

# Modelación del nicho ecológico de Hendra virus

Ricardo De La Rosa-Castillo

## Resumen

Hendra virus (HeV) se identificó en Australia en 1994 como una amenaza a la salud debido a su letalidad en humanos. El objetivo de este trabajo es generar información que permita anticipar y prevenir futuros brotes de HeV, mediante la modelación de su nicho ecológico, a partir de los factores bióticos, abióticos y de movimiento que lo componen. Principal factor biótico, murciélagos frugívoros del género *Pteropus*, hospederos y vectores naturales del virus. Entonces, para que exista transferencia de HeV, deben encontrarse presentes los murciélagos, de aquí que la modelación del nicho del virus fue a partir de datos de presencia de los murciélagos; la densidad poblacional y los patrones migratorios de estos murciélagos son variables clave en la dinámica de transmisión. Principal factor abiótico determinante, la temperatura, ya que influye en la distribución geográfica de los murciélagos y en la estabilidad del virus fuera de un organismo. El factor de movimiento del virus se observa en aspectos como las barreras geográficas que impiden su transmisión, en este caso, el mar que rodea Australia e impide la dispersión natural del virus. Sin embargo, el movimiento también puede observarse en cambios asociados a la expansión antrópica, que pueden favorecer la superposición de hábitat entre murciélagos y humanos, aumentando el riesgo de expansión del virus a nuevas regiones. Finalmente, se destacan las ventajas de un enfoque mecanístico en la modelación del nicho ecológico. Este permite explicar fenómenos complejos sencillamente mediante relaciones causales directas; por ejemplo, asumir que la presencia de murciélagos implica presencia de HeV. Esto resulta útil pero conlleva el riesgo de generalizar excesivamente y omitir detalles finos clave para comprender fenómenos reales. Así, incorporar un enfoque empírico, más receptivo a la incertidumbre y variabilidad, permite captar matices que un modelo mecanístico podría pasar por alto. Se recomienda, como ampliación metodológica, integrar datos de presencia real de la enfermedad, para observar representaciones más detalladas y fieles del nicho ecológico de HeV. Los resultados de los análisis, así como el código de RStudio utilizado, se pueden encontrar en el repositorio de datos GitHub: <https://github.com/RicardioDLRC/ETII>