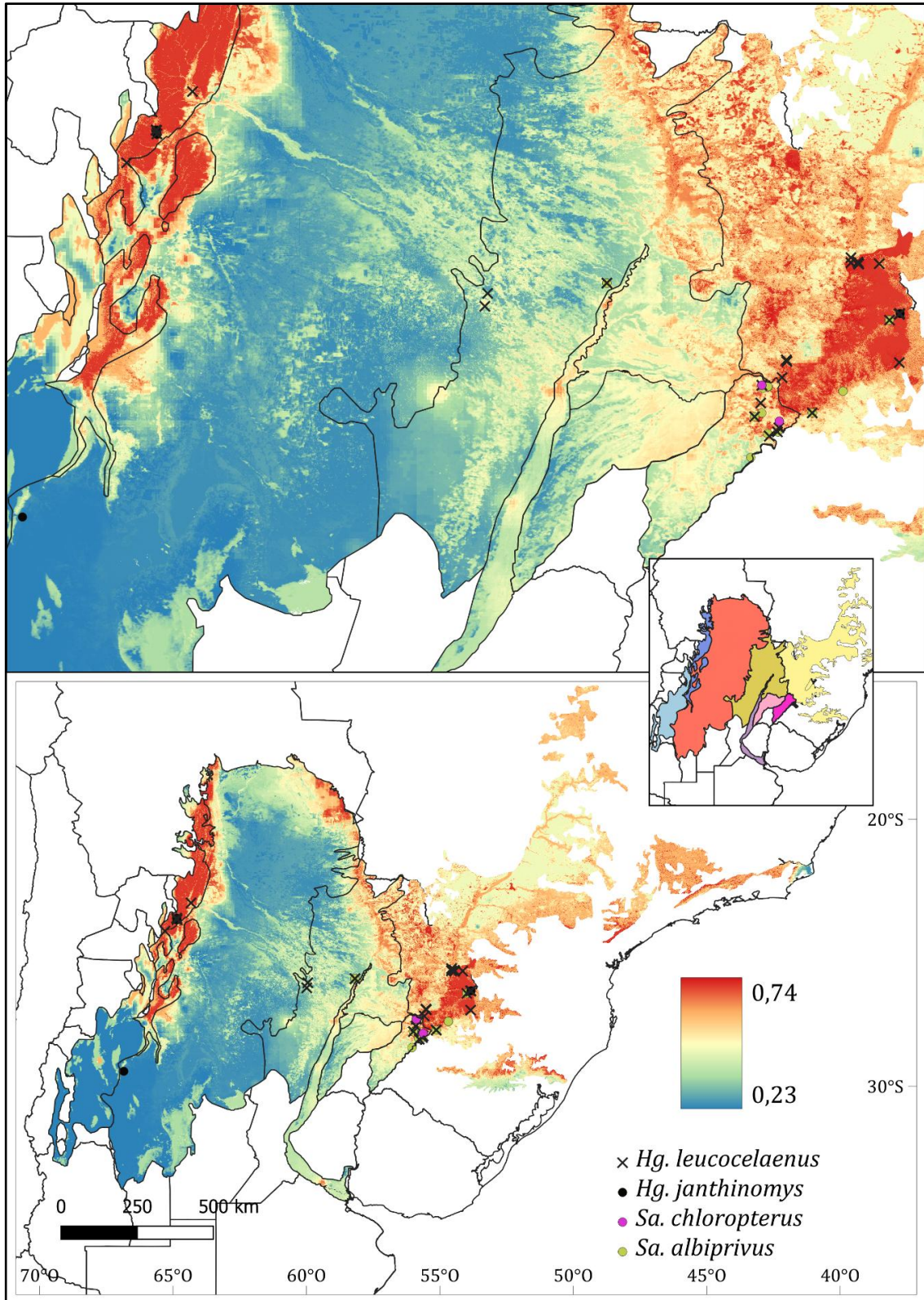


Figura 38. Modelo resultante de la agrupación de las especies que obtuvieron puntaje máximo en la categorización del Capítulo II incluyendo a *Sa. albiprivus*. AUC-ROC=0,82; AUC-PR=0,58.

Capítulo III

Una vez obtenidos estos resultados, se realizó un último análisis compilando junto a los registros de presencia de Argentina, a los registros de Paraguay, para esas mismas especies. A partir de los resultados del análisis de autocorrelación, las variables utilizadas fueron: LST, NDVI, precipitación, cobertura arbórea y pendiente.

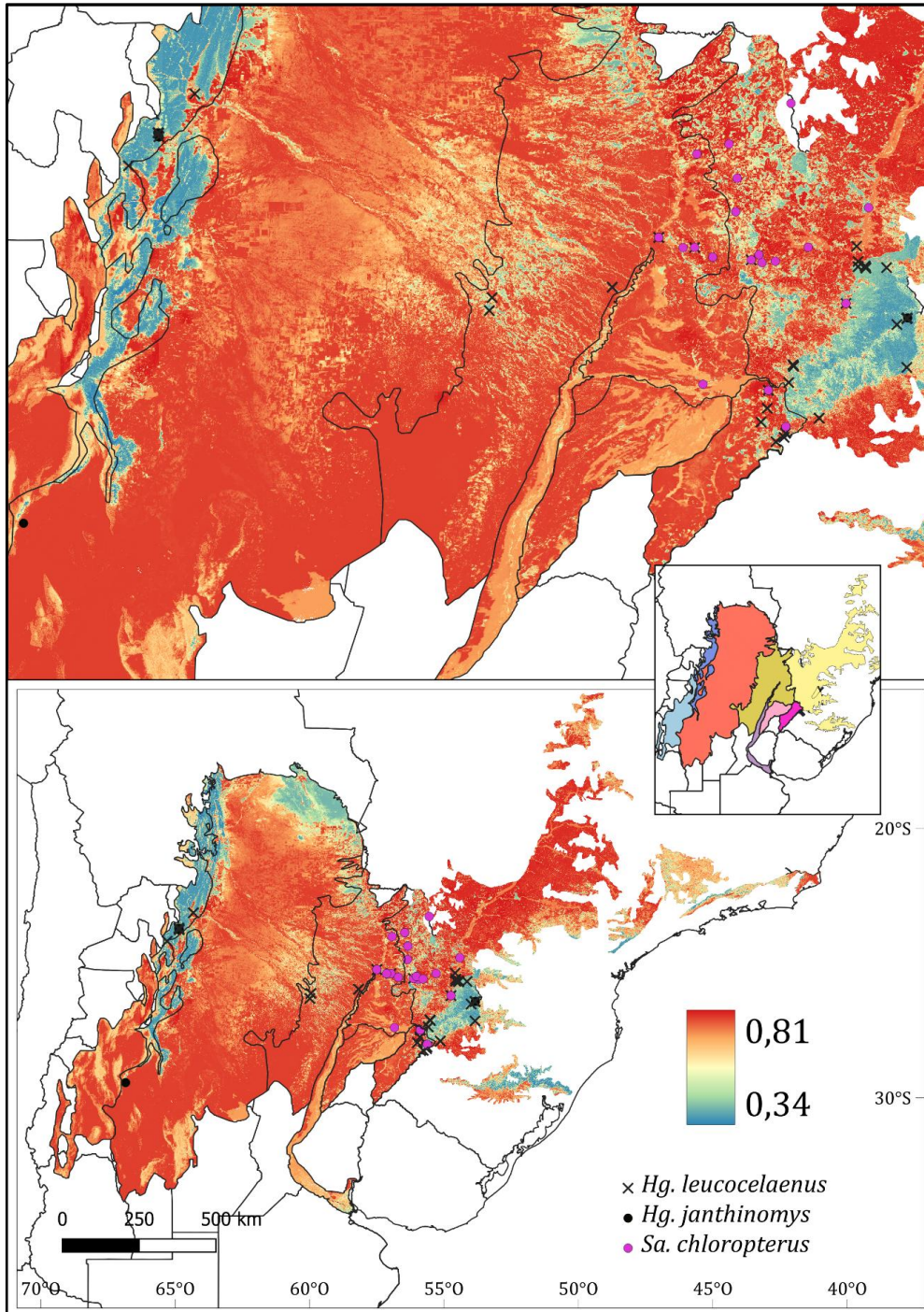


Figura 39. Modelo resultante de la agrupación de las especies que obtuvieron puntaje máximo en la categorización del Capítulo II incluyendo los registros provenientes de Paraguay. HSI=0,81 a 0,34; AUC-ROC=0,74; AUC-PR=0,61.

Capítulo III

Asociación a cuerpos de agua

Se analizó la relación de algunos de los puntos de presencia con los cuerpos de agua de Argentina, y se incluyeron además los registros totales provenientes del capítulo I, correspondientes a la base de datos de Argentina. Todos los grupos y especies presentaron porcentajes altos de asociación a cuerpos de agua (Tabla 14).

Tabla 14. Grupos y su porcentaje de asociación a cuerpos de agua. n=cantidad total de registros; n agua=cantidad de registros que se encuentran dentro del buffer de 3km correspondiente a cuerpos de agua; %=porcentaje de n agua, con respecto a n total.

Grupos	n	n agua	%
Total especies	179	171	95,5
Género <i>Haemagogus</i>	80	73	91,3
Género <i>Sabethes</i>	99	98	99
<i>Hg. janthinomys</i>	10	10	100
<i>Hg. leucocelaenus</i>	45	44	97,8
<i>Hg. spegazzinii</i>	25	19	76
<i>Sa. albiprivus</i>	25	25	100
Total Registros (Cap. I)	858	684	79,7

5.4. Discusión y Conclusiones del Capítulo III

Los resultados obtenidos son una aproximación preliminar para dilucidar la distribución potencial de las especies de mosquitos pertenecientes a estos dos géneros.

Como ya se mencionó en una primera instancia, se realizaron modelos con los registros pertenecientes a nuestro país, y se comenzó por cada especie por separado. Sin embargo, debido a la poca cantidad de datos, sólo fue posible realizar el modelo para *Hg. leucocelaenus*, aunque los valores AUC-ROC y AUC-PR no resultan altos (por debajo de 0.5), lo que indica una baja capacidad de predicción de este modelo en particular.

Cuando se modeló la agrupación formada por las especies que obtuvieron el puntaje más alto en la categorización, gráficamente se obtuvieron resultados semejantes a *Hg. leucocelaenus*, pero con métricas AUC mucho más elevadas. Como se observa en los mapas, los valores más altos de idoneidad de hábitat se presentaron en las zonas de yungas de las provincias de Jujuy, Salta y Tucumán y la zona selvática de la provincia de Misiones. Para esta agrupación también se calcularon los valores máximos, mínimos y promedio que tomaban las variables de acuerdo a los puntos de presencia, los cuales en su mayoría indicaron una correspondencia con estas zonas selváticas mencionadas, ya

Capítulo III

que coincidieron con temperaturas por encima de los 25°C y precipitaciones medias anuales de 800 mm, aunque las máximas pueden ser de 1500 mm anuales.

Con respecto a la agrupación siguiente dada por las 3 especies principales de la Escala General (*Hg. leucocelaenus*, *Hg. janthinomys* y *Sa. chloropterus*) y la especie con más puntaje de la Escala Argentina, *Sa. albiprivus*, el modelo que se obtuvo es muy similar al anteriormente mencionado, incluso con valores más altos de AUC. En estos dos últimos casos, las agrupaciones se realizaron de acuerdo a los puntajes obtenidos en la tabla del capítulo II, por las características planteadas, con el objetivo de aumentar el número de individuos en el modelado, ante la imposibilidad de modelarlas por separado.

En estos dos últimos modelos se observan valores altos de HSI en zonas de Paraguay, que luego al comparar con los puntos de presencia de ese mismo sitio, son coincidentes. Esto le otorga una mayor validez al modelo, ya que su predicción se confirma con los verdaderos puntos de presencia de Paraguay. Ahora bien, al agregar los datos de Paraguay se obtiene otro patrón y se visibiliza una zona central (Chaco Seco y Chaco Húmedo) con valores altos de HSI, contrariamente a lo obtenido utilizando los registros de Argentina solamente.

Por un lado, la incorporación de los datos de presencia en Paraguay produce un aumento en los valores de AUC-PR, lo que establece mayor solidez a estos modelos que utilizan sólo datos de presencia. Sin embargo, los patrones que se obtienen son muy diferentes con respecto a los que utiliza los registros de Argentina. Esto se podría explicar a través de la cantidad de datos de presencia en Paraguay (mayor que los de Argentina) y la forma en que están distribuidos estos puntos de acuerdo a los píxeles. En general, estos últimos caen en su mayoría en píxeles diferentes y al momento de eliminar los duplicados, la mayoría de los puntos se mantienen. Para los puntos de presencia de Argentina, que, además de ser menos que los de Paraguay, muchos de ellos se encuentran ubicados en el mismo píxel. El modelo entonces va a darle más importancia a las condiciones ambientales que se establecen por los puntos de presencia más numerosos y mejor muestreados, lo que podría explicar los resultados de estos patrones.

Se pueden señalar algunas consideraciones. En primer lugar, a pesar de lo alcanzado con la base de datos referente al primer capítulo de esta tesis, al realizar el modelado se observa que una cantidad mayor de registros hubiera introducido mejoras

Capítulo III

en los resultados. Esto se suma a que el filtrado de datos posteriores al año 2000 establece una cantidad aún menor de registros. Por último, muchos de los datos están asociados al mismo sitio de muestreo, por lo que, al momento de eliminar los duplicados, los que se encuentran muy cercanos geográficamente quedan representados sólo por un registro. Por otro lado, el análisis referido a la asociación de los puntos de presencia a los cuerpos de agua estableció la importancia que éstos tienen para las especies estudiadas. Si bien no se establecen como criaderos, ya que la mayoría de las especies de los géneros *Sa.* y *Hg.* crían en huecos de árboles y otros microhábitats naturales, evidentemente las zonas ribereñas son sitios con suelos húmedos y con una vegetación que favorece la disponibilidad de hábitats aptos para el desarrollo de los estados larvarios de estas especies.

Cuando se hace referencia a la distribución potencial se alude a las áreas donde una especie podría existir bajo condiciones ambientales adecuadas, pero que no necesariamente está presente. Si solo se cuenta con datos de presencia, como en este caso, se puede estar limitando el análisis a las áreas donde la especie ha sido observada, lo que puede no reflejar su distribución potencial completa (Townsend Peterson, 2012). A pesar de conocer este hecho, no contábamos con datos sobre la ausencia de las especies de las que se obtuvo el modelado y por este motivo, se utilizaron las pseudoausencias. Por otro lado, en este caso se utilizaron modelos correlacionales y particularmente el algoritmo random forest. Es importante continuar con este tipo de análisis que contribuyan al avance en el aprendizaje automático (algoritmos de machine learning) y la minería de datos porque son vías prometedoras para mejorar el rendimiento predictivo en los SDM (Elith & Leathwick, 2009). En este mismo sentido, los modelos correlacionales son valiosos y sería aún mejor utilizarlos junto con modelos mecanicistas y orientados a procesos para proporcionar una comprensión más completa de la distribución de las especies, por lo que este primer análisis puede representar un inicio para trabajos futuros (Townsend Peterson, 2011). Existen herramientas novedosas que podrían enriquecer estos análisis, por ejemplo, al incorporar métodos de corrección de los sesgos (Baker et al., 2021), o aquellos que evalúan a priori el impacto de las áreas muestreadas y no muestreadas (Marsh et al., 2023).

Conclusiones Finales

6. Conclusiones Finales

En esta tesis se presenta la distribución en Argentina de 17 especies pertenecientes a los géneros *Haemagogus* y *Sabethes*, de acuerdo a las divisiones administrativas y a las ecorregiones. Los registros provinieron de una búsqueda bibliográfica exhaustiva, de una colección y de tres viajes de campaña realizados en el contexto de este trabajo. Con una parte de estos resultados se realizó una publicación en una revista científica internacional (Anexo 2). En los viajes de campaña se colectaron individuos de los géneros mencionados, pero también de otras especies, estableciendo en algunos casos el primer registro para una provincia o para una ecorregión. Con respecto a *Hg.* y *Sa.*: *Sa. belisarioi* en la ciudad de Santo Tomé, nuevo registro para la provincia de Corrientes; *Sa. albiprivus* colectado en la Estancia Guaycolec, primer registro para la provincia de Formosa; y *Hg. spegazzinii* en PN El Impenetrable, el cual no se había colectado nunca en el parque, pero sí se había registrado en la provincia y en la ecorregión. A esta última además se la encontró criando en huecos de árboles del parque. Además, se realizó la identificación con herramientas moleculares de cinco ejemplares colectados, tres de la especie *Hg. spegazzinii* y dos *Hg. janthinomys*. Como se mencionó se encontraron nuevos registros confirmados de *Orthopodomyia fascipes* (nueva para la provincia de Formosa) y de *Psorophora cilipes* (nueva para provincia de Chaco). Resulta interesante haber hallado a la especie *Ae. aegypti* en estado de larva y estado adulto en la Seccional Aguas Negras del PN Calilegua, que si bien se encontró cerca del sector donde se ubica el guardaparques, se encuentra dentro de un ambiente silvestre, alejado de un área urbana.

Los campos y categorías de esta base de datos deberían tenerse en cuenta como ejemplo para aquellos grupos de investigación que publiquen registros de ocurrencia de estas especies, porque permiten visualizar cuál es la información clave que se precisa para los estudios de distribución geográfica. Incluso, puede servir como ejemplo para relevar información de otros géneros o especies. Resulta evidente que es indispensable para quienes compilan este tipo de datos, que exista la georreferenciación o en su defecto, la localidad del registro. Sin embargo, otros datos como la fecha de colecta, la cantidad de individuos colectados, o el método de captura también son aspectos importantes para realizar descripciones más completas de las especies, teniendo en

Conclusiones Finales

cuenta por supuesto el objetivo de la recopilación. Otro valor que tiene esta base de datos es que se ha publicado completa en una plataforma gratuita, accesible y pública como lo es GBIF, de tal manera que sirve de insumo para cualquier otra investigación de vectores de FA selvática que en adelante se quiera realizar.

En el capítulo II en primer lugar se generó una categorización de potenciales vectores de FA selvática. Para eso, se plantearon criterios de incriminación y de acuerdo a estos se realizó la búsqueda bibliográfica, por lo que no sólo se incluyeron los géneros *Hg.* y *Sa.*, sino cualquier especie implicada de alguna manera con el ciclo selvático de FA. La búsqueda bibliográfica fue exhaustiva, revisándose así trabajos históricos y actuales, trabajos publicados en revistas científicas, incluyendo notas, reportes, listados de especies, de Argentina y de otros países de Sudamérica. La tabla resultante facilitó la organización de los datos disponibles, permitió identificar especies previamente no consideradas como vectores, evidenció vacíos en el conocimiento, y destacó los criterios con mayor o menor nivel de estudio. Sin embargo, su principal aporte fue la identificación de aquellas especies con múltiples criterios de incriminación positivos.

Para resumir la información de la tabla y facilitar la identificación de las especies con mayor relevancia como vectores, se elaboraron dos escalas, una equitativa y otra ponderada. Cada una de ellas fue diferenciada en función de los criterios investigados tanto a nivel nacional (Escala Argentina) como sudamericano (Escala General). Las especies *Hg. leucocelaenus*, *Hg. janthinomys*, *Sa. chloropterus* y *Hg. capricornii* resultaron las de mayor puntaje en las escalas equitativa y ponderada a nivel sudamericano. Sin embargo, en nuestro país, la especie que se presenta como la de mayor importancia es *Sa. albiprivus*. Un factor que puede estar generando la diferencia entre la Escala Argentina y la Escala General, es el escaso desarrollo de estudios respectivos a los criterios planteados en estas especies en nuestro país, como competencia vectorial, detección del virus o investigaciones sobre preferencia alimentaria de los vectores, por lo que estas escalas podrían servir para influenciar, dirigir e incentivar futuras investigaciones. Es interesante que, en Argentina a pesar de que la mayoría de las especies (géneros *Hg.* y *Sa.*) se han registrado luego de un brote o compartiendo hábitat con PNHs, solamente se haya encontrado el virus en *Sabethes albiprivus*, siendo que en otros países los estudios en su mayoría han señalado a otras especies como principales

Conclusiones Finales

y sólo investigaciones recientes ponen en evidencia a *Sa. albiprivus* como vector. En este contexto, se evidencia la necesidad de investigar la capacidad vectorial para la transmisión del virus de FA en Argentina, y proporciona una orientación clave para establecer prioridades en cuanto a las especies que deben ser estudiadas. Un aspecto interesante de este capítulo es que no sólo define o cuantifica la importancia de las especies con mayor puntaje, sino que permite identificar a aquellas especies que pueden tener un rol en el ciclo selvático, pero que al no tratarse del género *Hg.* o *Sa.*, no se tenían en cuenta. Incluso, permite visualizar cuáles de los criterios estudiados han obtenido resultados negativos, sin la necesidad de tener que realizar búsquedas bibliográficas trabajosas que requieren demasiado tiempo.

Por último, con la base de datos del capítulo I como insumo, se realizaron modelos de distribución. Para eso en primer lugar se seleccionaron los datos pertenecientes al rango 2000-2023, luego se seleccionaron las variables ambientales que se utilizarían y finalmente se utilizó la plataforma Google Earth Engine para confeccionar los mapas de acuerdo a los valores de idoneidad de hábitat que se establecieron en los distintos modelos. Se realizaron modelos que poseían solamente los datos de Argentina y otros que incluyeron datos provenientes de Paraguay. Las dos últimas agrupaciones con los datos de Argentina, la que incluyó a todas las especies y la de las tres especies de puntaje máximo en la escala del capítulo II, fueron las que obtuvieron mejores resultados. Además, se observaron valores altos de idoneidad de hábitat en los sitios en los que posteriormente se ubicaron los muestreos de Paraguay, lo que funcionaría como una verificación de la validez del modelo. Ahora bien, cuando estos registros de Paraguay se modelaron junto a los de Argentina, se pusieron de manifiesto las diferencias de muestreo de cada conjunto de datos, y si bien la incorporación de estos últimos permitió mejorar los valores de validez de los modelos, dieron resultados bastante disímiles a los que utilizaron sólo datos de Argentina.

Puede haber algunos elementos que confirmen la hipótesis sobre la distribución continua entre la Selva Paranaense y la selva de Yungas. Por un lado, la especie *Hg. spegazzinii* es una de las especies que, de acuerdo a los registros encontrados en la bibliografía y las colectas, presenta una continuidad entre ambas ecorregiones. Con respecto a todas las demás, se observa que se encuentran en el NEA o en el NOA o en

Conclusiones Finales

ambos, sin registros en una zona intermedia. En cuanto a los modelos predictivos, si se tienen en cuenta los registros de Argentina, se observan ciertas zonas de conexión, en particular el río Bermejo y el río Pilcomayo con valores medios del índice de idoneidad de hábitat. A su vez se observa que los registros se encuentran altamente vinculados con los cursos de agua y con las zonas ribereñas. Los géneros *Hg.* y *Sa.* pueden verse favorecidos con las condiciones de estos ambientes debido a la presencia de vegetación que también requiere altos niveles de humedad. Estos modelos establecen un mecanismo de retroalimentación continua, ya que los valores del índice de idoneidad de hábitat (obtenidos mediante análisis de registros de ocurrencia), permiten identificar áreas con condiciones favorables para la presencia de estas especies (disponibilidad de abundantes fuentes de alimento y hábitat propicios para cumplir su ciclo de vida), y de esta manera orientar los esfuerzos de muestreo hacia zonas con mayor probabilidad de presencia.

A partir de los datos obtenidos en esta tesis, se pone en evidencia una distribución continua de las especies entre las ecorregiones de Selva Paranaense y Yungas a través de los cuerpos de agua que podrían funcionar como corredores biológicos. Esto funcionaría así para *Hg. leucocelaenus*, la agrupación formada por las tres especies más importantes de la Escala General (con la excepción de *Hg. capricornii* que tuvo que ser eliminada porque sus registros eran previos al 2000) y para *Sa. albiprivus* (la especie más importante de acuerdo al puntaje de la Escala Argentina). Con respecto a las demás especies de los géneros no es posible realizar la misma afirmación, debido a la imposibilidad de utilizarlas en los análisis, e incluso de establecer agrupaciones que permitan realizar modelos de distribución.

Otros aspectos derivados de la información obtenida en esta tesis es la posibilidad de identificar zonas de muestreo que requieren mayor exploración, la búsqueda de hospedadores alternativos a los primates, y estudios de ingesta sanguínea en mosquitos, permitiendo profundizar el conocimiento del entramado complejo de estos arbovirus en la naturaleza. Asimismo, los resultados de esta tesis pueden ayudar a definir en qué especies es necesario ampliar los estudios sobre capacidad vectorial. También, subrayar la importancia y urgencia de obtener registros actualizados de *Hg. capricornii* y de estudios profundos y exhaustivos de taxonomía integrativa que

Conclusiones Finales

permitan facilitar la identificación de esta especie respecto de otras con grandes similitudes como *Hg. janthinomys*.

Por otro lado, resalta el valor de los estudios ecológicos para la identificación de hábitats específicos para cada especie en nuestro país y la necesidad de profundizar en la posible competencia interespecífica, considerando factores como la altura del dosel en ecosistemas selváticos.

El conocimiento sobre la distribución geográfica de estas especies es un insumo necesario para el desarrollo de políticas públicas orientadas a la prevención de la fiebre amarilla selvática. Esto no solo contribuiría a mitigar áreas de riesgo de epizootias, sino también a localizar áreas posibles de brotes urbanos que podrían afectar a la población humana. Las áreas que poseen mayor diversidad de especies de estos géneros podrían ser zonas aptas para dirigir y planificar las campañas de vacunación, en especial si estos sitios son limítrofes con países como Brasil en los que circula de forma más frecuente la FA.

Reflexión final:

Como naturalistas de tradición sería interesante poder explorar todos los lugares, incluso los más recónditos. La vorágine de la investigación, el contexto actual y el modo en que se construye la ciencia argentina, atada a los vaivenes políticos hacen que esto sea imposible. ¿Qué subsidio podría financiar una campaña tan larga por lugares desconocidos y por simple curiosidad de exploración?

Esto lejos de intimidarnos, debe ayudarnos a pensar estrategias para cumplir nuestros objetivos. Muchas veces me pregunto (y me pregunté durante el transcurso de esta tesis) y más en estos tiempos donde la desacreditación y desfinanciamiento está a la vuelta de la esquina... ¿para qué hacemos lo que hacemos? ¿A quién ayudamos con nuestras investigaciones? No encuentro una respuesta corta y concisa, pero intentaré elaborarla.

Como en la vida, cuando nos surgen dudas, si no sabemos quiénes somos, si no nos conocemos, ¿cómo nos damos cuenta qué es lo que nos hace falta, lo que necesitamos? Esto aplicado a la investigación y en particular a la ciencia argentina, funciona de la misma manera. Una tesis como ésta no tiene una aplicación directa a

Conclusiones Finales

quienes habitan el territorio, no aporta un beneficio instantáneo a la sociedad. Sin embargo, busca conocer, conocernos. Las especies que habitan este país, dónde se encuentran, cuáles tienen potencial para transmitir la fiebre amarilla, por qué es importante aumentar los estudios sobre ellas, e intenta predecir en qué zonas se pueden distribuir. Si esto no lo hace una bióloga argentina con una beca otorgada por un organismo nacional, ¿qué capital extranjero lo financiaría?

Volviendo a la primera reflexión, conocer lo que sucede en nuestro país, nos permite tomar decisiones. Este es un punto de partida (o intenta serlo). Por eso espero/persigo/lucho por una ciencia soberana, local, regional, latinoamericana para todxs.

Perspectivas a futuro

7. Perspectivas a futuro

Uno de los aspectos principales que pone de manifiesto esta tesis es la necesidad de nuevos muestreos en nuestro país que aumenten la cantidad de registros actuales (post-2000) y no sólo se registren los sitios donde se hayan encontrado ejemplares sino también, los sitios donde no se hallen, es decir, sus ausencias. Entonces, planificar más campañas, sobre todo en las zonas intermedias entre la selva Paranaense y de Yungas es uno de los próximos objetivos.

A su vez, la bibliografía relacionada a esta temática sigue publicándose continuamente, por lo que la base de datos debe ser actualizada de manera permanente, al igual que la categorización y las escalas. En este último punto, es importante resaltar la publicación de dos trabajos no contemplados al momento de este estudio, uno mencionado ya en la discusión del capítulo (Oliveira et al., 2023) y otro con nueva evidencia sobre individuos infectados con el VFA en Brasil, pertenecientes a las especies *Sa. sopra*, *Sa. identicus* y *Shannoniana fluviatilis* (entre otras) (Stanzani et al., 2022). El rápido avance en el estudio de estas temáticas pone de manifiesto la necesidad de la actualización y dedicación constante a la que se encuentra sometida esta categorización.

Un propósito a corto plazo tiene que ver con la publicación de una base de datos sudamericana, en la cual se viene trabajando en contacto con colegas de otros países. En este sentido, con Perú ya se ha colaborado publicando un trabajo (Requena et al, 2024) y su respectiva base de datos asociada en la plataforma GBIF (Cano et al., 2024), y de la misma manera se está trabajando en la elaboración de un artículo y una carga al GBIF de un conjunto de datos para Paraguay, en el marco de un convenio entre el Servicio Nacional de Erradicación del Paludismo (SENEPA) y la UNLP.

Como ya se mencionó, es de particular importancia la especie *Hg. capricornii*, que a causa de los pocos registros encontrados en el país y su similitud morfológica con la especie *Hg. janthinomys*, representa un interrogante dentro de este género de mosquitos. Una herramienta no explorada en esta tesis fue la morfometría geométrica, la cual podría despejar dudas sobre estas especies crípticas que podrían pertenecer a un complejo *capricornii/janthinomys*. Incluso, a través de las colectas contamos con machos de ejemplares determinados como *Hg. janthinomys*, con los que se puede realizar estudios de genitalia que no se han podido concretar en esta tesis. Los registros actuales

Perspectivas a futuro

de esta especie en Argentina son muy escasos, lo que representó una dificultad a la hora de incorporarlos a los modelos de predicción; por este motivo es necesario orientar la búsqueda de ejemplares de esta especie comenzando por los sitios donde históricamente se mencione su presencia.

La plataforma de Google Earth Engine utilizada en el Capítulo III de esta tesis produjo resultados satisfactorios y relativamente sencillos de analizar. Sin embargo, otra herramienta que se podría haber utilizado es el algoritmo “ntbox” (Osorio-Olvera et al., 2020), la cual también se usa para este tipo de modelos de distribución. Trabajos futuros podrían estar orientados a comparar ambas herramientas con respecto a los resultados que produzca, además de evaluar su facilidad de uso y su accesibilidad.

Bibliografía

8. Referencias bibliográficas

1. Abatzoglou, J. T., Dobrowski, S. Z., Parks, S. A., & Hegewisch, K. C. (2018). TerraClimate, a high-resolution global dataset of monthly climate and climatic water balance from 1958-2015. *Scientific Data*, 5. <https://doi.org/10.1038/sdata.2017.191>
2. Abreu, F. V. D. S., Ribeiro, I. P., Ferreira-de-Brito, A., Santos, A. A. C. D., Miranda, R. M., Bonelly, I. D. S., Neves, M. S. A. S., Bersot, M. I., Santos, T. P. D., Gomes, M. Q., Silva, J. L., Romano, A. P. M., Carvalho, R. G., Said, R. F. D. C., Ribeiro, M. S., Laperrière, R. D. C., Fonseca, E. O. L., Falqueto, A., Paupy, C., ... Lourenço-de-Oliveira, R. (2019). *Haemagogus leucocelaenus* and *Haemagogus janthinomys* are the primary vectors in the major yellow fever outbreak in Brazil, 2016-2018. *Emerging Microbes & Infections*, 8(1), 218–231. <https://doi.org/10.1080/22221751.2019.1568180>
3. Alcolado, P. M. (1998). Conceptos e índices relacionados con la diversidad. *Avicennia*, 8(9), 7–21.
4. Alencar, J., Lorosa, E. S., Dégallier, N., Serra-Freire, N. M., Pacheco, J. B., & Guimaraes, A. E. (2005). Feeding patterns of *Haemagogus janthinomys* (Diptera: Culicidae) in different regions of Brazil. *Journal of Medical Entomology*, 42(6), 981–985.
5. Altschul, S. F., Gish, W., Miller, W., Myers, E. W., & Lipman, D. J. (1990). Basic Local Alignment Search Tool. *Journal of Molecular Biology*, 215, 403–410.
6. Alvarado-Serrano, D. F., & Knowles, L. L. (2014). Ecological niche models in phylogeographic studies: Applications, advances and precautions. *Molecular Ecology Resources*, 14(2), 233–248. <https://doi.org/10.1111/1755-0998.12184>
7. APN. (2006). *Plan Quinquenal de Manejo 2007-2011 - PN Río Pilcomayo*.
8. Araújo, M. B., Anderson, R. P., Barbosa, A. M., Beale, C. M., Dormann, C. F., Early, R., Garcia, R. A., Guisan, A., Maiorano, L., Naimi, B., O'hara, R. B., Zimmermann, N. E., & Rahbek, C. (2019). Standards for distribution models in biodiversity assessments. *Science Advances*, 5, 4858–4874. <https://www.science.org>
9. Arnell, J. H. (1973). Mosquito studies (Diptera, Culicidae). XXXII. A revision of the genus *Haemagogus*. *Contributions of the American Entomological Institute*, 10(2), 1–174.
10. Ayala, M. M., Muttis, E., Lizuain, A. A., Cano, M. E., Marti, G. A., Poklepovich, T., Campos, J., Acardi, S., Leporace, M., Manteca-Acosta, M., & Micieli, M. v. (2024). Barcoding of mosquito species considered potential vectors of Yellow fever virus in epimiological risk areas of northeastern Argentina. *Revista de La Sociedad Entomológica Argentina*, 83(2), 94–99. <https://doi.org/https://doi.org/10.25085/rsea.830213>
11. Bajocco, S., Ceccarelli, T., Smiraglia, D., Salvati, L., & Ricotta, C. (2016). Modeling the ecological niche of long-term land use changes: The role of biophysical factors. *Ecological Indicators*, 60, 231–236. <https://doi.org/10.1016/j.ecolind.2015.06.034>
12. Baker, D. J., Maclean, I. M. D., Goodall, M., & Gaston, K. J. (2022). Correlations between spatial sampling biases and environmental niches affect species distribution models. *Global Ecology and Biogeography*, 31(6), 1038–1050. <https://doi.org/10.1111/geb.13491>
13. Barrera Oro, J. G., Gutman Frugone, L. F., García, M., Casal, O. H., Duret, J. P., Bachmann, A., & Vilches, A. M. (1966). Aislamiento de virus de mosquitos capturados en zona epidémica de fiebre amarilla. *Ciencia e Investigación*, 22(11), 510–514.
14. Barve, N., Barve, V., Jiménez-Valverde, A., Lira-Noriega, A., Maher, S. P., Townsens Peterson, A., Soberón, J., & Villalobos, F. (2011). The crucial role of the accessible area in ecological niche modeling and species distribution modeling. *Ecological Modelling*, 222(11), 1810–1819. <https://doi.org/10.1016/j.ecolmodel.2011.02.011>
15. Bejarano, J. F. R. (1979). Estudio sobre fiebre amarilla selvática en la República Argentina - Necesidad de una Organización de Lucha Antiamarílica. *Ministerio de Bienestar Social*, 1–64.
16. Bekerman, F. (2016). El desarrollo de la investigación científica en Argentina desde 1950: entre las universidades nacionales y el Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas. *Universia*, 18(VII), 3–23. <http://ries.universia.net>
17. Black IV, W. C., Bennett, K. E., Gorrochotéguí-Escalante, N., Barillas-Mury, C. v, Fernández-Salas, I., Muñoz, M. L., Farfán-Alé, J. A., Olson, K. E., & Beaty, B. J. (2002). Flavivirus susceptibility in *Aedes aegypti*. *Archives of Medical Research*, 33(4), 379–388. [https://doi.org/10.1016/S0188-4409\(02\)00373-9](https://doi.org/10.1016/S0188-4409(02)00373-9)
18. Blacksley, J. C., del Ponte, E., & Bejarano, J. F. R. (1951). Nuevas adquisiciones epidemiológicas sobre la fiebre amarilla en el Noreste Argentino.

Bibliografía

- Boletín de La Oficina Sanitaria Panamericana, Julio 1951, 39–45.
19. Bond, J. G., Moo-Llanes, D. A., Ortega-Morales, A. I., Marina, C. F., Casas-Martínez, M., & Danis-Lozano, R. (2020). Diversity and potential distribution of culicids of medical importance of the Yucatan Peninsula, Mexico. *Salud Pública de Mexico*, 62(4), 379–387. <https://doi.org/10.21149/11208>
 20. Breiman, L. (2001). Random Forests. *Machine Learning*, 45, 5–32.
 21. Brèthes, J. (1912). Los mosquitos de la República Argentina. *Boletín Del Instituto Entomológico y de Patología Vegetal, Tomo I*, 1–48.
 22. Burkart, R., Bárbaro, N. O., Sánchez, R. O., & Gómez, D. A. (1999). *Eco-regiones de la Argentina*. Administración de Parques Nacionales.
 23. Buzzi, M. A., Quezada, M. L., & Roque Vilchis, L. F. (2022). Distribución potencial de aves amenazadas en Patagonia Argentina como herramienta para las políticas públicas. *Revista CoPaLa, Construyendo Paz Latinoamericana*, Número 14(14), 40–50. <https://doi.org/10.35600/25008870.2022.14.0220>
 24. Cabrera, A. L. (1953). Esquema fitogeográfico de la República Argentina. *Revista Del Museo Eva Perón*, 4(Botánica), 87–168.
 25. Cabrera, A. L., & Willink, A. (1973). *Biogeografía de América Latina*. Secretaría General de los Estados Americanos. <https://doi.org/225308>
 26. Câmara, F. P., Gomes, A. L. B. B., de Carvalho, L. M. F., & Castello, L. G. v. (2011). Comportamento dinâmico da febre amarela silvestre no Brasil (1954-2008). *Revista Da Sociedade Brasileira de Medicina Tropical*, 44(3), 297–299. <https://doi.org/10.1590/S0037-86822011005000024>
 27. Campos, R. E., G. Spinelli, and M. Mogi. (2011). Culicidae and ceratopogonidae (Diptera: Nematocera) inhabiting phytotelmata in Iguazú National Park, Misiones Province, subtropical Argentina. *Revista de la Sociedad Entomológica Argentina*. 70: 111–118.
 28. Camps, J. (2004). Los primeros conejos en América, y los hallados, según las “Crónicas de Indias.” *Cunicultura*, 29(167), 15–20.
 29. Cano, M. E., Marti, G. A., Balsalobre, A., Muttis, E., Bruno, E. A., Rossi, G., & Micieli, M. v. (2021) a. Database of *Sabethes* and *Haemagogus* (Diptera: Culicidae) in Argentina: Sylvatic Vectors of the Yellow Fever Virus. *Journal of Medical Entomology*, 58(4), 1762–1770. <https://doi.org/10.1093/jme/tjab059>
 30. Cano M. E., Balsalobre A., Rossi G. C., Bruno E. A., Varela Fernández D. M., Marti G. A., Micieli M. V. (2021) b. Datos de ocurrencia de los géneros *Sabethes* y *Haemagogus* (Diptera: Culicidae), vectores de Fiebre Amarilla, presentes en Argentina. Version 1.1. Centro de Estudios Parasitológicos y de Vectores (CEPAVE). Occurrence dataset <https://doi.org/10.15468/wp2tfg> accessed via GBIF.org on 2024-11-01.
 31. Cano, M. E., Marti, G. A., Alencar, J., Freitas Silva, S. O., & Micieli, M. V. (2022). Categorization by Score of Mosquito Species (Diptera: Culicidae) related to Yellow Fever epizootics in Argentina. *Journal of Medical Entomology*, 59(5), 1766–1777. <https://doi.org/https://doi.org/10.1093/jme/tjac079>
 32. Cano, M. E., Balsalobre, A., Vicente, M. E., Requena Zuñiga, E., León Cueto, W. G., Cáceres Lázaro, A. G., Marti, G. A., Micieli, M. V. (2023). Datos de ocurrencia de los géneros *Sabethes* y *Haemagogus* (Diptera: Culicidae), vectores de Fiebre Amarilla, presentes en Perú. Version 1.3. Centro de Estudios Parasitológicos y de Vectores (CEPAVE). Occurrence dataset <https://doi.org/10.15468/ucvmma> accessed via GBIF.org on 2024-11-24.
 33. Carcavallo, R. U., & Martínez, A. (1968). Fiebre amarilla, vectores y cadena epidemiológica. *Comunicaciones Científicas de Las Fuerzas Armadas Argentinas*, 13(1), 105–144.
 34. Cardoso, J. C., Bicudo de Paula, M., Fernandes, A., dos Santos, E., Barreto de Almeida, M. A., Fernandes da Fonseca, D., & Sallum, M. A. (2010). Novos registros e potencial epidemiológico de algunas especies de mosquitos (Diptera, Culicidae), no estado do Rio Grande do Sul. *Revista Da Sociedade Brasileira de Medicina Tropical*, 43(5), 552–556. <https://doi.org/10.1590/S0037-86822010000500016>
 35. Castro, M., García, M., & Bressanello, M. D. (1959). Diptera Culicidae Culicinae. *Primeras Jornadas Entomoepidemiológicas Argentinas*, 2, 547–562.
 36. Ceccarelli, S., Balsalobre, A., Medone, P., Cano, M. E., Gurgel Gonçalves, R., Feliciangeli, D., Vezzani, D., Wisnivesky-Colli, C., Gorla, D. E., Marti, G. A., & Rabinovich, J. E. (2018). Data Descriptor: DataTri, a database of American triatomine species occurrence. *Scientific Data*, 5, 1–9. <https://doi.org/10.1038/sdata.2018.71>
 37. Chippaux, J.-P., & Chippaux, A. (2018). Yellow fever in Africa and the Americas, 2016. *Journal of Venomous Animals and Toxins Including Tropical*

Bibliografía

- Diseases, 24(20), 1–14. <https://doi.org/doi.org/10.1186/s40409-018-0162-y>
38. Cigliano, M.M., M.C. Melo, S.I. Montemayor, M.G. del Río & P.M. Dellapé. BiodAr. Biodiversity of Insects from Argentina y Uruguay [02-08-2024] <https://biodar.unlp.edu.ar/>
39. Clements, A. N. (2012). Transmission of yellow fever virus. In R. Cutts (Ed.), *The Biology of Mosquitoes* (pp. 218–250). CABI.
40. Couto-Lima, D., Andreazzi, C. S., Leite, P. J., Bersot, M. I. L., Alencar, J., & Lourenço-de-Oliveira, R. (2020). Seasonal population dynamics of the primary yellow fever vector *Haemagogus leucocelaenus* (Dyar & Shannon) (Diptera: Culicidae) is mainly influenced by temperature in the Atlantic forest, Southeast Brazil. *Memórias Do Instituto Oswaldo Cruz*, 115(6), 1–13. <https://doi.org/10.1590/0074-02760200218>
41. Couto-Lima, D., Madec, Y., Bersot, M. I., Campos, S. S., Motta, M. A., dos Santos, F. B., Vazeille, M., da Costa Vasconcelos, P. F., Lourenço-de-Oliveira, R., & Failloux, A. B. (2017). Potential risk of re-emergence of urban transmission of Yellow Fever virus in Brazil facilitated by competent *Aedes* populations. *Scientific Reports*, 7(1). <https://doi.org/10.1038/s41598-017-05186-3>
42. Crego, R. D., Stabach, J. A., & Connette, G. (2022). Implementation of species distribution models in Google Earth Engine. *Diversity and Distributions*, 28(5), 904–916. <https://doi.org/10.1111/ddi.13491>
43. Crosby, A. (1972). *El intercambio colombino: Consecuencias biológicas y culturales de 1492*. Greenwood Press.
44. Crosby, A. (1988). Ecological imperialism: The biological expansion of Europe 900-1900 (Editorial Crítica).
45. Crosby, A. W. (1976). Virgin Soil Epidemics as a Factor in the Aboriginal Depopulation in America. *The William and Mary Quarterly*, 33(2), 289–299.
46. Cruz, P. (2017). Distribución, requerimientos de hábitat e interacciones ecológicas de los felinos medianos y pequeños del Bosque Atlántico del Alto Paraná de la provincia de Misiones. Tesis Doctoral.
47. Cunha, M. S., da Costa, A. C., Couto de Azevedo Fernandes, N. C., Guerra, J. M., Pereira dos Santos, F. C., Nogueira, J. S., D'Agostino, L. G., Komninakis, S. V., Witkin, S. S., Ressio, R. A., Maeda, A. Y., Vasami, F. G. S., Kaigawa, U. M. A., Sampaio de Azevedo, L., de Souza Facioli, P. A., Macedo, F. L. L., Sabino, E. C., Leal, E., & Pereira de Souza, R. (2019). Epizootics due to Yellow Fever Virus in São Paulo State, Brazil: viral dissemination to new areas (2016–2017). *Scientific Reports*, 9(1). <https://doi.org/10.1038/s41598-019-41950-3>
48. Cutter, L. (2016). Walter reed, yellow fever, and informed consent. *Military Medicine*, 181(1), 90–91. <https://doi.org/10.7205/MILMED-D-15-00430>
49. Darsie, R. (1985). The mosquitoes of Argentina: Part I. Keys for identification of adult females and fourth stage larvae in English and Spanish (Diptera: Culicidae). *Mosquito Systematics*, 17(3), 153–253.
50. Darwin Core maintenance group. Biodiversity Information Standards (TDWG) (2018). Darwin Core quick reference guide. 2018. Acceso [2024-08-02] desde <http://rs.tdwg.org/dwc/terms/>
51. Davis, N. C., & Shannon, R. C. (1931). Studies on yellow fever in South America. Attempts to transmit the virus with certain Aedine and Sabethine mosquitoes and with triatomas (Hemiptera). *The American Journal of Tropical Medicine and Hygiene*, 51-11(1), 21–29. <https://doi.org/10.4269/ajtmh.1931.51-11.21>
52. de Thoisy, B., Dussart, P., & Kazanji, M. (2004). Wild terrestrial rainforest mammals as potential reservoirs for flaviviruses (yellow fever, dengue 2 and St Louis encephalitis viruses) in French Guiana. *Transactions of the Royal Society of Tropical Medicine and Hygiene*, 98(7), 409–412. <https://doi.org/10.1016/j.trstmh.2003.12.003>
53. Degallier, N., Travassos Da Rosa, A. P. A., Vasconcelos, P. F. C., Guerreiro, S. C., Travasso Da Rosa, J. F. S., & Herve, J.-P. (1991). Estimation du taux de survie, de la densité relative et du taux d'infection d'une population d'*Haemagogus janthinomys* Dyar (Diptera, Culicidae) ayant fourni des souches de Fièvre Jaune en Amazonie Brésilienne. *Bulletin de La Societe de Pathologie Exotique*, 84(4), 386–397.
54. Degallier, N., Travassos da Rosa, A. P. A., Vasconcelos, P. F. C., Travassos da Rosa, E., Rodrigues, S. G., Filho, G. C., & Travassos da Rosa, J. F. S. (1992). New entomological and virological data on the vectors of sylvatic yellow fever in Brazil. *Brazilian Journal of the Association for Advancement of Science*, 44(2/3), 136–142.
55. Duret, J. P. (1951). Contribución al conocimiento de la distribución geográfica de los culícidos Argentinos (Diptera-Culicidae) - Parte II. *Revista de La Sanidad Militar Argentina*, 50, 64–72.
56. Duret, J. P. (1951). Contribución al conocimiento de la distribución geográfica de los culícidos argentinos (Diptera-Culicidae) - Parte III. *Revista de La Sanidad Militar Argentina*, 50(2), 211–227.
57. Duret, J. P. (1951). Contribución al conocimiento de la distribución geográfica de los culícidos

Bibliografía

- argentinos (Diptera-Culicidae) - Parte IV. *Revista de La Sanidad Militar Argentina*, 50(3), 372–388.
58. Duret, J. P. (1952). Nueva contribución al conocimiento de la distribución geográfica de los culicidos argentinos. *Revista de La Sanidad Militar Argentina*, 51(3), 345–356.
59. Elith, J., & Leathwick, J. R. (2009). Species distribution models: Ecological explanation and prediction across space and time. *Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics*, 40, 677–697.
<https://doi.org/10.1146/annurev.ecolsys.110308.120159>
60. Espinoza, M.S., Cabezas, C.S., & Ruiz, J.O. (2005) Un acercamiento al conocimiento de la fiebre amarilla en el Perú. *Revista Peruana de Medicina Experimental y Salud Pública*, 22(5), 308-315.
61. Farr, T. G., Rosen, P. A., Caro, E., Crippen, R., Duren, R., Hensley, S., Kobrick, M., Paller, M., Rodriguez, E., Roth, L., Seal, D., Shaffer, S., Shimada, J., Umland, J., Werner, M., Oskin, M., Burbank, D., & Alsdorf, D. E. (2007). The Shuttle Radar Topography Mission. *Reviews of Geophysics*, 45(2).
<https://doi.org/10.1029/2005RG000183>
62. Finlay, C. (1937). The Mosquito Hypothetically Considered as an Agent in the Transmission of Yellow Fever Poison. *The Yale Journal of Biology and Medicine*, 9(6), 589–604.
<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/21433746>
<http://www.pubmedcentral.nih.gov/articlerender.fcgi?artid=PMC2601727>
63. Franco, O. (1969). História da Febre-Amarela no Brasil. In *Ministério da Saúde*.
64. Funk, C., Peterson, P., Landsfeld, M., Pedreros, D., Verdin, J., Shukla, S., Husak, G., Rowland, J., Harrison, L., Hoell, A., & Michaelsen, J. (2015). The climate hazards infrared precipitation with stations - A new environmental record for monitoring extremes. *Scientific Data*, 2.
<https://doi.org/10.1038/sdata.2015.66>
65. Galeano, D. (2009). Médicos y policías durante la epidemia de fiebre amarilla (Buenos Aires, 1871). *Salud Colectiva*, 5(1), 107–120.
66. Garayalde, D H. (Agosto 19, 2023) La epidemia de fiebre amarilla en Corrientes. *El Heraldo*, Periódico en línea.
67. García, G. (2011). La gran Epidemia - A propósito del libro Cuando murió Buenos Aires-. *MedPal*, 39–41.
68. Gloria-Soria, A., Ayala, D., Bheecarry, A., Calderon-Arguedas, O., Chadee, D. D., Chiappero, M., Coetzee, M., Elahee, K. B., Fernandez-Salas, I., Kamal, H. A., Kamgang, B., Khater, E. I. M., Kramer, L. D., Kramer, V., Lopez-Solis, A., Lutomiah, J., Martins, A., Micieli, M. v, Paupy, C., ... Powell, J. R. (2016). Global genetic diversity of *Aedes aegypti*. *Molecular Ecology*, 25(21), 5377–5395. <https://doi.org/10.1111/mec.13866>
69. Goenaga, S., Chuchuy, A., Micieli, M. v, Natalini, B., Kuruc, J., & Kowalewski, M. (2020). Expansion of the distribution of *Aedes albopictus* (Diptera: Culicidae): New records in Northern Argentina and their implications from an epidemiological perspective. *Journal of Medical Entomology*, XX(X), 1–4. <https://doi.org/10.1093/jme/tjaa009>
70. Goenaga, S., Fabbri, C., Dueñas, J. C., Gardenal, C. N., Rossi, G. C., Calderon, G., Morales, M. A., García, J. B., Enria, D. A., & Levis, S. (2012). Isolation of Yellow Fever Virus from mosquitoes in Misiones Province, Argentina. *Vector Borne and Zoonotic Diseases*, 12(11), 1–8.
<https://doi.org/10.1089/vbz.2011.0730>
71. Góngora-Biachi, R. A. (2000). *La Fiebre Amarilla en Yucatán durante las épocas precolombina y colonial. Historia de la Medicina*. En *Rev Biomed* (Vol. 11, Issue 4). www.medigraphic.org.mx
72. Gonorazky, S. E. (2015). Los principios éticos universales y su aplicación a los ensayos clínicos de medicamentos. *Salud Colectiva*, 11(1), 49–65.
73. Google LLC. (2010). *Google Earth Engine*. <https://earthengine.google.com/>
74. Gorelick, N., Hancher, M., Dixon, M., Ilyushchenko, S., Thau, D., & Moore, R. (2017). Google Earth Engine: Planetary-scale geospatial analysis for everyone. *Remote Sensing of Environment*, 202, 18–27.
<https://doi.org/10.1016/j.rse.2017.06.031>
75. Gorodner, J. O., Zibelman, O., Hirsch, R., Balbachán, S., Merino, D., & Macin, S. (2019). *Salud y Cambio climático: Una visión sanitaria en América del Sur*.
76. Gould, E., Pettersson, J., Higgs, S., Charrel, R., & de Lamballerie, X. (2017). Emerging arboviruses: Why today? *One Health*, 4, 1–13.
<https://doi.org/10.1016/j.onehlt.2017.06.001>
77. Gratz, N. G. (2004). Critical review of *Aedes albopictus*. *Medical and Veterinary Entomology*, 18, 215–227. <https://doi.org/10.1111/j.0269-283X.2004.00513.x>
78. Hall, T.A. (1999) BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT. *Nucleic Acids Symposium Series*, 41(41), 95–98.
79. Hardy, J. L., Houk, E. J., Kramer, L. D., & Reeves, W. C. (1983). Intrinsic factors affecting vector competence of mosquitoes for arboviruses. *Annual Review of Entomology*, 28, 229–262.

Bibliografía

- <https://doi.org/10.1146/annurev.en.28.010183.001305>
80. Holzmann, I., Agostini, I., Areta, J. I., Ferreyra, H., Beldomenico, P., & di Bitetti, M. S. (2010). Impact of yellow fever outbreaks on two howler monkey species (*Alouatta guariba clamitans* and *A. caraya*) in Misiones, Argentina. *American Journal of Primatology*, 72(6), 475–480. <https://doi.org/10.1002/ajp.20796>
81. Hutchinson, G. E. (1957). Concluding Remarks. *Cold Spring Harbor Symposia on Quantitative Biology*, 22(0), 415–427. <https://doi.org/10.1101/sqb.1957.022.01.039>
82. Ibarra-Montoya, J. L., Rangel-Peraza, G., González-Farías, F. A., de Anda, J., Martínez-Meyer, E., & Macías-Cuellar, H. (2014). Uso del modelado de nicho ecológico como una herramienta para predecir la distribución potencial de *Microcystis* sp (cianobacteria) en la Presa Hidroeléctrica de Aguamilpa, Nayarit, México. *Revista Ambiente & Agua*, 9(3), 445–458. <https://doi.org/10.4136/1980-993X>
83. Ikeda, D. H., Max, T. L., Allan, G. J., Lau, M. K., Shuster, S. M., & Whitham, T. G. (2017). Genetically informed ecological niche models improve climate change predictions. *Global Change Biology*, 23(1), 164–176. <https://doi.org/10.1111/gcb.13470>
84. Jacobs, W. R. (1974). The Tip of an Iceberg: Pre-columbian Indian demography and some implications for revisionism. *The William and Mary Quarterly*, 31(1), 123–132.
85. Jost, L., & González-Oreja, J. A. (2012). Midiendo la diversidad biológica: más allá del índice de Shannon. *Acta Zoológica Lilloana*, 56(2), 3–14.
86. Katinas, L., Guerrero, E. L., & Dosil Hiriart, F. D. (2022). La fitogeografía argentina según Joaquín Frenguelli y Ángel Lulio Cabrera y el predominio de una visión biogeográfica histórica. *Revista Del Museo de La Plata*, 7(2), 81–94. <https://doi.org/10.24215/25456377e159>
87. Kraemer, M. U. G., Sinka, M. E., Duda, K. A., Mylne, A. Q. N., Shearer, F. M., Barker, C. M., Moore, C. G., Carvalho, R. G., Coelho, G. E., van Bortel, W., Hendrickx, G., Schaffner, F., Elyazar, I. R., Teng, H. J., Brady, O. J., Messina, J. P., Pigott, D. M., Scott, T. W., Smith, D. L., ... Hay, S. I. (2015). The global distribution of the arbovirus vectors *Aedes aegypti* and *Ae. albopictus*. *ELife*, 4, 1–18. <https://doi.org/10.7554/eLife.08347>
88. Kramer, L. D., & Ciota, A. T. (2015). Dissecting vectorial capacity for mosquito-borne viruses. *Physiology & Behavior*, 176(12), 139–148. <https://doi.org/10.1016/j.coviro.2015.10.003>. Dissecting
89. Kramer, L. D., & Ebel, G. D. (2003). Dynamics of Flavivirus Infection in Mosquitoes. *Advances in Virus Research*, 60, 187–232. [https://doi.org/10.1016/S0065-3527\(03\)60006-0](https://doi.org/10.1016/S0065-3527(03)60006-0)
90. Kroenke, D. M. (2003). *Procesamiento de Base de Datos - Fundamentos, diseño e implementación* (8va edición).
91. Lane, J. (1953). *Neotropical Culicidae - Volumen II - Tribe Culicini, Deinocerites, Uranotaenia, Mansonia, Orthopodomyia, Aedomyia, Aedes, Psorophora, Haemagogus, tribe Sabethini, Trichoprosopon, Wyeomyia, Phoniomyia, Limatus and Sabethes.: Vol. II*. University of Sao Paulo.
92. Lane, J., & Cerqueira, N. L. (1942). Os Sabetineos da America (Diptera: Culicidae). *Arquivos de Zoologia*, 3(9), 473–849.
93. Lazzarino, C. (2021). Epidemia de Fiebre Amarilla en la Ciudad de Buenos Aires en 1871. *Revista Argentina de Salud Pública*, 13(e50), 1–7.
94. Levi-Castillo, R. (1951). Los mosquitos del género *Haemagogus* Willinston 1896 en América del Sur. En *Editorial Don Bosco*. Don Bosco.
95. Liu, L., Li, S., Yang, W., Wang, X., Luo, X., Ran, P., & Zhang, H. (2023). Forest Canopy Water Content Monitoring Using Radiative Transfer Models and Machine Learning. *Forests*, 14(7). <https://doi.org/10.3390/f14071418>
96. Maglioni, C., & Stratta, F. (2009). Impresiones profundas. Una mirada sobre la epidemia de fiebre amarilla en Buenos Aires. *Población de Buenos Aires*, 6(9), 7–19.
97. Manso Soto, A. E., Martínez, A., & Prosen, A. F. (1953). Distribución geográfica de *Haemagogus* spp. y *Aedes* (*Gualteria*) *leucocaelenus* en Argentina y Bolivia según materiales de M.E.P.R.A. *Misión de Estudios de Patología Regional Argentina*, 83–84, 33–41.
98. Margalef, R. 1972. Homage to E. Hutchison, or why is there an upper limit to diversity. *Transactions of the Connecticut Academy of Arts and Sciences*. 44: 21-235
99. Marsh, C. J., Gavish, Y., Kuemmerlen, M., Stoll, S., Haase, P., & Kunin, W. E. (2023). SDM profiling: A tool for assessing the information-content of sampled and unsampled locations for species distribution models. *Ecological Modelling*, 475. <https://doi.org/10.1016/j.ecolmodel.2022.110170>
100. Mateo, R. G., Felicísimo, A. M., & Muñoz, J. (2011). Species distributions models: A synthetic revision. *Revista Chilena de Historia Natural*, 84, 217–240.

Bibliografía

101. Mehra, A. (2009). Politics of participation: Walter Reed's Yellow-Fever Experiments. *Virtual Mentor*, 11(4), 326–330. www.virtualmentor.org
102. Mejía Rodríguez, P. (2004). De ratones, vacunas y hombres: el programa de fiebre amarilla de la Fundación Rockefeller en Colombia, 1932-1948. *Dynamis*, 24, 119–155.
103. Ministerio de Salud Argentina. (2021). Intensificación de la vigilancia de fiebre amarilla ante la presencia de epizootias en Brasil cercanas a la frontera con Argentina. <https://www.argentina.gob.ar/salud/epidemiologia>
104. Ministerio de Salud. (2008). *Informe de la situación de la fiebre amarilla-Ministerio de Salud-Presidencia de la Nación* (p. 4). Ministerio de Salud. http://www.femeba.org.ar/documentos/download/428-parte_fiebre_amarilla_abril.pdf
105. Morales, M. A.; Fabbri, C.; Roginsky, S.; Rinas, M. A.; Rresnek, R.; Carvalho, A.; D'Ambrosio, E.; Hadad, F.; Iglesias, M.; Balbuena, K.; Levis, S.; Orellano, P.; Estevez, J.; Pedroni, E. y Enria, D. A. Aislamiento e identificación molecular del virus de la Fiebre Amarilla (FA) en *Alouatta caraya* y humanos de Argentina, 2007-2008. *Congreso Argentino de Virología*, Buenos Aires 21 al 25 de Septiembre de 2008.
106. Moreno, C. E., Barragán, F., Pineda, E., & Pavón, N. P. (2011). Reanálisis de la diversidad alfa: alternativas para interpretar y comparar información sobre comunidades ecológicas. *Revista Mexicana de Biodiversidad*, 82, 1249–1261. <https://www.researchgate.net/publication/258441895>
107. Moreno, E. S., Agostini, I., Holzmann, I., di Bitetti, M. S., Oklander, L. I., Kowalewski, M. M., Beldomenico, P. M., Goenaga, S., Martínez, M., Lestani, E., Desbiez, A. L. J., & Miller, P. (2015). Yellow fever impact on brown howler monkeys (*Alouatta guariba clamitans*) in Argentina: A metamodelling approach based on population viability analysis and epidemiological dynamics. *Memórias Do Instituto Oswaldo Cruz*, 110(7), 865–876. <https://doi.org/10.1590/0074-02760150075>
108. Mutanga, O., & Kumar, L. (2019). Google Earth Engine applications. *Remote Sensing*, 11(5). <https://doi.org/10.3390/rs11050591>
109. Nanni, A. S., Piquer-Rodríguez, M., Rodríguez, D., Nuñez-Regueiro, M., Periago, M. E., Aguiar, S., Ballari, S. A., Blundo, C., Derlindati, E., di Blanco, Y., Eljall, A., Grau, R. H., Herrera, L., Huertas Herrera, A., Izquierdo, A. E., Lescano, J., Macchi, L., Mazzini, F., Milkovic, M., ... Gasparri, I. N. (2020). Presiones sobre la conservación asociadas al uso de la tierra en las ecorregiones terrestres de la Argentina. *Ecología Austral*, 30(2), 304–320. <https://doi.org/10.25260/ea.20.30.2.0.1056>
110. National Center for Biotechnology Information. (2022). *Basic Local Alignment Tool*. Available from: https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi?PROGRAM=blastn&PAGE_TYPE=BlastSearch&LINK_LOC=blasthome (acceso Febrero, 2023)
111. Navarro, J. C., & Machado-Allison, C. (1995). Aspectos ecológicos de *Sabethes chloropterus* (Humboldt) (Diptera: Culicidae) en un bosque húmedo del edo. Miranda, Venezuela. *Boletín de Entomología Venezolana*, 10(1), 91–104.
112. Neiva, A. (1908). Contribuição ao estudo dos dípteros brasileiros uma nova especie de *Sabethes*. *Instituto de Manguinhos*, 22(36), 351–352.
113. Newson, L. A. (1985). Indian Population Patterns in Colonial Spanish America. *Latin American Research Review*, 20(3), 41–74. <https://doi.org/10.1017/S0023879100021695>
114. Nigro, N., Lodeiro Ocampo, N., Martínez, G., & Faifer, L. (2020). Primer registro documentado de aguará guazú *Chrysocyon brachyurus* (Mammalia, Carnivora) para la ecorregión de la Selva Paranaense, en la provincia de Misiones, República Argentina. *Notas Sobre Mamíferos Sudamericanos*, 02(1), 1–7. <https://doi.org/10.31687/saremnms.20.0.33>
115. Norrby, E. (2007). Yellow fever and Max Theiler: The only Nobel Prize for a virus vaccine. In *Journal of Experimental Medicine* (Vol. 204, Issue 12, pp. 2779–2784). <https://doi.org/10.1084/jem.20072290>
116. Oficina Sanitaria Panamericana. (1955). *Conferencia de Fiebre Amarilla*. 1–84.
117. Oliveira, C. H., Andrade, M. S., Campos, F. S., da C. Cardoso, J., Gonçalves-dos-Santos, M. E., Oliveira, R. S., Aquino-Teixeira, S. M., Campos, A. A. S., Almeida, M. A. B., Simonini-Teixeira, D., da P. Sevá, A., Temponi, A. O. D., Magalhães, F. M., da Silva Menezes, A. S., Lopes, B. T., Almeida, H. P., Pedroso, A. L., Gonçalves, G. P., Chaves, D. C., ... de Abreu, F. V. S. (2023). Yellow Fever Virus maintained by *Sabethes* mosquitoes during the Dry Season in Cerrado, a Semiarid Region of Brazil, in 2021. *Viruses*, 15(3). <https://doi.org/10.3390/v15030757>
118. OPS. (1997). Plan Continental de ampliación e intensificación del combate a *Aedes aegypti*. pp. 124-130

Bibliografía

119. OPS. (2023). *Epidemiological Update Situation Summary*. Yellow fever in the Region of the Americas 25 April 2023. Disponible online. www.paho.org
120. Osorio, C. G. (2018). Una notable convergencia semántica: infección y miasma. *Revista Chilena de Infectología*, 35(1), 75–77. https://doi.org/10.1163/j.ctt1w76vvr.12?seq=1#page_scan
121. Osorio-Olvera, L., Lira-Noriega, A., Soberón, J., Peterson, A. T., Falconi, M., Contreras-Díaz, R. G., Martínez-Meyer, E., Barve, V., & Barve, N. (2020). ntbox: An R package with graphical user interface for modelling and evaluating multidimensional ecological niches. *Methods in Ecology and Evolution*, 11(10), 1199–1206. <https://doi.org/10.1111/2041-210X.13452>
122. Ott-Joslin, J. E. (1986). Viral diseases in nonhuman primates. In M. Fowler (Ed.), *Zoo and wild animal medicine* (pp. 674–697). W.B. Saunders Co.
123. Oyarzabal, M., Clavijo, J., Oakley, L., Biganzoli, F., Tognetti, P., Barberis, I., Maturo, H. M., Aragón, R., Campanello, P. I., Prado, D., Oesterheld, M., & León, R. J. C. (2018). Unidades de vegetación de la Argentina. *Ecología Austral*, 28(1), 040–063. <https://doi.org/10.25260/ea.18.28.1.0.399>
124. Pettoelli, N., Laurance, W. F., O'Brien, T. G., Wegmann, M., Nagendra, H., & Turner, W. (2014). Satellite remote sensing for applied ecologists: Opportunities and challenges. *Journal of Applied Ecology*, 51(4), 839–848. <https://doi.org/10.1111/1365-2664.12261>
125. Phillips, S. J., Dudik, M., Elith, J., Graham, C. H., Lehmann, A., Leathwick, J., & Ferrier, S. (2009). Sample selection bias and presence-only distribution models: implications for background and pseudo-absence data. *Ecological Applications*, 19(1), 181–197.
126. Pignatelli, A. (Abril 14, 2021). El trágico origen del Cementerio de la Chacarita: la epidemia de fiebre amarilla, el tren fúnebre y la falta de enterradores. *Infobae*. Periódico en línea.
127. Pinheiro, G. G., Rocha, M. N., de Oliveira, M. A., Moreira, L. A., & Filho, J. D. A. (2019). Detection of yellow fever virus in sylvatic mosquitoes during disease outbreaks of 2017–2018 in Minas Gerais state, Brazil. *Insects*, 10(5). <https://doi.org/10.3390/insects10050136>
128. Pinto Severo, O. (1955). La campaña de erradicación del *Aedes aegypti*, en las Américas - Su organización, evolución y resultados hasta 1954. *Boletín de La Oficina Sanitaria Panamericana*, 379–398.
129. Pinto, C. S., Confalonieri, U. E. C., & Mascarenhas, B. M. (2009). Ecology of *Haemagogus* sp. and *Sabethes* (Diptera: Culicidae) in relation to the microclimates of the Caxiua National Forest, Pará, Brazil. *Memórias Do Instituto Oswaldo Cruz*, 104(4), 592–598. <https://doi.org/10.1590/S0074-02762009000400010>
130. Prist, P. R., Tambosi, L. R., Mucci, L. F., Pinter, A., Pereira de Souza, R., Muylaert, R., Rhodes, J. R., Comin, C. H., Costa, L. F., D'Agostini, T. L., Telles de Deus, J., Pavão, M., Port-Carvalho, M., Saad, L. C., Mureb Sallum, M. A., Fernandes Spinola, R. M., & Metzger, J. P. (2022). Roads and forest edges facilitate yellow fever virus dispersion. *Journal of Applied Ecology*, 59(1), 4–17. <https://doi.org/10.1111/1365-2664.14031>
131. Pshegusov, R. K. (2023). From Spatial Distribution to Ecological Niche: Modeling Issues within the Correlation Approach. *Biology Bulletin*, 50(Suppl 2), S132–S139. <https://doi.org/10.1134/S1062359023605165>
132. QGIS.org, (2024). QGIS Geographic Information System. QGIS Association. <http://www.qgis.org>
133. Rabich, S. (2019). *La epidemia de fiebre amarilla de 1871 en la Ciudad de Buenos Aires: aportes desde la prensa periódica*. Tesis Doctoral. Universidad del Salvador, Buenos Aires, Argentina.
134. Rey, N. F. (2021). El Atlántico, los inmigrantes y la transnacionalización de la enfermedad. Una nueva mirada sobre la epidemia de fiebre amarilla en Buenos Aires (1870-1871). *Letras Verdes. Revista Latinoamericana de Estudios Socioambientales*, 30, 51–64. <https://doi.org/10.17141/letrasverdes.30.2021.5058>
135. Requena-Zuñiga, E., Cano, M. E., Micieli, M. V., Marti, G. A., León-Cueto, W., & Cáceres, A. G. (2024). Geographical distribution of mosquitoes of the genera *Haemagogus* and *Sabethes* (Diptera: Culicidae), potential vectors of the Yellow fever virus in Perú. *Revista de La Sociedad Entomológica Argentina*, 83(2), 81–86. <https://doi.org/10.25085/rsea.830210>
136. Rossi, G. C. (2002). Mosquitos de la Argentina: Actualización taxonómica. V Congreso Argentina Entomología, 137–140.
137. Rossi, G. C. (2015). Annotated checklist, distribution, and taxonomic bibliography of the

Bibliografía

- mosquitoes (Insecta: Diptera: Culicidae) of Argentina. *Check List*, 11(4)(1712), 1–15. <https://doi.org/10.15560/11.4.1712>
138. Rovere, M. (2011). *Cañones, mercancías y mosquitos* (V. González, Ed.; 1era ed.). El Ágora.
139. Ruch, T. C. (1959). *Diseases of laboratory primates*. Saunders.
140. Ruiz Moreno, L. (1949). *La peste histórica de 1871; fiebre amarilla en Corrientes y en Buenos Aires (1870-1871)* (2ed.). Paraná Nueva Impresora.
141. Sanfilippo, J. (1987). El espectacular y terrible “vómito negro.” *Médico Moderno*, 26(2), 66–85.
142. Sanmartin Barberi, C. (1989). Octogésimo aniversario del descubrimiento de la fiebre amarilla selvática por el doctor Roberto Franco. *Medicina*, 30–33.
143. Secretaria de Estado de Saúde do Paraná. (2020). Boletim Epidemiológico N° 16 – 24/06/2020 - Febre Amarela. In *Epidemiological Bulletin* (Vol. 16).
144. Sexton, J. O., Song, X. P., Feng, M., Noojipady, P., Anand, A., Huang, C., Kim, D. H., Collins, K. M., Channan, S., DiMiceli, C., & Townshend, J. R. (2013). Global, 30-m resolution continuous fields of tree cover: Landsat-based rescaling of MODIS vegetation continuous fields with lidar-based estimates of error. *International Journal of Digital Earth*, 6(5), 427–448. <https://doi.org/10.1080/17538947.2013.786146>
145. Shannon, R. C., Whitman, L., & Franca, M. (1938). Yellow fever virus in jungle mosquitoes. *Science*, 88(2274), 110. <https://doi.org/10.1126/science.88.2274.110>
146. Sievers, F., & Higgins, D.G. (2018) Clustal Omega for making accurate alignments of many protein sequences. *Protein Science*, 27(1), 135–145.
147. Sillero, N., Arenas-Castro, S., Enriquez-Urzelai, U., Gomes Vale, C., Sousa-Guedes, D., Martínez-Freiría, F., Real, R., & Barbosa, A. M. (2021). Want to model a species niche? A step-by-step guideline on correlative ecological niche modelling. *Ecological Modelling*, 456. <https://doi.org/10.1016/j.ecolmodel.2021.109671>
148. Silva-Inacio, C. L., de Paiva, A. A. P., de Araújo, J. M. G., & Ximenes, M. F. F. M. (2020). Ecological relationships of *Haemagogus spegazzinii* (Diptera: Culicidae) in a semiarid area of Brazil. *Revista Da Sociedade Brasileira de Medicina Tropical*, 53(September), 1–8. <https://doi.org/10.1590/0037-8682-0502-2020>
149. Simon, C., Frati, F., Beckenbach, A., Crespi, B., Lui, H., & Flook, P. (1994). Evolution, weighing and phylogenetic unity of mitochondrial gene sequences and a compilation of conserved polymerase chain reaction primers. *Annals of the Entomological Society of America*, 8, 651–701
150. Smithburn, K. C. (1957). Inmunología de la Fiebre Amarilla. *Boletín de La Oficina Sanitaria Panamericana*, 30, 323–334.
151. Soberón, J., Osorio-Olvera, L., & Townsend Peterson, A. (2017). Diferencias conceptuales entre modelación de nichos y modelación de áreas de distribución. *Revista Mexicana de Biodiversidad*, 88(2), 437–441. <https://doi.org/10.1016/j.rmb.2017.03.011>
152. Sofaer, H. R., Hoeting, J. A., & Jarnevich, C. S. (2019). The area under the precision-recall curve as a performance metric for rare binary events. *Methods in Ecology and Evolution*, 10(4), 565–577. <https://doi.org/10.1111/2041-210X.13140>
153. Sokolova, M., & Lapalme, G. (2009). A systematic analysis of performance measures for classification tasks. *Information Processing and Management*, 45(4), 427–437. <https://doi.org/10.1016/j.ipm.2009.03.002>
154. Soper, F. L., Penna, H., Cardoso, E., Serafim, J., Frobisher, M., & Pinheiro, J. (1933). Yellow fever without *Aedes aegypti*. Study of a rural epidemic in the valle do chanaan, Espirito Santo, Brazil, 1932. *American Journal of Epidemiology*, 18(3), 555–587. <https://doi.org/10.1093/oxfordjournals.aje.a117967>
155. Staples, J. E., & Monath, T. P. (2008). Yellow Fever: 100 Years of Discovery. *Journal of American Medical Association*, 300(8), 960–962. <http://jama.jamanetwork.com/>
156. Stokes, A., Bauer, J. H., & Hudson, N. (1928). Transmisión de la Fiebre Amarilla al Macacus Rhesus. *Oficina Sanitaria Panamericana*, 18(228).
157. Sucunza, N. W. (2005). *Ficha Informativa de los Humedales de Ramsar (FIR)*.
158. Svetnik, V., Liaw, A., Tong, C., Christopher Culberson, J., Sheridan, R. P., & Feuston, B. P. (2003). Random Forest: A Classification and Regression Tool for Compound Classification and QSAR Modeling. *Journal of Chemical Information and Computer Sciences*, 43(6), 1947–1958. <https://doi.org/10.1021/ci03416og>
159. Tang, X., Fan, S., Zhang, W., Gao, S., Chen, G., & Shi, L. (2019). Global variability of belowground autotrophic respiration in terrestrial ecosystems. *Earth System Science Data*, 11(4), 1839–1852. <https://doi.org/10.6084/m9.figshare.7636193>

Bibliografía

160. Theobald, F. v. (1903). *A monograph of the Culicidae of the World* British Museum, London, United Kingdom.
161. Tiddi, R., Heinonen, S., Quiroga, V., & López, L. (2014). *Parque Nacional El Impenetrable- Participación y aportes para su creación*. www.impenetrableparquenacional.org
162. Tomori, O. (2002). Fiebre amarilla en África: su impacto en salud pública y perspectivas para su control en el siglo XXI. *Biomédica*, 22(2), 194. <https://doi.org/10.7705/biomedica.v22i2.1157>
163. Torres Robles, S. S., Arturi, M. F., Contreras, C., Peter, G., & Zeberio, J. M. (2015). Variaciones geográficas de la estructura y composición de la vegetación leñosa en el límite entre el espinal y el monte en el Noreste de la Patagonia (Argentina). *Boletín de La Sociedad Argentina de Botánica*, 50(2), 209–215.
164. Torres, R., & Jayat, J. P. (2010). Modelos predictivos de distribución para mamíferos (Cingulata, Artiodactyla y Rodentia) típicas de Chaco en Argentina. *Mastozoología Neotropical*, 17(2), 335–352. <http://www.sarem.org.ar>
165. Tortorello, Y. (2017). La fiebre amarilla en Buenos Aires: la gran epidemia de 1871 y su imaginario. *Universidad Nacional de Mar Del Plata*, 0–20.
166. Townsend Peterson, A. (2006). Uses and Requirements of Ecological Niche Models and Related Distributional Models. *Biodiversity Informatics*, 3(0). <https://doi.org/10.17161/bi.v3i0.29>
167. Townsend Peterson, A., & Soberón, J. (2012). Species distribution modeling and ecological niche modeling: Getting the Concepts Right. *Natureza a Conservação*, 10(2), 102–107. <https://doi.org/10.4322/natcon.2012.019>
168. Townsend Peterson, A., Papeş, M., & Soberón, J. (2015). Mechanistic and correlative models of ecological niches. *European Journal of Ecology*, 1(2), 28–38. <https://doi.org/10.1515/eje-2015-0014>
169. Townsend Peterson, A., Soberón, J., Pearson, R. G., Anderson, R. P., Martínez-Meyer, E., Nakamura, M., & Araújo, M. B. (2011). *Ecological Niches and Geographic Distributions (MPB-49)*. In *Ecological Niches and Geographic Distributions (MPB-49)*. Princeton University Press. <https://doi.org/10.1515/9781400840670>
170. Tuellsa, J., & Massóc, P. (2006). Colonialismo, trasiegos y dualidades: la fiebre amarilla. *Vacunas*, 7(4), 186–196. [https://doi.org/10.1016/s1576-9887\(06\)73208-3](https://doi.org/10.1016/s1576-9887(06)73208-3)
171. Vasconcelos, P. F. (2003). Febre amarela. *Revista Da Sociedade Brasileira de Medicina Tropical*, 36(2), 275–293. <https://doi.org/10.1590/S0037-86822003000200012>
172. Wallace, A. R. (1860). On the zoological geography of the Malay Archipelago. *Journal of the Proceedings of the Linnean Society of London*, 6(4), 172–184. <https://doi.org/doi:10.1111/j.1096-3642.1860.tb00090.x>
173. Walter Reed Biosystematics Unit (2024). *Aedes* genus page. Walter Reed Biosystematics Unit Website, <http://wrbu.si.edu/vectorspecies/genera/taeniorhynchus>, accessed on 01 October 2024
174. WHO. (2021). *Yellow Fever*. Disponible online: <https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/yellow-fever>
175. WWF. (2021). Southern Brazil, eastern Paraguay, and easternmost Argentina. (<https://www.worldwildlife.org/ecoregions/nt0150>).
176. Yañez-Arenas, C., Rioja-Nieto, R., Martín, G. A., Dzúl-Manzanilla, F., Chiappa-Carrara, X., Buenfil-Ávila, A., Manrique-Saide, P., Correa-
177. Morales, F., Díaz-Quiñónez, J. A., Pérez-Rentería, C., Ordoñez-Álvarez, J., Vazquez-Prokopec, G., & Huerta, H. (2018). Characterizing environmental suitability of *Aedes albopictus* (Diptera: Culicidae) in Mexico based on regional and global niche models. *Journal of Medical Entomology*, 55(1), 69–77. <https://doi.org/10.1093/jme/tjx185>