

IMPACTO DEL CAMBIO CLIMÁTICO EN LA DISTRIBUCIÓN DE LOS VECTORES DE LA ENFERMEDAD DE CHAGAS

IMPACT OF THE CLIMATE CHANGE IN THE DISTRIBUTION OF CHAGAS DISEASE VECTORS

Miguel Ortega Caballero¹, Alan Ruíz Santiago², Alejandro Carabarán Lima^{2, 3} & Alia Méndez Albores^{1*}

¹Centro de Química-ICUAP-Posgrado en Ciencias Ambientales, Benemérita Universidad Autónoma de Puebla, 72570 Puebla, Mexico

²Licenciatura en Biotecnología, Benemérita Universidad Autónoma de Puebla, 72570 Puebla, México

³Centro de Investigaciones en Ciencias Microbiológicas, Instituto de Ciencias Benemérita Universidad Autónoma de Puebla, 72570 Puebla, Mexico

*alia.mendez@correo.buap.mx

Abstract

Chagas disease (CD) is a zoonotic parasitic disease caused by the protozoan parasite *Trypanosoma cruzi*. According to data from the World Health Organization (WHO), by 2022, there are 6 to 7 million people worldwide who are carriers of this pathology. Most CD carriers are located in Latin America, the endemic area of this disease. However, this statistic may be underestimated given that many people are asymptomatic throughout their lives. Currently, this pathology could spread outside its habitats or natural areas, as described above, due to climate change and globalization experienced in the modern world. In this diffusion article, environmental factors that promote climate change, as

well as land use, are discussed, in addition to social factors such as the socioeconomic level and the migration of the endemic populations of CD, which could favor the mobility of the main vector of CHD. The foregoing results in an increase in cases and the massive spread of this disease. Likewise, examples of other vector-borne diseases such as Lyme disease, Dengue, or bubonic plague have been discussed that resulted in predictive models or forecast systems comparable to CD because they have experienced dissemination phenomena as a product of environmental and social changes.

Keywords: Chagas Disease, Trypanosoma cruzi, Vector-borne diseases, Mobility, Climate change.

Resumen

La enfermedad de Chagas (ECH) es una enfermedad parasitaria zoonótica ocasionada por el parásito protozoo Trypanosoma cruzi. Acorde a datos de la Organización Mundial de la Salud (OMS) al 2022 existen de 6 a 7 millones de personas alrededor del mundo las que son portadoras de esta patología. La mayoría de los portadores de la ECH se encuentran localizados en Latinoamérica, la zona endémica de esta enfermedad. No obstante, este estadístico puede estar subestimado dado que muchas personas pasan asintomáticas durante toda su vida. Actualmente, esta patología podría diseminarse fuera de sus hábitats o zonas naturales, lo anterior, ocasionado por el cambio climático y la globalización que experimenta el mundo moderno. En este artículo de difusión, se discuten factores medioambientales que propician el cambio climático, así como el uso de suelo; además de factores sociales como el nivel socio económico y la migración de las poblaciones endémicas de la ECH, que podrían favorecer la movilidad del vector principal de la ECH. Lo anterior, dando como resultado un incremento de casos y la diseminación masiva de esta enfermedad. Así mismo, se discuten ejemplos de otras enfermedades vectoriales como la enfermedad de Lyme, dengue o la peste bubónica que resultan en modelos predictivos o sistemas de pronóstico comparables con la ECH, debido a que han experimentado fenómenos de diseminación como producto de cambios ambientales y sociales.

Palabras clave: Enfermedad de Chagas, Trypanosoma cruzi, Vectores, Movilidad, Cambio climático

Introducción

La Tripanosomiasis americana también conocida como enfermedad de Chagas (ECH), es una zoonosis ocasionada por el agente causal Trypanosoma cruzi (T. cruzi) un parásito protozoo. Esta enfermedad se encuentra enlistada acorde a la Organización Mundial de la Salud (OMS), dentro de las llamadas Enfermedades Tropicales Olvidadas (ETO) o desatendidas, este término se refiere a que son enfermedades en donde los sistemas de salud y los gobiernos no invierten recursos financieros suficientes ni mecanismos para lograr frenarlas y eliminar su diseminación (OMS/OPS, 2022; Trouiller et al., 2002).

La ECH es endémica principalmente en las regiones selváticas de América, aunque también se han confirmado ciclos reproductivos de T. cruzi y en animales hospederos nativos en los estados del sur de los Estados Unidos Americanos (Bern et al., 2011). Esta ETO es una enfermedad vectorial, la cual tiene como vectores principales a las chinches hematófagas de la familia Reduviidae y subfamilia Triatominae de géneros como Rhodnius, Triatoma y Pastronylus. De la familia Reduviidae, existen más de 130 especies de chinches distribuidas en todo el mundo, pero únicamente son vectores aquellas localizadas en las zonas endémicas de la ECH, debido a que estas presentan probabilidad de relacionarse con hospederos infectados (Campos et al., 2017; Galvão et al., 2003).

Respecto a los reservorios de la ECH, además del humano, se encuentran animales mamíferos salvajes como armadillos, tlacuaches, ratones o murciélagos y especies domésticas como perros y gatos, por lo que las infecciones intradomiciliarias podrían ser más comunes (Jansen et al., 2018). Por otra parte, cuando el humano es el reservorio, la ECH se considera una antropozoonosis, ya que en este punto comienzan las transmisiones entre humano-humano (Hubálek, 2003; Kirchhoff, 2011).

La ECH es endémica del continente americano, ya que en esta zona *T. cruzi* se encuentra de manera natural en sus reservorios. Dentro de este continente, la ECH se presenta mayoritariamente en las regiones selváticas porque proporciona las condiciones ambientales y geográficas idóneas para que los vectores de la ECH se alimentan, crezcan y reproducen. Las condiciones climatológicas a las cuales los vectores de la ECH se encuentran adaptadas no están estudiadas en su totalidad por especie, pero a nivel experimental se ha logrado definir que bajo condiciones de humedad de $70 \pm 10\%$ y una temperatura de $24 \pm 6^\circ\text{C}$, algunos vectores de la ECH se desarrollan de manera óptima (Fuentes-Vicente et al., 2016; N. A. Padilla et al., 2019). Por otra parte, las chinches vectores de la ECH se caracterizan por haberse adaptado a climas tanto cálidos como secos alrededor de toda Latinoamérica.

Algunos ejemplos de enfermedades vectoriales que se han visto alteradas debido al cambio climático y a actividades humanas son: la enfermedad de Lyme que tiene como vector a ciertas especies de garrapatas, la peste bubónica transmitida por pulgas o el dengue que tiene como vector a los mosquitos (Ebi & Nealon, 2016; Estrada-Peña et al., 2011; Schmid et al., 2015). Para comprender la movilidad vectorial en este tipo de enfermedades, los científicos han buscado modelar matemáticamente el comportamiento de los vectores, considerando la influencia de determinados parámetros como la temperatura, la humedad, así como la precipitación de lluvia anual en el caso de enfermedades vectoriales transmitidas por mosquitos.

La constante globalización que vive la sociedad actual, también tiene un papel crucial en la migración de vectores de diversas enfermedades, un ejemplo es el del mosquito *Aedes albopictus*, el “mosquito tigre” el cual es vector de enfermedades como el dengue o la malaria, este mosquito es originario de Asia, pero debido a la actividad humana y constante migración, ya se ha podido establecer en países del continente americano como México así como otros países del continente Europeo (Benedict et al., 2007; Rodríguez Martínez et al., 2019).

Considerando como modelo predictivo a estas enfermedades vectoriales, la ECH presenta el potencial de diseminarse fuera de sus regiones endémicas por influencia tanto de parámetros ambientales, los cuales pueden verse modificados por el cambio climático, así como de factores sociales que incluyen la importación de vectores infectados hacia otros países no endémicos, los cuales se discutirán en este artículo de revisión.

1. Vectores de la Enfermedad de Chagas (Distribución endémica):

Los vectores de la enfermedad de Chagas son insectos artrópodos, hematófagos del orden Hemiptera, familia Reduviidae cuya subfamilia más representativa es la Triatominae (Figura 1). Esta especie de chinche es conocida con diferentes nombres en toda Latinoamérica, desde chinche besucona o chinche picuda en México, desde Ecuador hasta Argentina como vinchuca, pito en Colombia y barbero en Brasil (Campos et al., 2017). Estos insectos no poseen columna vertebral, pero sí un exoesqueleto que los protege del medio externo, son ectotermos (dependen de la temperatura ambiental para regular su temperatura corporal) y son ovíparos. Estas características tienen un papel muy importante en la distribución del vector dentro del medio ambiente y que facilitan o no su interacción con el hombre (Caminade et al., 2019).

Los vectores de la ECH se distribuyen por toda Latinoamérica y algunas partes del sur de E.E.U.U. Se

concentran en aquellas regiones las cuales presentan las condiciones idóneas de humedad y temperatura. Así mismo, debido a que estos vectores son insectos hematófagos, también la disponibilidad de alimento, que es la sangre de animales mamíferos vertebrados y que de igual manera también fungen como reservorios naturales del parásito *T. cruzi*, es un parámetro de suma importancia que determina la presencia de los vectores de la ECH.

El hábitat predilecto de estos insectos es dentro de madrigueras de mamíferos, nidos de aves o murciélagos y dentro de madrigueras de ratones, se les puede encontrar entre los espacios de las rocas del suelo, bajo troncos o en el interior de troncos huecos, escondidas entre raíces expuestas de ciertos árboles, en palmas y ciertas especies de plantas epifitas. También se han logrado adaptar a las construcciones humanas volviéndose insectos intradomiciliarios teniendo preferencia por casas con materiales como techos de paja o lámina, en los espacios de paredes huecas con ladrillos o adobe sin revocar, y en los establos de animales de granja, permaneciendo inactivos en el día para salir a buscar su alimento durante la noche (Lent & Wygodzinsky, 1979).

Los vectores de la ECH son insectos hemimetábolos, esto quiere decir que durante su desarrollo presentan una metamorfosis incompleta dividida en diferentes estadios: 5 estadios ninfales y un último estadio adulto maduro preparado para la reproducción, durante cada etapa esta chinche presentará mudas de piel para continuar desarrollándose (Campos et al., 2017). Así mismo, estos vectores son ovíparos, después de la reproducción la puesta de huevos comienza 10-30 días después, una hembra puede poner alrededor de toda su vida en promedio de 500 a más de 1000 huevos y la eclosión de las ninfas ocurre en un periodo de 10 a 30 días. Una ninfa estará lista para alimentarse de 48 a 72 horas después de su nacimiento, el tiempo de desarrollo de una ninfa a un estado maduro puede tomar hasta 300 días en total, aunque algunas especies como *Rhodnius* spp. solo necesitan de 90 a 120 días en promedio y en casos especiales hasta 2 años como es el caso de *Panstrongylus megistus* (Lent & Wygodzinsky, 1979).

Un dato muy importante es el de E.E.U.U. dado que no se menciona como lugar endémico de la ECH, pero en la actualidad es bien sabido que la parte sur de este país se considera endémica de dicha patología con ciclos confirmados de reproducción del parásito en cuestión entre vectores y reservorios locales, los vectores más importantes de *T. cruzi* en este país hasta el día de hoy identificados son: *T. sanguisuga*, *T. gerstaeckeri*, y *T. lecticularia* (Dorn et al., 2007; Kjos et al., 2009).

Por otra parte cabe resaltar que la enfermedad de Chagas no se encuentra presente o no ha sido reportada como endémica en el caribe en países como Cuba, Republica Dominicana y Puerto Rico con casos únicos confirmados debidos a la movilidad poblacional, ya que no se han encontrado vectores infectados con *T. cruzi* en esos países (CDC, 2022).

En la tabla 1, se muestran los vectores principales de la ECH ubicados en el continente americano.

Distribución de los vectores de la ECH en Latinoamérica

| País | Especie vectorial presente | Fuente |
|---------------------------|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| México | <i>B. costaricensis</i> , <i>D. máxima</i> , <i>E. cuspidatus</i> , <i>M. longipennis</i> , <i>M. mezzolii</i> , <i>M. pallidipennis</i> , <i>M. phyllosoma</i> , <i>M. picturata</i> , <i>P. hirsuta</i> , <i>P. rufotuberculatus</i> , <i>R. prolixus</i> , <i>T. Barberi</i> , <i>T. bassolsae</i> , <i>T. bolivari</i> , <i>T. brailovskyi</i> , <i>T. dimidiata</i> , <i>T. gerstaeckeri</i> , <i>T. hegneri</i> , <i>T. incrassata</i> , <i>T. indiciva</i> , <i>T. lecticularia</i> , <i>T. mexicana</i> , <i>T. neotomae</i> , <i>T. nitida</i> , <i>T. peninsularis</i> , <i>T. protracta</i> , <i>T. recurva</i> , <i>T. rubida</i> , <i>T. sanguisuga</i> y <i>T. sinaloensis</i> | (Salazar Schettino et al., 2019). |
| Brasil | <i>C. pilosa</i> , <i>P. geniculatus</i> , <i>P. lutzi</i> , <i>P. megistus</i> , <i>R. nasutus</i> , <i>R. brethesi</i> , <i>R. prolixus</i> , <i>T. infestans</i> , <i>T. maculata</i> , <i>T. pseudomaculata</i> , <i>T. sordida</i> y <i>T. brasiliensis</i> | (Bedin et al., 2021; Fidalgo et al., 2018; Nascimento et al., 2020) |
| Perú | <i>B. peruvianus</i> , <i>C. pilosa</i> , <i>E. cuspidatus</i> , <i>E. mucronatus</i> , <i>M. trinidadensis</i> , <i>P. chinai</i> , <i>P. geniculatus</i> , <i>P. herreri</i> , <i>P. lignarius</i> , <i>P. rufotuberculatus</i> , <i>R. ecuatoriensis</i> , <i>R. pallescens</i> , <i>R. pictipes</i> , <i>R. robustus</i> , <i>T. canioni</i> , <i>T. dimidiata</i> , <i>T. infestans</i> , <i>T. matsuno</i> y <i>T. nigromaculata</i> | (Cuba et al., 2002; Nascimento et al., 2020; C. P. Padilla et al., 2017). |
| Bolivia | <i>E. mucronatus</i> , <i>M. trinidadensis</i> , <i>P. rufotuberculatus</i> , <i>R. robustus</i> , <i>R. stali</i> y <i>T. infestans</i> | (Depickère et al., 2007) |
| Argentina | <i>T. breyeri</i> , <i>T. corcodes</i> , <i>T. delponte</i> , <i>T. eratyrisiformis</i> , <i>T. garciabesi</i> , <i>T. geniculatus</i> , <i>T. guasayana</i> , <i>T. guentheri</i> , <i>T. infestans</i> , <i>T. limei</i> , <i>T. megistus</i> , <i>T. patagónica</i> , <i>T. platensis</i> , <i>T. rubrovaria</i> , <i>T. rufotuberculatus</i> y <i>T. sordida</i> | (Ministerio de Salud Argentina, 2021) |
| Ecuador | <i>C. pilosa</i> , <i>E. cuspidatus</i> , <i>E. mucronatus</i> , <i>P. chinai</i> , <i>P. geniculatus</i> , <i>P. herreri</i> , <i>P. howardi</i> , <i>P. lignarius</i> , <i>P. rufotuberculatus</i> , <i>R. barretti</i> , <i>R. ecuatoriensis</i> , <i>R. pictipes</i> , <i>R. robustus</i> , <i>T. canioni</i> , <i>T. dimidiata</i> , <i>T. disper</i> , <i>T. maculata</i> , y <i>T. venosa</i> | (Aguilar V et al., 1999; Enríquez, 2018; Nascimento et al., 2020) |
| Chile | <i>M. gajardo</i> , <i>M. parapatrica</i> , <i>M. spinolei</i> y <i>T. infestans</i> | |
| Colombia | <i>B. herreri</i> , <i>B. erugulosus</i> , <i>C. pilosa</i> , <i>E. cuspidatus</i> , <i>E. mucronatus</i> , <i>M. trinidadensis</i> , <i>P. arthur</i> , <i>P. geniculatus</i> , <i>P. humeralis</i> , <i>P. lignarius</i> , <i>P. rufotuberculatus</i> , <i>R. brethesi</i> , <i>R. colombiensis</i> , <i>R. dolessandroi</i> , <i>R. novai</i> , <i>R. pallescens</i> , <i>R. pictipes</i> , <i>R. prolixus</i> , <i>T. dimidiata</i> y <i>T. venosa</i> | (Instituto Nacional de Salud de Colombia, 2018; Nascimento et al., 2020) |
| Venezuela | <i>C. pilosa</i> , <i>P. geniculatus</i> , <i>R. brethesi</i> , <i>R. pictipes</i> , <i>R. prolixus</i> , <i>R. robustus</i> , y <i>T. maculata</i> | (García-Jordán et al., 2015) |
| Centroamérica | <i>B. costaricensis</i> , <i>C. pilosa</i> , <i>E. cuspidatus</i> , <i>M. trinidadensis</i> , <i>P. geniculatus</i> , <i>P. rufotuberculatus</i> , <i>R. pallescens</i> , <i>R. prolixus</i> , <i>T. dimidiata</i> , <i>T. disper</i> , <i>T. nitida</i> y <i>T. rickmani</i> | (Ayala, 2017; Hashimoto & Schofield, 2012; Nascimento et al., 2020; Rodríguez & Loaiza, 2017; Starr et al., 1991) |
| Paraguay | <i>P. corcodes</i> , <i>P. geniculatus</i> , <i>P. megistus</i> , <i>T. delponte</i> , <i>T. guasayana</i> , <i>T. guez</i> , <i>T. infestans</i> , <i>T. platensis</i> y <i>T. sordida</i> | (Casaccia et al., 2019; Gonzalez-Brítez et al., 2021) |
| Estados Unidos | <i>T. gerstaeckeri</i> , <i>T. lecticularia</i> , y <i>T. sanguisuga</i> | (Dom et al., 2007; Kjos et al., 2009). |
| Guayana Francesa/Suriname | <i>C. pilosa</i> y <i>R. prolixus</i> | (Barnabé et al., 2018; Nascimento et al., 2020) |
| Trinidad y Tobago | <i>P. geniculatus</i> y <i>R. pictipes</i> | (Hylton et al., 2020) (Omah-Maharaj, 1992) |
| Uruguay | <i>P. guentheri</i> , <i>P. megistus</i> , <i>P. lupynamba</i> , <i>T. circummaculata</i> , <i>T. delponte</i> , <i>T. infestans</i> , <i>T. platensis</i> , <i>T. rubrovaria</i> , <i>T. sordida</i> , <i>Tritoma delponte</i> | (Salvatella, 1988, 1993; Salvatella Roberto, 2016) |

Nota: En Centroamérica se engloban: Guatemala, Belice, El Salvador, Honduras, Nicaragua, Costa Rica y Panamá.

Un caso especial es Trinidad y Tobago, isla caribeña la cual cuenta con dos vectores que son *P. geniculatus* y *Rhodnius pictipes* sin embargo hasta el día de hoy no se encuentra literatura de casos de transmisión vectorial documentados a humanos pero si se describen ciclos zoonóticos con especies de mamíferos locales (Hylton et al., 2020). También esta isla cuenta con posibles vectores como *P. rufotuberculatus* y *E. mucronatus* (Omah-Maharaj, 1992). En otros países del Caribe no existen ci-

culos de transmisión, pero sí potenciales vectores como: *Nesotriatoma bruneri* en Cuba (de Oliveira et al., 2018). También se ha encontrado a *Triatoma rubrofasciata* en Cuba y otras islas del Caribe (J.-P. Dujardin et al., 2015).

Efectos del impacto ambiental en la distribución de los vectores de la ECH.

El impacto ambiental presenta un papel muy importante en el incremento, distribución y resurgimiento de muchas enfermedades incluyendo las enfermedades vectoriales. El cambio climático puede modificar la manera en que se distribuyen las enfermedades vectoriales como la ECH, a partir de la alteración de la disponibilidad de alimento del vector y modificando las condiciones medioambientales idóneas de supervivencia de la chinche, volviendo más hostiles las zonas de distribución naturales actuales y volviendo idóneas las que no lo son.

El cambio climático y el cambio de uso de suelo tienen un papel muy importante en el incremento de casos de enfermedades vectoriales, a medida que las poblaciones crecen se requiere un cambio de uso de suelo para la construcción de zonas urbanas, de igual modo se requieren mayores zonas para la agricultura y ganadería, actividades cruciales para la humanidad. Todos estos cambios a nivel ecosistémico alteran el equilibrio natural preexistente en ciertas zonas que tenían ciclos biológicos de las especies endémicas previamente definidos y la especie humana se expone a una mayor interacción con especies de animales que hasta cierto punto, en su ecosistema intacto no interactúan con el hombre. Estas continuas interacciones facilitan el contacto con enfermedades propias de los animales salvajes incluyendo aquellas que son capaces de transmitirse al hombre pudiendo resultar en una zoonosis.

El impacto ambiental por el cambio de uso de suelo para ciertas actividades (urbanización, ganadería o agricultura) también es un factor muy importante para considerar. Un ejemplo importante en este apartado es el del vector *Dipetalogaster maximus*, chinche pedrera y posible vector de la ECH que se alimenta de sangre de lagartijas, pero que por la invasión de su ecosistema ya ha sido encontrada de manera intradomiciliaria en viviendas de algunas colonias a las afueras de la Paz, Baja California Sur, lugar de donde esta chinche es endémica y en 1994 ocasionó el primer caso mortal de esta enfermedad en este estado (Velasco & Rivas, 2008).

Aunado a los cambios de distribución natural de los vectores de la ECH debido al impacto ambiental por cambio de uso de suelo, las modificaciones del ecosistema debidas al cambio climático podrían afectar de una manera más profunda a todo el ciclo biológico de las vectores de la ECH por ejemplo, durante el momento de la puesta de huevos del triatomino vector de la ECH y hasta la eclosión de estos, durante todo el desarrollo de estadios ninfales y hasta alcanzar su último estadio, el vector de la ECH requiere de ciertas condiciones de humedad, temperatura y altitud para desarrollarse, estas condiciones dependen de la especie. Aunado a estas condiciones, también es importante considerar la distribución de los reservorios naturales, los cuales son fuente de alimento para estas chinches (Medone et al., 2015). Debido a los cambios a nivel ecosistémico producidos por el hombre y el cambio climático, los vectores de la ECH podrían moverse de sus zonas de distribución natural para buscar adaptarse a nuevas zonas que sean idóneas para su desarrollo (Figura 2).

Otras enfermedades Vectoriales y el modelo de diseminación que presentan debido al cambio climático.

Muchas enfermedades se han visto implicadas en el resurgimiento y extensión global a lo largo de los años, muchas veces influenciadas de manera natural o impulsadas por el hombre, para estas en-

fermedades existen modelos predictivos basados en características meteorológicas, características de influencia social e intrínsecas a la naturaleza de los vectores que las ocasionan. Varios modelos señalan en conjunto que debido a eventos ocurridos por el cambio climático muchas patologías vectoriales podrían emerger nuevamente y extenderse fuera de sus zonas endémicas.

Para el dengue cuyo vector principal en México es el mosquito *Aedes aegypti*, a partir de modelos matemáticos predictivos se ha llegado a la conclusión de que la temperatura y precipitación pluvial son parámetros de suma importancia para la distribución natural de su vector y que debido al cambio climático se estima que para el año 2080 se espera un incremento de la incidencia de casos de aproximadamente 40% (Colón-González et al., 2013).

La enfermedad de Lyme, cuyo agente etiológico es *Borrelia mayonii* tiene como vector a ciertas especies de garrapatas. Esta bacteria también ha tenido incrementos de seroprevalencia de vectores en Europa de hasta un 400%, la incidencia de vectores infectados se ha visto favorecida por inviernos menos fríos, veranos más húmedos y en consecuencia con cambio inter estacional menos marcado por la variación de temperaturas que anteriormente se vivía en países como Suiza (Estrada-Peña et al., 2011; Semenza & Suk, 2018).

Para la peste bubónica que tiene como vector a ciertas especies de pulgas, el agente etiológico de esta enfermedad es la bacteria *Yersinia pestis* y tiene como reservorios naturales obligatorios a ciertas especies de ratas, hay muchos escenarios hipotéticos que buscan aclarar las causas de la pandemia de peste negra ocurrida en el siglo XIV, una hipótesis muy interesante es que debido a variaciones meteorológicas que impulsaron en el periodo de tiempo de 1280–1350 se presentaron climas más cálidos y con un incremento de humedad que ocasionaron el colapso de las colonias de ratas y al verse reducidas las pulgas buscaron alimentarse en reservorios alternativos encontrando al hombre como fuente de alimento (Schmid et al., 2015).

Los modelos matemáticos abren la posibilidad de comprender más el panorama de la evolución de ciertas enfermedades vectoriales, para *Y. pestis* se estima que con un incremento de temperatura de solo 1°C causaría un incremento del >50% de seroprevalencia de la bacteria causal de la peste bubónica en los reservorios naturales de esta enfermedad, estos eventos meteorológicos son de interés dado que gracias al cambio climático se han vuelto más comunes y por lo tanto el cambio climático podría influir en el desarrollo de un nuevo rebrote de peste negra (Stenseth et al., 2006).

Globalización e impacto de este fenómeno con la transmisión de la enfermedad de Chagas.

La globalización es un factor para considerar en la migración de enfermedades, de igual manera las enfermedades vectoriales se ven influenciadas por la creciente integración de las economías de todo el mundo, el intercambio intercontinental de materias primas, productos, por el constante incremento poblacional y la migración que, en conjunto componen a la globalización mundial. Estos movimientos facilitan el transporte y diseminación de enfermedades fuera de sus zonas de origen.

Los movimientos vectoriales de las chinches transmisoras de la ECH, también se vieron involucrados debido a la movilidad ocasionada por el desplazamiento poblacional ocurrido en los últimos 150 años ocasionado por la globalización, una especie que pudo estar involucrada es *T. infestans* desde su posible lugar de origen en Bolivia, se sospecha que logró extenderse, debido a los registros donde se confirma que durante los años 60 este vector se encontraba viajando en vagones de ferrocarril en un trayecto hacia Chile. Posteriormente, en los años 90 se encontró a *T. infestans* dentro del equipaje de migrantes bolivianos que se dirigían a Argentina, como dato importante cabe señalar que esta chinche se encontraba en todos sus estadios de desarrollo demostrando ciclos ecológicos intradomi-

ciliarios y se demostró su adaptabilidad al entorno social (J. P. Dujardin et al., 1998; Faúndez, 2016; Schofield et al., 2009).

Para el caso de *R. prolixus*, especie endémica de Venezuela y debido al interés médico en aplicaciones de xenodiagnóstico de la ECH, se transportó a otros países llegando a la capital de El Salvador donde muy seguramente escapó colonizando toda América central en la década de los 50's (Schofield et al., 2009). Esta hipótesis se puede plantear dada la discontinuidad de la distribución de la especie en la parte centro y sur de Latinoamérica (J. P. Dujardin et al., 1998).

Por otra parte, los movimientos poblacionales de América a Asia ocurridos hace aproximadamente >300 años, se ven hipotetizados eventos de movimientos de vectores de la ECH como es el caso de *Triatoma rubrofasciata*, la única especie del género Reduviidae que se encuentra presente en el viejo continente, en países como Vietnam en el continente Asiático (J.-P. Dujardin et al., 2015). Como hipótesis de esta migración se tiene que *T. rubrofasciata* se transportó en embarcaciones que partieron del nuevo al viejo continente, se establecieron y debido a las características meteorológicas similares se adaptaron a estos ecosistemas (Schofield et al., 2009). Mediante un análisis morfométrico a la chinche capturada en este país se logró corroborar que comparte características con al menos 7 especies de chinches del continente asiático (Patterson et al., 2001).

Hasta el día de hoy no se han confirmado vectores infectados con el parásito que ocasiona la ECH en Europa, pero de igual modo es de interés científico dada la movilidad nacional o internacional de viajeros provenientes de zonas endémicas, permaneciendo la posibilidad de llevar las chinches infectadas en su equipaje o a través del transporte de materiales, alimentos o animales entre diferentes países, esta globalización ya demostró la transmisión de manera pasiva de *T. cruzi* mediante el comercio legal o ilegal de especies que fungen como reservorios naturales y que son portadores de la ECH, estos eventos ya se han documentado como es el caso de especies de primates transportados de zonas endémicas hacia países de Europa o E.E.U.U. (Schofield et al., 2009).

Perspectivas a futuro de la enfermedad de Chagas.

La ECH es endémica del continente americano con una tasa de transmisión vectorial del 80% en estas zonas. Actualmente no se han corroborado potenciales vectores con serología positiva alrededor del mundo fuera de sus zonas endémicas, pero se sabe que ciertas especies de vectores presentan un grado adaptabilidad demostrada por los cambios ecosistémicos causados por las actividades antropogénicas. Especies como *Triatoma rubrofasciata*, especie vectorial la cual logró desarrollar hábitos domésticos y debida a su adaptabilidad intrínseca, como hipótesis pudo diseminarse al continente asiático debido a los movimientos migratorios del hombre, su presencia se confirma con su avistamientos en 2014 en al menos 7 provincias de Vietnam (J.-P. Dujardin et al., 2015).

Esto abre la posibilidad la futura extensión de especies invasoras de vectores de la ECH que presenten cierta adaptabilidad y debido a la globalización como lo fue el caso confirmado de *T. rubrofasciata* que ahora es una especie invasora de interés y de preocupación medioambiental. Aunado a esta transmisión vectorial, a partir de las formas de trasmisión re-emergentes como son la transfusión sanguínea, el trasplante de órganos y la transferencia materno fetal que se ven en incremento por la migración de portadores de la ECH fuera de las zonas endémicas, esta enfermedad se encuentra diseminada prácticamente en todo el mundo y si aunado a esto aparecen chinches vectores en otros lados se vería un incremento significativo de la enfermedad.

Debido a las barreras de diagnóstico en países no endémicos como el desconocimiento de esta patología y los pocos o nulos controles de tamizaje que se realizan fuera de las zonas endémicas ocurriría una lenta pero constante diseminación de la ECH. El equilibrio ecológico frágil y debido a la acti-

vidad humana se ha visto alterado, estos cambios o alteraciones favorecen la migración de muchas especies y de igual modo, como se ha visto con muchas enfermedades, estas pueden moverse de sus zonas endémicas hacia zonas no endémicas.

Basándonos en los eventos ocurridos en los diferentes vectores como mosquitos, garrapatas y chinches, en los vectores mencionados de la ECH, podría suceder en algún escenario posible el escape de estas chinches hematófagas, los triatominos podrían localizarse en otro continente, dada la posibilidad de adaptación que presentan ciertas especies de vectores, estos escenarios se verían favorecidos debido a la globalización y movilidad actual y ponen en riesgo a zonas no endémicas de la ECH con una diseminación silenciosa pero constante.

Aunado a estos eventos debido a la alteración de ecosistemas en parte por la actividad humana y por otra por el cambio climático, estos eventos pueden ocasionar un movimiento migratorio de los vectores de la ECH hacia regiones con climas más idóneos y donde la disponibilidad de alimento sea apropiada para estas chinches.

Conclusiones

Los movimientos migratorios de las chinches vectores de la ECH, han sido modificados debido al cambio en las condiciones ambientales dentro de su ecosistema, sin embargo la actividad humana también ha favorecido la generación de estos cambios, a través de propiciar el cambio climático con el uso de componentes y químicos que afectan al medio ambiente, así como el uso de suelo en el cual se ha llevado a cabo la deforestación lo cual interrumpe los hábitats de las chinches y acerca al humano a estas, ocasionando una interacción estrecha y por lo tanto la re-emergencia de la ECH en la población. Por lo anteriormente expuesto, es de vital importancia conocer al vector de esta enfermedad, así como comprender el riesgo para la salud que implica su dispersión y nuevos hábitats en los que se puedan establecer, con la finalidad de tomar medidas de prevención y evitar la interacción de las chinches con el humano.

Leyendas de Figuras:

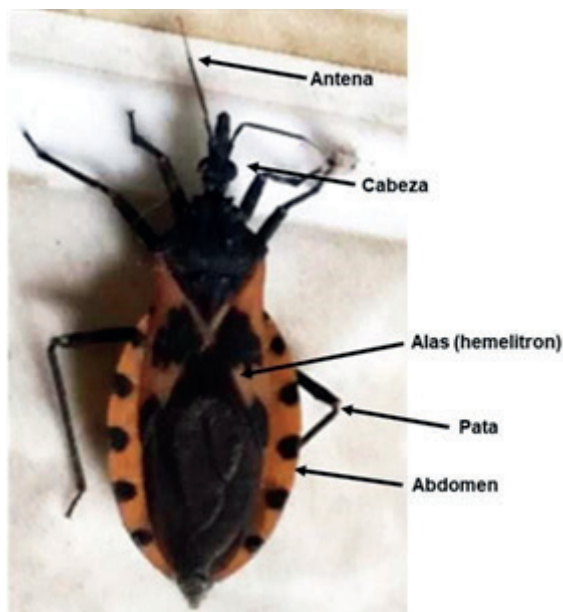


Figura 1. Ejemplo de un insecto perteneciente a la familia Triatominae, se observa la cabeza con antenas, 3 pares de patas, así como un par de alas. El borde del abdomen muestra un patrón característico en estos insectos hematófagos. La imagen es de autoría propia.

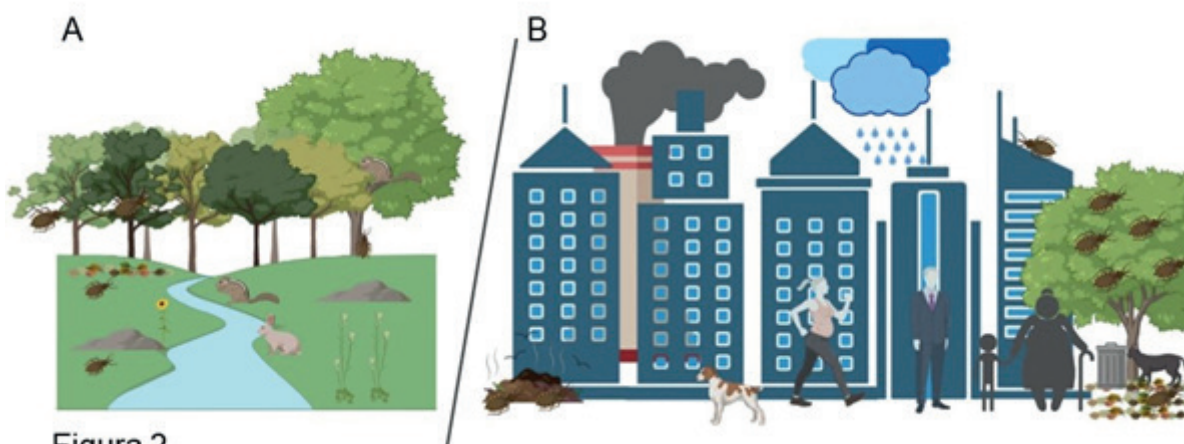


Figura 2

Figura 2. A. En los nichos ecológicos habituales, los insectos hematófagos se alimentan de animales nativos, los cuales funcionan como reservorios del parásito *Trypanosoma cruzi*. B. cuando se genera un cambio de uso de suelo, así como un cambio climático, las áreas urbanizadas introducen animales domésticos, así como al humano, en este nuevo hábitat los insectos hematófagos se adecuan y al estar en contacto con nuevos reservorios cercanos al humano, la posibilidad de diseminación de la enfermedad es más prevalente. La imagen se generó en Biorender.

Referencias

- Aguilar V, H. M., Abad-Franch, F., Racines V, J., & Paucar C, A. (1999). Epidemiology of Chagas disease in Ecuador. A brief review. *Memorias Do Instituto Oswaldo Cruz*, 94 Suppl 1, 387–393. <https://doi.org/10.1590/s0074-02761999000700076>
- Ayala, J. (2017). The triatomines of Costa Rica (Heteroptera: Reduviidae, Triatominae). *Archivos Entomológicos*, 18, 189–215. <https://dialnet.unirioja.es/servlet/articulo?codigo=6486937>
- Barnabé, C., Brenière, S. F., Guégan, J. F., Blanchet, D., & Aznar, C. (2018). Molecular characterization of *Rhodnius robustus* specimens, potential vectors for Chagas disease in French Guiana, South America. *Infection, Genetics and Evolution*, 59, 28–31. <https://doi.org/10.1016/J.MEEGID.2018.01.019>
- Bedin, C., Wilhelms, T., Villela, M. M., Silva, G. C. C. da, Riffel, A. P. K., Sackis, P., & Mello, F. de. (2021). Residual foci of *Triatoma infestans* infestation: Surveillance and control in Rio Grande do Sul, Brazil, 2001-2018. *Revista Da Sociedade Brasileira de Medicina Tropical*, 54. <https://doi.org/10.1590/0037-8682-0530-2020>
- Benedict, M. Q., Levine, R. S., Hawley, W. A., & Lounibos, L. P. (2007). Spread of the tiger: global risk of invasion by the mosquito *Aedes albopictus*. *Vector Borne and Zoonotic Diseases* (Larchmont, N.Y.), 7(1), 76–85. <https://doi.org/10.1089/vbz.2006.0562>
- Bern, C., Kjos, S., Yabsley, M. J., & Montgomery, S. P. (2011). *Trypanosoma cruzi* and Chagas' Disease in the United States. *Clinical Microbiology Reviews*, 24(4), 655–681. <https://doi.org/10.1128/CMR.00005-11>

Campos, A. A., Rubio Ortiz, M., Itandehui, T., Cuevas, M., Alberto, L., Osorio, H., Calvillo, S. M., & Cela, Manning, R. G. (2017). Enfermedad de Chagas: Vectores. *Ciencia*, 68(1), 30–33. <https://biblat.unam.mx/es/revista/ciencia-academia-mexicana-de-ciencias/articulo/enfermedad-de-chagas-vec-tores>

Casaccia, P. S., González-Britez, N., Acosta, N., & López, E. (2019). Vectores de *Trypanosoma cruzi* en ambientes domésticos y silvestres de las comunidades Ayoreo Totobiegosode del Alto Paraguay. *Revista de La Sociedad Científica Del Paraguay*, 24(1), 218–229. <https://doi.org/10.32480/RSCP.2019-24-1.218-229>

CDC. (2022, January 6). Enfermedad de Chagas: Hoja informativa detallada. <https://www.cdc.gov/parasites/chagas/es/informativa/detallada.html>

Colón-González, F. J., Fezzi, C., Lake, I. R., & Hunter, P. R. (2013). The effects of weather and climate change on dengue. *PLoS Neglected Tropical Diseases*, 7(11), e2503–e2503. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0002503>

Cuba, C. A. C., Abad-Franch, F., Roldan Rodriguez, J., Vargas Vasquez, F., Pollack Velasquez, L., & Miles, M. A. (2002). The triatomines of northern Peru, with emphasis on the ecology and infection by trypanosomes of *Rhodnius ecuadoriensis* (Triatominae). *Memorias Do Instituto Oswaldo Cruz*, 97(2), 175–183. <https://doi.org/10.1590/s0074-02762002000200005>

de Oliveira, J., Ayala, J. M., Justi, S. A., da Rosa, J. A., & Galvão, C. (2018). Description of a new species of *Nesotriatoma* Usinger, 1944 from Cuba and revalidation of synonymy between *Nesotriatoma bruneri* (Usinger, 1944) and *N. flavida* (Neiva, 1911) (Hemiptera, Reduviidae, Triatominae). *Journal of Vector Ecology : Journal of the Society for Vector Ecology*, 43(1), 148–157. <https://doi.org/10.1111/jvec.12294>

Depickère, S., Martinez, E., López, R., Durán, P., Lardeux, F., & Chavez, T. (2007). *Rhodnius stali*: a new vector of Chagas disease in Bolivia. <https://doi.org/10.13140/RG.2.2.24459.11046>

Dorn, P. L., Perniciaro, L., Yabsley, M. J., Roellig, D. M., Balsamo, G., Diaz, J., & Wesson, D. (2007). Autochthonous transmission of *Trypanosoma cruzi*, Louisiana. *Emerging Infectious Diseases*, 13(4), 605–607. <https://doi.org/10.3201/eid1304.061002>

Dujardin, J.-P., Lam, T. X., Khoa, P. T., & Schofield, C. J. (2015). The rising importance of *Triatoma rubrofasciata*. *Memorias Do Instituto Oswaldo Cruz*, 110(3), 319–323. <https://doi.org/10.1590/0074-02760140446>

Dujardin, J. P., Muñoz, M., Chavez, T., Ponce, C., Moreno, J., & Schofield, C. J. (1998). The origin of *Rhodnius prolixus* in Central America. *Medical and Veterinary Entomology*, 12(1), 113–115. <https://doi.org/10.1046/j.1365-2915.1998.00092.x>

Ebi, K. L., & Nealon, J. (2016). Dengue in a changing climate. *Environmental Research*, 151, 115–123. <https://doi.org/10.1016/J.ENVRES.2016.07.026>

Enríquez, S. (2018). Actualización de la distribución geográfica de *Triatoma dispar* (Hemiptera: Reduviidae: Triatominae) en Ecuador. *Revista Colombiana de Entomología*, 43.

Estrada-Peña, A., Ortega, C., Sánchez, N., Desimone, L., Sudre, B., Suk, J. E., & Semenza, J. C. (2011). Correlation of *Borrelia burgdorferi* sensu lato prevalence in questing *Ixodes ricinus* ticks with specific abiotic traits in the western palearctic. *Applied and Environmental Microbiology*, 77(11), 3838–3845. <https://doi.org/10.1128/AEM.00067-11>

Faúndez, E. (2016). Sobre los registros aislados de *Triatoma infestans*(Klug, 1834) (Heteroptera: Reduviidae: Triatominae) en el sur de Chile. *Archivos Entomológicos*, 15, 121–124.

Fidalgo, A. S. O. de B. V., Costa, A. C. da, Silva Filho, J. D. da, Cândido, D. da S., Freitas, E. C., Pereira, L. D. S., Andrade, M. C. de, Gomes, K. C. M. S., Bezerra, C. M., & Oliveira, M. de F. (2018). Insect vectors of Chagas disease (*Trypanosoma cruzi*) in Northeastern Brazil. *Revista Da Sociedade Brasileira de Medicina Tropical*, 51(2), 174–182. <https://doi.org/10.1590/0037-8682-0408-2017>

Fuentes-Vicente, J. A. De, Vidal-López, D. G., Gutiérrez-Jiménez, J., Schlie-Guzmán, M. A., Fuentes-Vicente, J. A. De, Vidal-López, D. G., Gutiérrez-Jiménez, J., & Schlie-Guzmán, M. A. (2016). Tasa de infección y tiempo de defecación de los estadios ninfales de *Triatoma dimidiata* (Latreille, 1811) después de la infección experimental con *Trypanosoma cruzi*. *Revista Biomédica*, 27(3), 111–117. <https://doi.org/10.32776/REVBIMOMED.V27I3.539>

Galvão, C., Carravallo, R., Rocha, D. D. S., & Jurberg, J. (2003). A checklist of the current valid species of the subfamily Triatominae Jeannel, 1919 (Hemiptera, Reduviidae) and their geographical distribution, with nomenclatural and taxonomic notes. *Zootaxa*, 202(1), 1–36–1–36. <https://doi.org/10.11646/ZOOTAXA.202.1.1>

García-Jordán, N., Berrizbeitia, M., Concepción, J. L., Aldana, E., Cáceres, A., & Quiñones, W. (2015). Entomological study of *Trypanosoma cruzi* vectors in the rural communities of Sucre state, Venezuela. *Biomédica*, 35(2), 247–257. <https://doi.org/10.7705/BIOMEDICA.V35I2.2390>

Gonzalez-Britez, N. E., Alevi, K. C. C., Caris Garcia, A. C., Martínez Purroy, C. E., Galvão, C., & Carrasco, H. J. (2021). Chagas Disease Vectors of Paraguay: Entomoepidemiological Aspects of *Triatoma sordida* (Stål, 1859) and Development of an Identification Key for Paraguayan Triatomines Based on Cytogenetics Data. *The American Journal of Tropical Medicine and Hygiene*, 105(1), 130–133. <https://doi.org/10.4269/ajtmh.20-1454>

Hashimoto, K., & Schofield, C. J. (2012). Elimination of *Rhodnius prolixus* in Central America. *Parasites & Vectors*, 5, 45. <https://doi.org/10.1186/1756-3305-5-45>

Hubálek, Z. (2003). Emerging human infectious diseases: anthroponoses, zoonoses, and sapronoses. In *Emerging infectious diseases* (Vol. 9, Issue 3, pp. 403–404). <https://doi.org/10.3201/eid0903.020208>

Hylton, A., Fitzpatrick, D. M., Suepaul, R., Dobson, A. P., Charles, R. A., & Peterson, J. K. (2020). Preliminary Characterization of Triatomine Bug Blood Meals on the Island of Trinidad Reveals Opportunistic Feeding Behavior on Both Human and Animal Hosts. *Tropical Medicine and Infectious Disease*, 5(4). <https://doi.org/10.3390/tropicalmed5040166>

Instituto Nacional de Salud de Colombia. (2018). Informe Técnico Entomológico Enfermedad de Chagas, Colombia 2018. [https://www.ins.gov.co/buscador-eventos/Informacin de laboratorio/Informe-tecnico-entomologico-Chagas-2018.pdf](https://www.ins.gov.co/buscador-eventos/Informacin%20de%20laboratorio/Informe-tecnico-entomologico-Chagas-2018.pdf)

Jansen, A. M., Xavier, S. C. das C., & Roque, A. L. R. (2018). Trypanosoma cruzi transmission in the wild and its most important reservoir hosts in Brazil. *Parasites & Vectors*, 11(1), 502. <https://doi.org/10.1186/s13071-018-3067-2>

Kirchhoff, L. V. (2011). Epidemiology of American Trypanosomiasis (Chagas Disease). *Advances in Parasitology*, 75, 1–18. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-385863-4.00001-0>

Kjos, S. A., Snowden, K. F., & Olson, J. K. (2009). Biogeography and Trypanosoma cruzi infection prevalence of Chagas disease vectors in Texas, USA. *Vector Borne and Zoonotic Diseases (Larchmont, N.Y.)*, 9(1), 41–50. <https://doi.org/10.1089/vbz.2008.0026>

Lent, H., & Wygodzinsky, P. (1979). Revision of the Triatominae (Hemiptera, Reduviidae), and their significance as vectors of Chagas' disease. *Bulletin of the American Museum of Natural History*, 163(3), 123–520.

Medone, P., Ceccarelli, S., Parham, P. E., Figuera, A., & Rabinovich, J. E. (2015). The impact of climate change on the geographical distribution of two vectors of Chagas disease: implications for the force of infection. *Philosophical Transactions of the Royal Society of London. Series B, Biological Sciences*, 370(1665). <https://doi.org/10.1098/rstb.2013.0560>

Ministerio de Salud Argentina. (2021). PROGRAMA NACIONAL DE CHAGAS GUÍA PARA EL CONTROL VECTORIAL DE LA ENFERMEDAD DE CHAGAS.

Nascimento, E., Souza, É. Dos, Paiva, V., Chagas, E., & Galvão, C. (2020). *Cavernicola pilosa* Barber, 1937 (Hemiptera, Reduviidae, Triatominae): first record in Amazonas state, Brazil. *Check List*, 16, 387–390. <https://doi.org/10.15560/16.2.387>

Omah-Maharaj, I. (1992). Studies on vectors of Trypanosoma cruzi in Trinidad, West Indies. *Medical and Veterinary Entomology*, 6(2), 115–120. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2915.1992.tb00586.x>

OMS/OPS. (2022). Día Mundial de la Enfermedad de Chagas 2022. <https://www.who.int/es/campaigns/world-chagas-disease-day/world-chagas-disease-day-2022>

Padilla, C. P., Alvarado, U., Ventura, G., Luna-Caipo, D., Suárez, M., Tuñoque, J. R., Ruelas-Llerena, N., Fachín, L. A., Huiza, A., Gonzáles, L., Carranza, J. C., Vallejo, G. A., Vallejo, G. A., Cáceres, A. G., & Cáceres, A. G. (2017). Identifying Trypanosoma cruzi discreet typing units in triatomines collected in different natural regions of Perú. *Biomedica : Revista Del Instituto Nacional de Salud*, 37(0), 167–179. <https://doi.org/10.7705/biomedica.v37i0.3559>

Padilla, N. A., Moncayo, A. L., Keil, C. B., Grijalva, M. J., & Villacís, A. G. (2019). Life Cycle, Feeding, and Defecation Patterns of Triatoma carrioni (Hemiptera: Reduviidae), under Laboratory Conditions. *Journal of Medical Entomology*, 56(3), 617–624. <https://doi.org/10.1093/jme/tjz004>

Patterson, J. S., Schofield, C. J., Dujardin, J. P., & Miles, M. A. (2001). Population morphometric analysis of the tropicopolitan bug *Triatoma rubrofasciata* and relationships with old world species of *Triatoma*: evidence of New World ancestry. *Medical and Veterinary Entomology*, 15(4), 443–451. <https://doi.org/10.1046/j.0269-283x.2001.00333.x>

Rodriguez, I. G., & Loaiza, J. R. (2017). American trypanosomiasis, or Chagas disease, in Panama: a chronological synopsis of ecological and epidemiological research. *Parasites & Vectors*, 10(1), 459. <https://doi.org/10.1186/s13071-017-2380-5>

Rodríguez Martínez, L. M., Izquierdo Aquino, F., González Fernández, M. I., Correa Morales, F., González Acosta, C., Rodríguez Martínez, L. M., Izquierdo Aquino, F., González Fernández, M. I., Correa Morales, F., & González Acosta, C. (2019). Distribución de *Aedes albopictus* (Skuse 1895) en Tabasco, México durante 2015-2018. *Horizonte Sanitario*, 18(2), 159–165. <https://doi.org/10.19136/HS.A18N2.2689>

Salazar Schettino, P. M., Bucio Torres, M. I., Rojo Medina, J., Manuel Valencia, Y. V., Revuelta Herrera, M. A., Chávez Mendoza, A., Ramos García, C., Becker Fauser, I. D., Cabrera Bravo, M., & López Cancino, S. A. (2019). MANUAL DE PROCEDIMIENTOS PARA LA ENFERMEDAD DE CHAGAS EN MÉXICO DE LA SECRETARÍA DE SALUD. https://www.gob.mx/cms/uploads/attachment/file/447946/Manual_de_Procedimientos_para_la_Enfermedad_de_Chagas_en_Mexico.pdf

Salvatella, R. (1986). Triatomíneos del Uruguay. *Revista Médica Del Uruguay*, 2, 106–113. <http://www.rmu.org.uy/revista/1986v2/art3.pdf>

Salvatella, R. (1993). Los ciclos de transmisión de *Trypanosoma cruzi* (Chagas, 1909) (Protozoa, Mastigophora) en Uruguay. *Revista Medica Uruguay*, 9(1), 55–64. <https://www.rmu.org.uy/revista/1993v1/art7.pdf>

Salvatella Roberto. (2016). Chagas en Uruguay, 1937-2016: Información básica para su prevención, control y atención. SciELO Analytics.

Schmid, B. V, Büntgen, U., Easterday, W. R., Ginzler, C., Walløe, L., Bramanti, B., & Stenseth, N. C. (2015). Climate-driven introduction of the Black Death and successive plague reintroductions into Europe. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 112(10), 3020–3025. <https://doi.org/10.1073/pnas.1412887112>

Schofield, C. J., Grijalva, M., & Diotaiuti, L. (2009). Distribución de los vectores de la Enfermedad de Chagas en países “no endémicos”: la posibilidad de transmisión vectorial fuera de América Latina. *Enfermedades Emergentes*, 11, 20–27.

Semenza, J. C., & Suk, J. E. (2018). Vector-borne diseases and climate change: a European perspective. *FEMS Microbiology Letters*, 365(2). <https://doi.org/10.1093/femsle/fnx244>

Starr, M. D., Rojas, J. C., Zeledón, R., Hird, D. W., & Carpenter, T. E. (1991). Chagas’ disease: risk factors for house infestation by *Triatoma dimidiata*, the major vector of *Trypanosoma cruzi* in Costa Rica. *American Journal of Epidemiology*, 133(7), 740–747. <https://doi.org/10.1093/oxfordjournals.aje.a115949>

Stenseth, N. C., Samia, N. I., Viljugrein, H., Kausrud, K. L., Begon, M., Davis, S., Leirs, H., Dubyanskiy, V. M., Esper, J., Ageyev, V. S., Klassovskiy, N. L., Pole, S. B., & Chan, K.-S. (2006). Plague dynamics are driven by climate variation. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 103(35), 13110–13115. <https://doi.org/10.1073/pnas.0602447103>

Trouiller, P., Olliaro, P., Torreele, E., Orbinski, J., Laing, R., & Ford, N. (2002). Drug development for neglected diseases: a deficient market and a public-health policy failure. *Lancet (London, England)*, 359(9324), 2188–2194. [https://doi.org/10.1016/S0140-6736\(02\)09096-7](https://doi.org/10.1016/S0140-6736(02)09096-7)

Velasco, O., & Rivas, B. (2008). Apuntes para la historia de la enfermedad de Chagas en México. *Boletín Médico Del Hospital Infantil de México*, 65, 57–79.