

LA DÉCADA COVID
EN MÉXICO

Los desafíos
de la pandemia
desde las ciencias sociales
y las humanidades

Ecología,
medio ambiente
y **sustentabilidad**

Ken Oyama
Felipe García-Oliva
(Coordinadores)



Catalogación en la publicación UNAM. Dirección General de Bibliotecas y Servicios Digitales de Información

Nombres: Oyama, Ken, editor. | García Oliva, Felipe Francisco, editor.

Título: Ecología, medio ambiente y sustentabilidad / Ken Oyama, Felipe García-Oliva (coordinadores).

Descripción: Primera edición. | Ciudad de México : Universidad Nacional Autónoma de México, Secretaría de Desarrollo Institucional, 2023. | Serie: La década COVID en México : los desafíos de la pandemia desde las ciencias sociales y las humanidades ; tomo 14.

Identificadores: LIBRUNAM 2204855 (impreso) | LIBRUNAM 2204865 (libro electrónico) | ISBN 9786073075039 (impreso) | ISBN 9786073075022 (libro electrónico).

Temas: Ecología -- Aspectos sanitarios -- México. | Medio ambiente -- Aspectos sanitarios -- México. | Sustentabilidad -- México. | COVID-19 -- Aspectos ambientales. | Pandemia de COVID-19, 2020- -- Aspectos ambientales -- México.

Clasificación: LCC QH541.E357 2023 | LCC QH541 (libro electrónico) | DDC 577—dc23

Este libro fue sometido a un proceso de dictaminación por pares académicos expertos y cuenta con el aval del Comité Editorial de la Secretaría de Desarrollo Institucional de la Universidad Nacional Autónoma de México para su publicación.

Imagen de portada: Fernando Garcés Poó

Gestión editorial: Aracely Loza Pineda y Ana Lizbet Sánchez Vela

Primera edición: 2023

D. R. © 2023 Universidad Nacional Autónoma de México, Ciudad Universitaria,
Alcaldía Coyoacán, C.P., 04510, Ciudad de México
Secretaría de Desarrollo Institucional
Ciudad Universitaria, 8 Piso de la Torre de Rectoría
Alcaldía Coyoacán, C.P., 04510, Ciudad de México
www.sdi.unam.mx/

ELECTRÓNICOS

ISBN (Volumen): 978-607-30-7502-2 Título: Ecología, medio ambiente y sustentabilidad

ISBN (Obra completa): 978-607-30-6883-3 Título: La década COVID en México

IMPRESOS

ISBN (Volumen): 978-607-30-7503-9 Título: Ecología, medio ambiente y sustentabilidad

ISBN (Obra completa): 978-607-30-6843-7 Título: La década COVID en México



Se autoriza la copia, distribución y comunicación pública de la obra, reconociendo la autoría, sin fines comerciales y sin autorización para alterar o transformar. Bajo licencia creative commons Atribución 4.0 Internacional.

Hecho en México

Contenido

	Presentación	11
	<i>Enrique Graue Wiechers</i>	
	Prólogo	13
	<i>Guadalupe Valencia García</i>	
	<i>Leonardo Lomelí Vanegas</i>	
	<i>Néstor Martínez Cristo</i>	
	Introducción: Ecología, medio ambiente y sustentabilidad	21
	<i>Xicoténcatl Martínez Ruiz</i>	
1	La pandemia de COVID-19 en el Antropoceno	29
	<i>Ken Oyama</i>	
2	Reflexiones de la pandemia de COVID-19 desde la ecología y <i>Una Salud</i>	61
	<i>Gerardo Suzán</i>	
	<i>Erika Marcé Santa</i>	
	<i>Oscar Rico-Chávez</i>	
	<i>Rafael Ojeda-Flores</i>	
3	Estado global de la degradación de los ecosistemas en la década de la pandemia de COVID-19	83
	<i>Felipe García-Oliva</i>	
4	La evolución zoonótica: la compleja interacción entre los virus, el ser humano y su ambiente	101
	<i>José A. Campillo Balderas</i>	
5	Paisajes antropogénicos de México y zoonosis: hacia la construcción de paisajes sostenibles y saludables	151
	<i>Mariana Y. Álvarez-Añorve</i>	
	<i>Luis Daniel Avila-Cabadilla</i>	
	<i>Daniel Sokani Sánchez-Montes</i>	
	<i>Pablo Colunga-Salas</i>	
	<i>Sandra Álvarez-Betancourt</i>	
	<i>Julieta Benítez-Malvido</i>	

6	Zoonosis de importancia en salud pública en México: un enfoque integral	183
	<i>Víctor Sánchez-Cordero</i> <i>Francisco Botello</i> <i>Saúl Castañeda</i> <i>Jacqueline Sarmiento</i>	
7	Nuestros aliados alados: origen y diversidad de los murciélagos y los servicios ecosistémicos que nos proporcionan	211
	<i>Rodrigo A. Medellín</i>	
8	Responsabilidad de México como agente activo en el comercio de animales silvestres para mascotas	245
	<i>Inés Arroyo Quiroz</i>	
9	Modelos epidemiológicos y COVID-19	277
	<i>Hérica Sánchez Larios</i>	
10	El papel de las plataformas geoespaciales de monitoreo epidemiológico en la mitigación de las pandemias	313
	<i>Adrián Ghilardi</i> <i>Mauricio Quesada</i> <i>Christopher R. Stephens</i> <i>Alejandro Salinas-Medina</i> <i>Gabriel E. García-Peña</i> <i>José Luis Gordillo</i> <i>Romel Calero</i> <i>Pedro Romero Martínez</i> <i>Constantino González Salazar</i> <i>Ilse Ruiz Mercado</i> <i>Antonio Navarrete</i> <i>Emily Sturdivant</i> <i>Roberto Velasco-Segura</i>	
11	Efectos de la pandemia por COVID-19 en la contaminación ambiental	343
	<i>Pamela Chávez-Ortiz</i> <i>José Alberto Morón-Cruz</i>	
12	Ecología, medio ambiente y sustentabilidad. Conclusiones y perspectivas	367
	<i>Ken Oyama</i> <i>Felipe García-Oliva</i>	

Reflexiones de la pandemia de COVID-19 desde la ecología y *Una salud*

2

Gerardo Suzán

Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, UNAM

Erika Marcé Santa

Instituto Nacional de Ecología y Cambio Climático, INECC

Oscar Rico-Chávez

Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, UNAM

Rafael Ojeda-Flores

Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, UNAM

INTRODUCCIÓN

Nos encontramos en un momento en el que la reflexión sobre nuestra forma de relacionarnos con el planeta nos debe llevar a replantear el modelo civilizatorio moderno y la concepción del mundo. Hoy, con la emergencia de enfermedades como la producida por el virus SARS-COV-2, el aumento en la temperatura global y la crisis climática, se requiere más que nunca de una aproximación integral y transdisciplinaria desde las ciencias de la complejidad que permita abordar adecuadamente estos grandes problemas socioambientales.

La demanda de recursos de una población creciente bajo un sistema económico insostenible ha provocado cambios locales y globales sistémicos que impactan en la estructura y función de los ecosistemas que sostienen la vida y la salud de todos los seres vivos. Con casi 40% de la superficie terrestre del planeta destinada a la agricultura, la ganadería y las zonas urbanas, y con la contaminación global de agua, aire y tierra, se ha fomentado, directa e indirectamente, la emergencia y reemergencia de enfermedades infecciosas y

no infecciosas que afectan la salud humana, animal y ecosistémica (Whitmee, 2015; Wear *et al.*, 2021). La actual pandemia de COVID-19 es un ejemplo más que resulta de esta crisis.

En este capítulo hacemos una serie de reflexiones sobre la emergencia y reemergencia de enfermedades, identificando con enfoques desde la ecología y la evolución, los factores que favorecen esta situación y su relación con la perspectiva de *Una Salud / Ecosalud* (Zinsstag *et al.*, 2011). De igual forma, describimos la dinámica y la adaptación de diferentes coronavirus y sus impactos en la salud de diversas especies de animales domésticos y silvestres. Discutimos las limitaciones de abordar el estudio de las infecciones emergentes desde una o dos disciplinas, como la medicina y la epidemiología, y resaltamos la necesidad de las aproximaciones inter y transdisciplinarias para entender, enfrentar y prevenir futuras pandemias. Desde esta reflexión, proponemos una serie de estrategias que consideran diferentes escalas de análisis, temporales y espaciales, e incorporamos varios modelos que pueden ser usados en el estudio de sistemas complejos, como las infecciones emergentes.

SOCIEDADES MODERNAS: EL CALDO DE CULTIVO PARA ENFERMEDADES EMERGENTES

Las problemáticas socioambientales resultantes de la forma en la que se han desarrollado las sociedades modernas, caracterizadas por profundas desigualdades sociales y sistemas biológicos deteriorados, favorecen ciclos endémicos y epidémicos de enfermedades infecciosas poco atendidas, los cuales generan escenarios propicios para futuras pandemias. Asimismo, también se favorecen enfermedades no infecciosas en todos los seres vivos, propiciadas principalmente por la acumulación de contaminantes en agua, suelo y aire.

En los últimos años hemos enfrentado un colapso mundial producido por microorganismos, como el virus causante de la pandemia de COVID-19, y un colapso global relacionado con la crisis socioambiental, cuya máxima expresión es el cambio climático (Toledo, 2022). Ambos colapsos son el resultado de las relaciones establecidas entre los seres humanos y la naturaleza bajo un

modelo civilizatorio extractivista, cuyo concepto de bienestar y desarrollo es medido en tasas de crecimiento económico desvinculadas de la concepción del ser humano como parte del ambiente, lo que acentúa la visión de la naturaleza como un recurso ilimitado. Al amparo de este modelo, no sólo se generaron las desigualdades profundas que caracterizan a las sociedades modernas, sino que el impacto ambiental que ha producido se refleja actualmente en la salud humana, animal y ecosistémica.

El impacto ambiental del modelo civilizatorio moderno ha provocado que seis de los nueve límites planetarios estén siendo rebasados, lo que aumenta el riesgo de que se generen cambios ambientales abruptos o irreversibles a gran escala (Steffen *et al.*, 2015; Wang-Erlandsson *et al.*, 2022). Estos límites, definidos en 2009 por el Stockholm Resilience Center, se refieren a procesos que regulan la estabilidad y resiliencia del sistema Tierra, por lo que su alteración impacta directamente en la forma y la calidad de vida del sistema. Los seis límites rebasados son la integridad de la biosfera (pérdida de la biodiversidad), los cambios en el uso de la tierra, el cambio climático, los cambios en los ciclos biogeoquímicos del fósforo y del nitrógeno, la contaminación ambiental por químicos y entidades nuevas como plásticos, y los cambios en el agua disponible para las plantas.

La deforestación y la pérdida de la diversidad biológica están ligadas al menos con 31% de las enfermedades infecciosas emergentes y se estima que hay entre 540,000 y 850,000 virus circulando en poblaciones animales que pueden infectar al ser humano en zonas deforestadas, en las que se incrementa la superficie de contacto entre animales domésticos, silvestres y el ser humano (Intergovernmental Science-Policy Platform on Biodiversity and Ecosystem Services [IPBES], 2020). Se estima que la actual tasa de extinción de especies está por encima de las tasas correspondientes a las cinco extinciones masivas pasadas (Ceballos *et al.*, 2015). Asimismo, la temperatura promedio global del planeta se ha elevado 1.1 °C (Intergovernmental Panel on Climate Change [IPCC], 2021) y se sabe que el cambio climático altera los patrones de distribución de artrópodos vectores que transmiten diferentes infecciones emergentes y reemergentes. De hecho, el calentamiento global favorecerá el intercambio de virus entre especies y saltos taxonómicos en los próximos 50 años, lo que propiciará

la emergencia de zoonosis en zonas altamente pobladas de varias partes del mundo (Carlson *et al.*, 2022).

Por otro lado, la contaminación global de agua, aire y suelo generan millones de muertes al año. Se estima que siete millones de personas mueren anualmente por afecciones cardíacas y pulmonares asociadas con la contaminación del aire (World Health Organization [WHO], 2021). La contaminación en los ecosistemas acuáticos, producida por los desechos y las aguas residuales de poblaciones humanas, granjas e industrias, así como por la contaminación por los fertilizantes como el nitrógeno o el fósforo, favorece el desarrollo de patógenos transmitidos por agua. El agua contaminada y el saneamiento deficiente están relacionados con la transmisión de enfermedades como el cólera, la diarrea, la disentería, la hepatitis A, la fiebre tifoidea, la leptospirosis y la poliomielitis, entre otras. Por otra parte, el agua contaminada provoca cambios en la conducta de varias especies y mutaciones con efectos negativos y genotóxicos en diferentes especies como los anfibios, e incluso en el ser humano (Pesch *et al.*, 2004).

Paralelamente, la falta de agua limpia y saneamiento, y la prevención y el control inadecuado de las infecciones en animales y humanos fomentan la propagación de microorganismos resistentes a los tratamientos con antimicrobianos. La Organización Mundial de la Salud ha declarado que la resistencia a los antimicrobianos es una de las diez principales amenazas de salud pública a las que se enfrenta la humanidad. Los organismos resistentes a los antimicrobianos están presentes en las personas, los animales, los alimentos, las plantas y el ambiente (agua, suelo y aire). Cada año, la resistencia a los antimicrobianos que contaminan agua, aire y suelo causa la muerte de alrededor de 700,000 personas, y se espera que este número aumente a unos diez millones de muertes anuales para 2050 (WHO, 2016).

Como se mencionó anteriormente, se sabe que la pérdida de la biodiversidad está asociada con el aumento en la prevalencia de diferentes enfermedades y a este proceso se le asocia con la hipótesis conocida como efecto de dilución. Este efecto plantea que una mayor diversidad de especies de vertebrados diluye la transmisión de muchas enfermedades infecciosas, especialmente las transmitidas por vectores que se circulan entre vertebrados

(reservorios) a través de las picaduras de invertebrados hematófagos (vectores). A pesar de que existen algunas controversias acerca del efecto de dilución, diferentes metaanálisis sugieren que es un fenómeno constante que se repite a diferentes escalas espaciales (Arnal *et al.*, 2020).

Finalmente, el cambio de uso del suelo derivado de la expansión de la frontera agrícola y urbana es una de las fuerzas impulsoras de la pérdida de la biodiversidad, que, junto con la alteración de los ciclos biogeoquímicos y del flujo del agua, constituye el principal escenario para favorecer la emergencia de enfermedades.

LA REACCIÓN ANTE LA PANDEMIA Y LA NECESIDAD DE OTRAS DISCIPLINAS

La urgencia por comprender la dinámica de los agentes infecciosos –particularmente los coronavirus (covs)– emergentes destaca, en primer lugar, la importancia que tiene una perspectiva integral en materia de salud pública, animal y ecosistémica. Al mismo tiempo, resalta la necesidad de privilegiar los enfoques basados en la colaboración interinstitucional y la conectividad internacional (Barrett *et al.*, 2011; Errecaborde *et al.*, 2019). Actualmente, la COVID-19, la enfermedad causada por el coronavirus tipo 2 del síndrome respiratorio agudo severo (SARS-COV-2), ha impactado los sistemas de salud, sociales y económicos en prácticamente todos los países del mundo (WHO, 2022). Si bien la dimensión de los efectos de esta pandemia podría no tener precedentes en la historia reciente, este virus es sólo el más reciente de una larga lista de agentes infecciosos, en su mayoría virales, que son responsables de causar enfermedades tan relevantes como el SARS-COV-1, el ébola y la influenza, entre otras (Taylor *et al.*, 2001; Christou, 2011; Plowright *et al.*, 2017). La trascendencia de estas enfermedades zoonóticas de reciente aparición debe impulsarnos a cuestionar lo que hoy entendemos como “el campo de la salud” y favorecer la inclusión de disciplinas más allá de la medicina y la salud pública, como la biología evolutiva, la ecología, la antropología y la sociología, entre otras. Esta emergencia ha puesto de relieve la necesidad impostergable de priorizar

la colaboración transdisciplinaria, dado que las epidemias y pandemias son el resultado de interacciones entre distintas especies (generalmente entre animales silvestres, domésticos y las poblaciones humanas) impulsadas por la transformación de los ecosistemas naturales y múltiples factores socioculturales (Lewis, 2005; Wilcox y Colwell, 2005).

La complejidad del proceso de emergencia de enfermedades infecciosas vinculado con el origen y desarrollo de esta pandemia nos llama a estudiar los factores que se asocian constantemente con el surgimiento de brotes epidémicos, tales como la degradación ambiental y la modificación de la estructura y el funcionamiento de los ecosistemas desde distintas aproximaciones científicas (Johnson *et al.*, 2015; Webster *et al.*, 2016).

BUSCANDO NUEVAS FORMAS DE ENTENDER LAS INFECCIONES A TRAVÉS DE LA ECOLOGÍA Y LA EVOLUCIÓN

Para entender cómo se mantienen y evolucionan las enfermedades dentro de los sistemas naturales, se puede recurrir a la incorporación de conceptos básicos de ecología y evolución. La mayor parte de las enfermedades infecciosas tienen más de un hospedero, por lo que se necesitan estudios con enfoques multiespecies. Estos estudios se realizan a nivel de comunidades biológicas y ponen énfasis en las interacciones que suceden dentro de ecosistemas constituidos por múltiples hospederos y múltiples patógenos; es decir, utilizando herramientas transdisciplinarias para entender fenómenos complejos (Woolhouse *et al.*, 2001; Behdenna *et al.*, 2019). Por ejemplo, se han utilizado diferentes índices para medir los cambios en la composición de las comunidades de virus, incluidos los COVID-19, con sus hospederos, en diferentes escalas espaciales y sobre gradientes ambientales (Anthony *et al.*, 2013a, Rico-Chávez *et al.*, 2015; Nieto-Rabiela *et al.*, 2019; Ojeda-Flores *et al.*, 2021).

La escala espacial representa un factor crítico al estudiar los patrones y procesos que conducen a la emergencia de enfermedades virales. Centrarse en diferentes escalas espaciales ha permitido la identificación de cuándo y en qué escala espacial operan las infecciones en sistemas con múltiples hospederos.

Aunque muchos de los procesos que favorecen un salto taxonómico ocurren en diferentes escalas espaciales y son específicos de cada contexto, identificar la escala en la que opera una enfermedad infecciosa es fundamental para su modelado, comprensión y prevención (Milholland *et al.*, 2018). Aunque se desconoce el punto de inicio en el caso de la pandemia de COVID-19, se cree que ocurrieron interacciones interespecíficas que pudieron haber favorecido un salto de hospedero fundamental para que la infección se mantenga y se propague. Este evento se presentó y se favoreció a escalas locales y de paisaje, en las que coexistieron varias especies que mantuvieron la infección. La mayoría de los procesos en la interfase humano-animal silvestre-animal doméstico vinculados con la dinámica de enfermedades infecciosas ocurren en la escala de paisaje y, por lo tanto, ésta puede considerarse como la escala principal de operación de las enfermedades zoonóticas emergentes (Suzán *et al.*, 2015).

Además, reconocer los patrones de las asociaciones evolutivas entre hospederos y patógenos resulta útil para identificar a los hospederos vertebrados que actúan como reservorios virales potenciales y relacionarlos con los saltos de virus entre especies. Los estudios filogenéticos y coevolutivos de patógenos emergentes son útiles para comprender su origen, distribución actual y las especies hospedantes asociadas y, especialmente, para proporcionar las bases para comprender la ecología viral y el potencial zoonótico en diferentes áreas de riesgo (Chu *et al.*, 2011; Lei y Olival, 2014; Ojeda-Flores *et al.*, 2021). Por ejemplo, estudios realizados en murciélagos y sus cov en México han revelado una relación coevolutiva en la que los hospederos conducen de forma importante la selección y evolución de estos cov. Complementariamente, los patrones de distribución geográfica de los hospederos vertebrados ayudan a determinar la distribución y epidemiología de los cov asociados con ellos (Anthony *et al.*, 2013b), e influenciados por los cambios de uso del suelo en distintos ambientes (Rico-Chávez *et al.*, 2015).

Por otro lado, la integración de herramientas moleculares, como la detección y caracterización por la reacción de la cadena de la polimerasa (PCR por sus siglas en inglés) y los análisis filogenéticos posteriores permiten desarrollar y poner a prueba hipótesis relacionadas con la dinámica de virus y hospederos a escalas macro y microecológicas (Hunt *et al.*, 2008; Deneff

et al., 2010). Específicamente, en relación con el SARS-COV-2, estos enfoques se están explorando de forma intensa, estando la mayoría relacionados con la evolución viral en las poblaciones humanas en diferentes regiones y en función del tiempo de circulación local, regional y mundial (Da Silva *et al.*, 2020; Deng *et al.*, 2020; Lemey *et al.*, 2020). Los enfoques basados en la epidemiología molecular han permitido analizar datos genéticos y funcionales del SARS-COV-2, que son útiles para caracterizar sus mecanismos evolutivos, su patogenicidad y su respuesta a las vacunas y posibles medicamentos antivirales (Liu *et al.*, 2019; Amanat y Krammer, 2020; Mavian *et al.*, 2020). La identificación y caracterización molecular de los COV en animales silvestres también es necesaria para identificar el papel que desempeñan los hospederos reservorios y posibles intermediarios del SARS-COV-2.

LOS CORONAVIRUS COMO CENTINELAS DE CAMBIOS AMBIENTALES

Los coronavirus emergentes se pueden considerar como centinelas ambientales. Se ha demostrado que los COV, tanto experimentales como en la naturaleza, presentan continuamente una recombinación genética mediante un mecanismo genómico de cambio de plantillas (Woo *et al.*, 2006). Estos cambios generan mutaciones puntuales a una velocidad similar a la de otros virus del ARN, incluidos los virus de la influenza tipo A (Brian y Baric, 2005), por lo cual, no es de extrañar que, dada su configuración zoonótica y su capacidad multihospedera, conduzcan a enfermedades epidémicas. Su tendencia a la recombinación y las altas tasas de mutación pueden permitirles adaptarse a nuevos hospederos y nichos ecológicos (Jackwood, 2006; Woo *et al.*, 2006; Woo *et al.*, 2009). El brote de SARS que surgió en China en 2002 se prolongó durante ocho meses, infectó a 8,098 personas y provocó 774 (9.5%) muertes en el mundo (Liu, 2004), lo que lo convirtió en la primera pandemia del siglo XXI y evidenció la interacción entre especies de murciélagos, civetas, perros mapaches y humanos que propició cambios en la dinámica de la infección. Pos-

teriormente, durante la emergencia del MERS de 2012, enfermedad asociada con otra variante de coronavirus (MERS-COV), se identificaron 2,494 personas infectadas y 858 muertes en 27 países. Estos nuevos COV destacaron por ser marcadamente patogénicos para el humano, al igual que el recientemente descrito SARS-COV-2. Los α -COV y β -COV infectan a mamíferos mientras que los γ -COV y Δ -COV infectan aves, aunque algunos de ellos también pueden infectar mamíferos. Los α -COV y los β -COV generalmente causan enfermedades respiratorias en los humanos y gastroenteritis en diferentes especies de animales.

En animales domésticos, los coronavirus han producido enfermedades emergentes en los cerdos, como la gastroenteritis transmisible y la diarrea epidémica porcina; en gatos causan peritonitis; en perros enteritis; en ratas, inflamación de glándulas salivales y lagrimales; en el ganado bovino ocasionan una enfermedad respiratoria e intestinal. Otras especies de coronavirus causan la bronquitis infecciosa en aves. Muchas de estas infecciones se han asociado con altas densidades poblacionales y cambios profundos en los sistemas de producción, que generan oportunidades para que estos virus causen epidemias y epizootias.

Se considera que todos los coronavirus humanos tienen orígenes animales: SARS-COV, MERS-COV, SARS-COV-2, HCOV-NL63 y HCOV-229E se reconocen originarios de murciélagos; y los HCOV-OC43 y HCOV-HKU1 probablemente se originaron en roedores (Anthony *et al.*, 2017; Cui *et al.*, 2019). Los coronavirus emergentes son ejemplo claro de la necesidad de enfoques integrales, como el de *Una Salud*, que incluyen la salud pública, animal y ecosistémica, además de la conexión y colaboración interinstitucional.

LA TRANSDISCIPLINA: UNIENDO ESFUERZOS PARA TRABAJAR EN SISTEMAS COMPLEJOS

La emergencia y reemergencia de enfermedades representan un reto no sólo para los especialistas clínicos, quienes desarrollan nuevos tratamientos y aceleran el desarrollo de vacunas para la población, sino también para los cientí-

ficos en el campo de la ciencia de datos, quienes enfrentan el reto de predecir brotes para su prevención y control mediante la aplicación de métodos basados en enormes cantidades de información (Safdari *et al.*, 2021). Actualmente, es posible recopilar una gran cantidad de información sobre los sistemas de salud, los potenciales reservorios y los diferentes patógenos, gracias a la revolución digital. En las últimas décadas se han desarrollado estudios sobre pandemias y técnicas de minería de datos (Gulyaeva *et al.*, 2020) con el objetivo de comprender, controlar y manejar las pandemias, utilizando varios métodos de minería de datos y aprendizaje automatizado (*machine learning*), como procesamiento natural del lenguaje (NLP, por sus siglas en inglés), regresiones logísticas, series de tiempo y árboles de decisión, entre otros. Todas estas aproximaciones no podrían realizarse sin la participación de expertos de diferentes disciplinas. Los resultados se dan a través de la transdisciplina, entendida como una estrategia de investigación que atraviesa límites disciplinares para crear un enfoque holístico.

El principal reto en el desarrollo de modelos dirigidos a prevenir y predecir brotes es la identificación de los reservorios competentes (Viana *et al.*, 2014). El muestreo de organismos para detectar la presencia de una infección representa la primera etapa de un proceso para la inferencia adecuada de un hospedero, pero dicho muestreo, además de las restricciones logísticas, puede estar limitado por factores temporales y espaciales (Becker *et al.*, 2019). Por lo anterior, los modelos estadísticos pueden desempeñar un papel clave en la identificación de los patógenos prioritarios para la vigilancia, al reducir el conjunto de posibles objetivos de muestreo descartando los hospedadores de bajo riesgo (Washburne *et al.*, 2018; Crowley *et al.*, 2020) o prediciendo clados con un alto riesgo de ser reservorios competentes (Becker *et al.*, 2020). Por ejemplo, los enfoques de aprendizaje automatizado han generado listas de posibles reservorios primates no humanos que no han sido muestreados para el virus del zika, especies de murciélagos con probabilidad de transmitir filovirus y aves reservorias de *Borrelia burgdorferi* (Han *et al.*, 2016).

Es importante señalar que las predicciones de hospederos rara vez son validadas empíricamente (Becker *et al.*, 2020), aunque esto ha podido hacerse

en algunos casos: por ejemplo, se predijo mediante un modelo que *Eonycteris spelaea* es hospedero no detectado de filovirus en murciélagos (Han *et al.*, 2016), lo que se confirmó mediante un muestreo de campo en el sureste de Asia (Yang *et al.*, 2015; Laing *et al.*, 2018). De manera similar, modelos sobre interacciones entre mosquitos y el virus del zika predijeron a *Culex quinquefasciatus* como un probable vector (Evans *et al.*, 2017), lo cual fue validado por ensayos experimentales de competencia (Guedes *et al.*, 2017). Por otro lado, existen casos en los cuales los modelos arrojaron datos que no fueron validados. En 2019, se modeló la probabilidad de infección del virus *Nipah* en murciélagos de la India, que arrojó a varias especies de murciélagos como probables reservorios (Plowright *et al.*, 2019); sin embargo, la infección experimental del *Rousettus aegyptiacus* predicho mostró que en esta especie no existe replicación del virus (Seifert *et al.*, 2020). Además, se encontró que el virus *Nipah* circulaba en *Pipistrellus pipistrellus*, una especie con baja probabilidad según el modelo (Gokhale *et al.*, 2021).

Los modelos de aprendizaje automatizado podrían ayudar a optimizar el muestreo de organismos para patógenos no descubiertos. Es probable que el creciente conjunto de herramientas de modelos que predicen las interacciones hospedero-patógeno ayude a los esfuerzos futuros tanto para predecir y prevenir pandemias como para rastrear los orígenes de nuevas infecciones después de un brote. Sin embargo, estas herramientas funcionarán mejor si se implementan a través de un proceso dinámico de predicción, recopilación de datos, validación y actualización (Becker *et al.*, 2022). Los modelos que integran datos de la ecología, evolución y biogeografía del potencial hospedero tienen una mayor probabilidad de generar mejores predicciones que aquellos que no incorporen dicha información, lo que sugiere que llenar los vacíos en la biología básica de los hospederos estudiados es un paso clave en la evaluación del riesgo zoonótico. Este enfoque ayuda tanto a la prevención de pandemias como a la conservación de especies, e implica la necesidad de trabajar de forma transdisciplinaria para el abordaje de la salud humana y la salud ecosistémica (Mollentze *et al.*, 2021; Becker *et al.*, 2022).

COOPERACIÓN INTERSECTORIAL

La comprensión de las complejas interacciones que subyacen a la emergencia de enfermedades zoonóticas ha superado el alcance de los enfoques epidemiológicos tradicionales, que estudian constantemente los aspectos del agente etiológico, por lo general, suponiendo que no hay interacción con otros patógenos. La exclusión del estudio de las comunidades de parásitos y ciertas características de la asociación microorganismo-hospedero que ocurren a nivel ecológico y evolutivo es el resultado de la simplificación excesiva que caracteriza los enfoques basados en un solo hospedero o un solo microorganismo. La investigación acerca de las dinámicas de las enfermedades infecciosas que conduzca a la comprensión de las interacciones entre patógenos y hospederos, tanto de fauna silvestre como doméstica, sólo se puede desarrollar mediante la integración de estudios sobre las causas asociadas con la emergencia de enfermedades, concertando esfuerzos interdisciplinarios a través de las ciencias biológicas, físicas y sociales, con el fin de mejorar las estrategias de control basadas en la integración de estos conocimientos.

La pandemia de COVID-19 destaca la necesidad de mejorar los sectores de salud y ambiente, así como de continuar con el desarrollo de paradigmas transdisciplinarios tales como *Una Salud / EcoSalud* que fomenten estrategias intersectoriales a nivel nacional y de colaboración internacional.

La salud humana, animal y ecosistémica están íntimamente interconectadas con las transiciones socioeconómicas y el cambio ambiental. La agenda de investigación para emergencias como la pandemia de COVID-19 requiere apoyo en todo el mundo mediante la identificación de brechas críticas de conocimiento y el desarrollo de esfuerzos transdisciplinarios que incluyan la integración sectorial de las secretarías de salud, ambiente y de agricultura, entre otras, con la academia y con organizaciones civiles. Es mediante estos esfuerzos que se podrá generar la comprensión necesaria para sustentar decisiones políticas sólidas para la prevención, el control y el manejo de pandemias emergentes. Esta crisis debe llevarnos a repensar la relación que los humanos mantenemos con otras especies y con la naturaleza en

general, así como las estrategias de conservación, producción de alimentos y los impactos del modelo económico preponderante.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Amanat, Fátima y Florian Krammer (2020). “SARS-CoV-2 vaccines: Status report”. *Immunity* 52(4): 583-589.
- Anthony, Simon J., Jonathan H. Epstein, Kris A. Murray, Isamara Navarrete-Macías, Carlos Zambrana-Torrelío, Alexander Solovyov, Rafael Ojeda-Flores, Nicole C. Arrigo, Ariful Islam, Shahneaz Ali Khan, Parviez Hosseini, Tiffany L. Bogich, Kevin J. Olival, Maria D. Sánchez-León, William B. Karesh, Tracey Golstein, Sthephen P. Luby, Stephen S. Morse, Jonna A. K. Mazet, Petter Daszak y W. Ian Lipkin (2013a). “A strategy to estimate unknown viral diversity in mammals”. *mBio* 4 (5): e00598-13.
- Anthony, Simon J., Rafael Ojeda-Flores, Oscar Rico-Chávez, Isamara Navarrete-Macías, Carlos M. Zambrana-Torrelío, Melinda K. Rostal, Jonathan H. Epstein, T. Tipps, Eliza Liang, María D. Sánchez-León, Jesús Sotomayor-Bonilla, A. Alonso Aguirre, Rafael Ávila-Flores, Rodrigo A. Medellín, Tracey Golstein, Gerardo Suzán, Peter Daszak y W Ian Lipkin (2013b). “Coronaviruses in bats from Mexico”. *Journal of General Virology* 94: 1028-1038.
- Anthony, Simon J., Christine K. Johnson, Denise J. Greig, Sarah Kramer, Xiaoyu Che, Heather Wells, Allison L. Hicks, Damien O. Joly, Nathan D. Wolfe, Peter Daszak, William Karesh, W. I. Lipkin, Stephen S. Morse, PREDICT Consortium, Jonna A. K. Mazet, y Tracey Goldstein (2017). “Global patterns in coronavirus diversity”. *Virus Evolution* 3(1). Vex012.
- Arnal, Audrey, Oscar Rico-Chávez, Matthew Milholland, María Vargas, Ivan Castro-Arellano, James Mills, Gerardo Suzán, y Benjamin Roche (2020). “Larger spatial scale decreases the magnitude of, but does not eliminate, the observed dilution effect for hantaviruses”. Preprint. Doi:10.22541/au.159168971.10690784
- Barrett, Meredith A., Timothy A. Bouley, Aaron H. Stoertz, Rosemary W. Stoertz (2011). “Integrating a One Health approach in education to address

- global health and sustainability challenges”. *Frontiers in Ecology and the Environment* 9 (4): 239-245.
- Becker Daniel J., Alex D. Washburne, Christina L. Faust, Erin A. Mordecai y Raina K. Plowright (2019). “The problem of scale in the prediction and management of pathogen spillover”. *Philosophical Transactions B, The Royal Society Publishing* 374: 20190224.
- Becker Daniel J., Stephanie N. Seifert y Colin J. Carlson (2020). “Beyond infection: integrating competence into reservoir host prediction”. *Trends in Ecology & Evolution* 35 (12): 1062-1065.
- Becker, Daniel J., Gregory F. Albery, Anna R. Sjodin, Timothée Poisot, Laura M. Bergner, Bingi Chen, Lily E. Cohen, Tad A. Dallas, Evan A. Eskew, Anna C. Fagre, Maxwell J. Farrell, Saeah Guth, Barbara A. Han, Nancy N. Simmons, Michiel Stock, Emma C. Teeling y Colin J. Carlson (2022). “Optimising predictive models to prioritise viral discovery in zoonotic reservoirs”. *The Lancet*. Disponible en <[doi.org/10.1016/S2666-5247\(21\)00245-7](https://doi.org/10.1016/S2666-5247(21)00245-7)>
- Behdenna, Abdelkader, Tizania Lembo, Olga Calatayu, Sarah Cleaveland, Jo E. B. Halliday, Craig Packer, Felix Lankester, Katie Hampson, Meggan E. Craft, Anna Czupryna, Andrew P. Dobson, Edward J. Dubovi, Eblate Ernest, Robert Fyumagwa, J. Grant C. Hopcraft, Cristine Mentzel, Iman Mzim-biri, David Sutton, Brian Willet, Daniel T. Haydon y Mafalda Viana (2019). “Transmission ecology of canine parvovirus in a multi-host, multi-pathogen system”. *Proceedings of the Royal Society B Biological Sciences* 286: 2018272.
- Brian David, y Baric Ralph (2005). “Coronavirus genome structure and replication”. *Current Topics in Microbiology and Immunology* 287: 1-30.
- Carlson, Colin J., Gregory F. Albery, Cory Merow, Christopher H. Trisos, Casey M. Zifel, Evan A. Eskew, Kevin J. Olival, Noam Ross y Shweta Bansal (2022). “Climate change increases cross-species viral transmission risk”. *Nature* 607: 555-562.
- Ceballos, Gerardo, Paul R. Ehrlich, Anthony D. Barnosky, Andrés García, Robert M. Pringlead, y Todd M. Palmer (2015). “Accelerated modern human-induced species losses: Entering the sixth mass extinction”. *Science Advances* 1 (5): 1400253.

- Christou, Leonidas (2011). “The global burden of bacterial and viral zoonotic infections”. *Clinical Microbiology and Infection* 17 (3): 326-330.
- Chu, Yong-Kyu, Robert D. Owen, y Colleen B. Jonsson (2011). “Phylogenetic exploration of hantaviruses in Paraguay reveals reassortment and host switching in South America”. *Virology Journal* 8: 399.
- Crowley, Daniel, Daniel Becker, Alex Washburne, y Raina Plowright (2020). “Identifying suspect bat reservoirs of emerging infections”. *Vaccines* 8 (2): 228.
- Cui, Jie, Fang Li y Zheng-Li Shi (2019). Origin and evolution of pathogenic coronaviruses. *Nature Reviews Microbiology* 17: 181-192 Disponible en <https://doi.org/10.1038/s41579-018-0118-9>
- Da Silva Candido D., Alexander Watts, Leandro Abade, Moritz U.G. Kraemer, Oliver G. Pybus, Julio Croda, Wanderson de Oliveira, Kamran, Ester C. Sabino, y Nuno R. Faria (2020). “Routes for COVID-19 importation in Brazil”. *The Preprint Server for Health Science*. Disponible en <<https://doi.org/10.1101/2020.03.15.20036392>>
- Denef, Vincent J., Ryan S. Mueller, y Jillian F. Banfield (2010). “AMD biofilms: using model communities to study microbial evolution and ecological complexity in nature”. *The ISME Journal* 4: 599–610.
- Deng, Xianding, Wei Gu, Scot Federman, Louis du Plessis, Oliver G. Pybus, Nuno R. Faria, Candance Wang, Guixia Yu, Brian Bushnell, Chao-Yan Pan, Hugo Guevara, Alicia Sotomayor-González, Kelsey Zorn, Allan Gopez, Venice Servellita, Elaine Hsu, Steve Miller, Trevor Bedford, Alexander L. Greninger, Pavitra Roychoufury, Lea M. Starita, Michael Famulare, Helen Y. Chu, Jay Shendure, Keith R. Jerome, Catie Anderson, Karthik Gangacrapu, Mark Zeller, Emily Spencer, Kristian G. Andersen, Duncan Maccannell, Clinton R. Paden, Yan Li, Jing Zhang, Suxiang Tong, Gregory Armstrong, Scott Morrow, Matthew Willis, Bela T. Matyas, Sundari Mase, Olivia Kasirye, Maggie Park, Godfred Masinde, Curtis Chan, Alexaander T. Yu, Shua J. Chai, Elsa Villarino, Brandon Bonin, Debra A. Wadford, y Charles Y. Chiu (2020). “Genomic surveillance reveals multiple intro-

- ductions of SARS-COV-2 into Northern California”. *Science* 369 (6503): 582-587.
- Errecaborde, Kaylee Myhre, Katelyn Wuebbolt Macy, Amy Pekol, Sol Perez, Mary Katherine O’Brien, Ian Allen, Francesca Contadini, Julia Yeri Lee, Elizabeth Mumford, Jeff B. Bender y Katarine Pelican (2019). “Factors that enable effective One Health collaborations - A scoping review of the literature”. *PLoS One* 14: 1-24.
- Evans, Michelle V., Tad A. Dallas, Barbara A. Han, Courtney C. Murdock y John M. Drake (2017). “Data-driven identification of potential Zika virus vectors”. *eLife*. 6: e22053
- Gokhale, Mangesh D., Mohandas Sreelekshmy, Anakkatil B. Sudeep, Anita Shete, Rajlaxmi Jain, Pragya D. Yadav, Basavraj Mathapati, y Devendra T. Mourya (2021). “Detection of possible Nipah virus infection in *Rousettus leschenaultia* and *Pipistrellus pipistrellus* bats in Maharashtra, India”. *Journal of Infection and Public Health* 14 (8): 1010-1012.
- Guedes, Duschinka Rd., Marcelo Hs. Paiva, Mariana Ma. Donato, Priscilla P. Barbosa, Larissa Krokovsky, Sura W. Dos S. Rocha, Karina LA. Saraiva, Mónica M. Crespo, Tatian Mt. Rezende, Gabriel L. Wallau, Rosângela Mr. Barbosa, Cláudia Mf. Oliveira, Maria Av. Melo-Santos, Lindomar Pena, Marli T. Codeiro, Rafael F. de O. Franca, André Ls. De Oliveira, Christina A. Pexito. Walter S. Leal, y Constância Fj. Ayres (2017). “Zika virus replication in the mosquito *Culex quinquefasciatus* in Brazil”. *Emerging Microbes & Infections* 6 (1): 1-11.
- Gulyaeva, Marina, Falk Huettmann, Alexander Shestopalov, Masatoshi Okamoto, Keita Matsuno, Duc-Huy Chu, Yoshihiro Sakoda, Alexandra Glushchenko, Elaina Milton, y Eric Bortz (2020). “Data mining and model-predicting a global disease reservoir for low-pathogenic Avian Influenza (A) in the wider pacific rim using big data sets”. *Scientific Reports* 10 (1): 16817.
- Han, Barbara A., John Paul Schmidt, Laura W. Alexander, Sarah E. Bowden, David T. S. Hayman, y John M. Drake (2016). “Undiscovered bat hosts of filoviruses”. *PLoS Neglected Tropical Diseases* 10(7): e0004815.

- Hunt, Dana E., David A. Lawrence, Dirk Gevers, Sarah P. Preheim, Eric J. Alm, y Martin F. Polz (2008). “Resource partitioning and sympatric differentiation among closely related bacterioplankton”. *Science* 320 (5879): 1081-1085.
- IPBES (2020). Workshop Report on Biodiversity and Pandemics of the Intergovernmental Platform on Biodiversity and Ecosystem Services. Daszak, Peter, Carlos das Neves, John Amuasi, David Hayman, Thijs Kuiken, Benjamin Roche, Carlos Zambrana-Torrel, Peter Buss, Heliana Dunderova, Yasha Feferholtz, Gabor Foldvari, Etinosa Igbinsosa, Sandra Junglen, Qiyong Liu, Gerardo Suzán, Marcela Uhart, Chadia Wannous, Katie Woolaston, Paola Mosig Reidl, Karen O’Brien, Unai Pascual, Peter Stoett, Li, H., y Ngo, H. T., IPBES secretariat, Bonn, Germany. [en línea]. Disponible en <DOI:10.5281/zenodo.4147317>.
- IPCC (2021). Climate Change 2021: The Physical Science Basis. Contribution of Working Group I to the Sixth Assessment Report of the Intergovernmental Panel on Climate Change [Masson-Delmotte, Valérie, Panmao Zhai, Anna Pirani, Sara L. Connors, Clotilde Pean, Sophie Berger, Nada Caud, Yang Chen, Leah Goldfarb, Melissa I. Gomis, Mengtian Huang, Katherine Leitzell, Elisabeth Lonnoy, J. B. Robin Matthews, Thomas K. Maycock, Timothy Waterfield, Özge Yelekçi, Rong Yu, y Botao Zhou (eds.)]. Cambridge University Press. [en línea]. Disponible en <https://www.ipcc.ch/report/ar6/wg1/downloads/report/IPCC_AR6_WGI_SPM_final.pdf>
- Jackwood, Mark W. (2006). “The relationship of severe acute respiratory syndrome coronavirus with avian and other coronaviruses”. *Avian Diseases* 50(3): 315-320.
- Johnson, Pieter T. J., Jacobus C. de Roode, y Andy Fenton (2015). “Why infectious disease research needs community ecology”. *Science* 349 (6252): 1069 (1259504-1).
- Laing, Eric D., Ian H. Mendenhall, Martin Linster, Dolyce H. W. Low, Yihui Chen, Lianying Yan, Spencer L. Sterling, Sophie Borthwick, Erica Sena Neves, Julia S. L. Lim, Maggie Skiles, Benjamin P. Y-H Lee, Lin-Fa Wang, Christopher C. Broder, y Gavin J.D, Smith (2018). “Serologic evidence of

- fruit bat exposure to filoviruses, Singapore, 2011-2016". *Emerging Infectious Diseases* 24 (1): 114-117.
- Lei, Bonnie R., y Kevin J. Olival (2014). "Contrasting patterns in mammal-bacteria coevolution: *Bartonella* and *Leptospira* in bats and rodents". *PLoS Neglected Tropical Diseases* 8: 1-11.
- Lemey, Philippe, Samuel Hong, Verity Hill, Guy Baele, Chiara Poletto, Vittoria Colizza, Áine O'Toole, Jhon T. McCrone, Kristian G. Andersen, Michael Worobey, Martha I. Nelson, Andrew Rambaut, y Marc A. Suchard (2020). "Accommodating individual travel history, global mobility, and unsampled diversity in phylogeography: a SARS-COV-2 case study". *The Preprint Server for Biology*. Disponible en <<https://doi.org/10.1101/2020.06.22.165464>>
- Lewis, Nancy D. (2005). "Is the social-ecological framework useful in understanding infectious diseases? The case of HIV/AIDS". *Ecohealth* 2: 343-348.
- Liu, Yuanli (2004). "China's public health-care system: facing the challenges". *Bulletin of the World Health Organization* 82 (7): 532-538.
- Liu, Ping, Wu Chen, y Jin-Ping Chen (2019). "Viral metagenomics revealed Sendai Virus and coronavirus infection of Malayan pangolins (*Manis javanica*)". *Viruses* 11(11). 979.
- Mavian, Carla, Sergei Kosakovsky Pond, Simone Marini, Brittany Rife Magalis, Anne-Mieke Vandamme, Simon Dellicour, Samuel V. Scarpino, Charlotte Houldcroft, Julian Villabona-Arena, Taylor K. Paisie, Nidia S. Trovao, Christina, Boucher, Yun Zhang, Richard H. Scheuermann, Olivier Gascuel, Tommy Tsan-Yuk Lam, Marc A. Suchard, Ana Abecasis, Eduan Wilkinson, Tulio de Oliveira, Ana I. Bento, Heiko A. Schmidt, Darren Martin, James Hadfield, Nuno Faria, Nathan D. Grubaugh, Richard A. Neher, Guy Baele, Philippe Lemey, Tanja Stadler, Jan Albert, Keith A. Crandall, Tomas Leitner, Alexandros Stamatakis, Mattia Prosperi, y Marco Salemi (2020). "Sampling bias and incorrect rooting make phylogenetic network tracing of SARS-COV-2 infections unreliable". *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 117 (23): 12522-12523.
- Milholland, Matthew T., Iván Castro-Arellano, Gerardo Suzán, Gabriel E. García-Peña, Thomams E. Lee Jr., Rodney E. Rohde, A. Alonso Aguirre, y

- James N. Mills (2018). "Global diversity and distribution of hantaviruses and their hosts". *Ecohealth* 15: 163-208.
- Mollentze, Nardus, Simon A. Babayan, y Daniel G. Streicker (2021). "Identifying and prioritizing potential human-infecting viruses from their genome sequences". *PLoS Biology* 19 (9): e3001390.
- Nieto-Rabiela, Fabiola, Anuwat Wiratsudakul, Gerardo Suzán, y Oscar Rico-Chávez (2019). "Viral networks and detection of potential zoonotic viruses in bats and rodents: A worldwide analysis". *Zoonoses Public Health* 66 (6): 655-666.
- Ojeda-Flores, Rafael, Paola Martínez-Duque, Rogelio Alonso Morales, Enrique Corona-Barrera, Oscar Rico-Chávez, y Gerardo Suzán (2021). "A transdisciplinary approach to disease ecology: Emerging coronaviruses". *Veterinaria México OA* 8.
- Pesch, Beate, Thomas Brüning, Rainer Frentzel-Beyme, Georg Johnen, Volker Harth, William H. Hoffmann, Yih-Fu Ko, Ulrich Ranft, U. G. Traugott, Ricarda Their, Dirk Taeger, y Herman M. Bolt (2004). "Challenges to environmental toxicology and epidemiology: Where do we stand and which way do we go?". *Toxicology Letters* 151 (1): 255-266.
- Plowright, Raina K., Colin R. Parrish, Hamish McCallum, Peter J. Hudson, Albert I. Ko, Andrea L. Graham, y James O. Lloyd-Smith (2017). "Pathways to zoonotic spillover". *Nature Review of Microbiology* 15: 502-510.
- Plowright, Raina K., Daniel J. Becker, Daniel E. Crowley Alex D. Washburne, Tao Huang, P. O. Nameer, Emily S. Gurley, y Barbara A. Han (2019). "Prioritizing surveillance of Nipah virus in India". *PLoS Neglected Tropical Diseases* 13: e0007393.
- Rico-Chávez, Oscar, Rafael Ojeda-Flores, Jesús Sotomayor-Bonilla, Carlos Zambrana-Torrelío, Elizabeth Loza Rubio, A. Alonso Aguirre, y Gerardo Suzán (2015). "Viral diversity of bat communities in human-dominated landscapes in Mexico". *Veterinaria México OA* 2 (1): 1-22.
- Safdari, Reza, Sorayya Rezayi, Soheila Saeedi, Mmozhgan Tanhapour, y Marsa Gholammzadeh (2021). "Using data mining techniques to fight and control epidemics: A scoping review". *Health and Technology* 11: 759-771.

- Seifert, Stephanie N., Michael C. Letko, Trenton Bushmaker, Eric D. Laing, Greg Saturday, Kimberly Meade-White, Neeltje Van Doremalen, Christopher C. Broder, y Vincent J. Munster (2020). “*Rousettus aegyptiacus* bats do not support productive Nipah virus replication”. *The Journal of Infectious Diseases* 221 (4): S407-S413.
- Steffen, Will, Katherine Richardson, Johan Rockstrom, Sarah E. Cornell, Ingo Ferzer, Elena M. Bennett, Reinette Biggs, Stephen R. Carpenter, Winde Vries, Cynthia A. de Wit, Carl Folke, Dieter Gerten, Jens Heinke, Georgina M. Mace, Linn M. Persson, Veerabhadraan Ramanathan, Belinda Reyers, y Sverker Sörlin (2015). “Planetary boundaries: Guiding human development on a changing planet”. *Science* 347 (6223): 1259855.
- Suzán, Gerardo, Gabriel E. García-Peña, Iván Castro-Arellano, Oscar Rico, Andrés V. Rubio, María J. Tolsá, Benjamin Roche, Parvizeh R. Hosseini, Annapaola Rizzoli, Kris A. Murray, Carlos Zambraba-Torrelío, Marion Vittecoq, Xavier Bailly, A. Alonso Aguirre, Peter Daszak, Anne-Helene Prieur, James N. Mills, y Jan-Francois Guégan (2015). “Metacommunity and phylogenetic structure determine wildlife and zoonotic infectious disease patterns in time and space”. *Ecology and Evolution* 5 (4): 865-873.
- Taylor, Louise H., Sophia M. Latham, y Mark E. Woolhouse (2001). “Risk factors for human disease emergence”. *Philosophical Transactions of the Royal Society B. Biological Sciences* 356: 983-989.
- Toledo, Víctor M., y Patricia Moguel (2022). La crisis civilizatoria. 3er. Taller de Ecología Política, Resiliencia y Arte [en línea]. Disponible en: <<https://www.isecoeco.org/3er-taller-ecologia-politica/>> (consulta: marzo 2022).
- Viana, Mafalda, Rebecca Mancy, Roman Biek, Sarah Cleveaand, Paul C. Cross, James O. Lloyd-Smith, y Daniel T. Haydon (2014). “Assembling evidence for identifying reservoirs of infection”. *Trends in Ecology & Evolution* 29 (5): 270-279.
- Wang-Erlandsson, Lan, Arne Tobian, Rudd J. van der Ent, Ingo Fetzer, Sofie te Wierik, Miina Porkka, Arie Staal, Fernando Jaramillo, Heindriken Dahlmann, Chandrakant Singh, Peter Greve, Dieter Greten, Patrick W. Keys, Tom Gleeson, Sarah E. Cornell, Will Steffen, Xumei Bai, y Johan

- Rockström (2022). A planetary boundary for green water. *Nature Reviews Earth & Environment* 3, 380-392. Disponible en <https://doi.org/10.1038/s43017-022-00287-8>
- Washburne, Alex D., Daniel E. Crowley, Daniel J. Becker, Kevin J. Oliva, Matthew Taylor, Vincent J. Munster, y Raina K. Plowright (2018). "Taxonomic patterns in the zoonotic potential of mammalian viruses". *PeerJ*. 6: e5979.
- Wear, Stephanie L., Vicenc Acuña, Rob McDonald, y Carme Font (2021). "Sewage pollution, declining ecosystem health, and cross-sector collaboration". *Biological Conservation* 255: 109010.
- Webster, Joanne P., Charlotte M. Gower, Sarah C. L. Knowles, David H. Molyneux, y Andy Fenton (2016). "One health - an ecological and evolutionary framework for tackling neglected zoonotic diseases". *Evolutionary Applications* 9(2): 313-333.
- Whitmee, Sarah, Andy Haines, Chris Beyrer, Frederick Boltz, Anthony G. Capon, Braulio Ferreira de Souza Dias, Alex Ezeh, Howard Frumkin, Peng Gong, Peter Head, Richard Horton, Georgina M. Mace, Robert Marten, Samuel S. Myers, Sania Nishtar, Steven A. Osofsky, Subhrendu K. Pattanayak, Montira J. Pongsiri, Crisitna Romanelli, Agnes Soucat, Jeanette Vega, y Derek Yach (2015). "Safeguarding human health in the Anthropocene epoch: report of The Rockefeller Foundation-Lancet Commission on planetary health". *Lancet* 386 (10007):1973-2028.
- World Health Organization [WHO] (2016). Plan de acción mundial sobre la resistencia a los antimicrobianos [en línea]. Disponible en: <<https://apps.who.int/iris/bitstream/handle/10665/255204/9789243509761-spa.pdf>>
- World Health Organization [WHO] (2021). Global air quality guidelines: particulate matter (PM2.5 and PM10), ozone, nitrogen dioxide, sulfur dioxide and carbon monoxide [en línea]. Executive summary ISBN 978-92-4-003443-3 (electronic version) ISBN 978-92-4-003442-6 (print version). Disponible en: <<https://apps.who.int/iris/handle/10665/345329>>
- World Health Organization [WHO] (2022). Coronavirus disease 2019 (COVID-19) situation reports [en línea]. Disponible en <<https://covid19.who.int/>>

- Wilcox, Bruce A., y Rita R. Colwell (2005). “Emerging and reemerging infectious diseases: biocomplexity as an interdisciplinary paradigm”. *Ecohealth* 2 (244).
- Woo, Patrick C. Y., Sussana K. P. Lau, Kenneth S. M. Li, Rosana W. S. Poon, Beatrice H. L. Wong, Hoi-Wah Tsoi, Bethanie C. K. Yip, Yi Huang, Kwok-Hung Chan, y Kwok-Yung Yuen (2006). “Molecular diversity of coronaviruses in bats”. *Virology* 351(1): 180-187.
- Woo Patrick C. Y., Sussana K. P. Lau, Cyril C. Y. Yip, Yi Huang, y Kwok-Yung Yuen (2009). “More and more coronaviruses: human coronavirus HKU1”. *Viruses* 1(1): 57-71.
- Woolhouse, Mark E. J., Louise H. Taylor, y Daniel T. Haydon (2001). “Population biology of multihost pathogens”. *Science* 292 (5519): 1109-1112.
- Yang, Xing-Lou, Yun-Zhi Zhang, Ren-Di Jiang, Hua Guo, Wei Zhang, Bei Li, Ning Wang, Li Wang, Cecilia Waruhiu, Ji-Hua Zhou, Shi-Yue Li, Peter Daszak, Lin-Fa Wang y Zheng-Li Shi (2015). “Genetically diverse filoviruses in *Rousettus* and *Eonycteris* spp. bats, China, 2009 and 2015”. *Emerging Infectious Diseases* 23 (3): 482-486.
- Zinsstag, Jacob, Esther Schelling, David Walter-Toews, y Marcel Tanner (2011). “From ‘one medicine’ to ‘one health’ and systemic approaches to health and well-being”. *Preventive Veterinary Medicine* 101 (3-4). 148-156.

Tomo 14
La década COVID en México
Ecología, medio ambiente
y sustentabilidad



La pandemia de COVID-19 es una de las manifestaciones más notorias de los procesos globales que están afectando a la humanidad. Los efectos de las actividades antropogénicas y los cambios climáticos, demográficos y tecnológicos han modificado los patrones de riesgo de las enfermedades infecciosas en las últimas décadas. Estas enfermedades han aparecido cada vez con mayor frecuencia debido a múltiples factores, entre los que se encuentran la destrucción de los ecosistemas naturales, la urbanización, la intensificación de la agricultura, la industrialización y el cambio climático. Estas enfermedades se propagan inesperadamente a sitios donde antes no ocurrían, debido a los cambios en los patrones de distribución geográfica de las especies patógenas y a su rápida dispersión gracias a la gran conectividad global. Este libro pretende mostrar que la emergencia de las pandemias tiene un profundo sustento en la destrucción de la naturaleza y la pérdida irreversible de la biodiversidad. El análisis de los procesos ecológicos y evolutivos contribuirá a entender los mecanismos, la persistencia y la aparición de nuevas variantes de patógenos causantes de enfermedades infecciosas.



SECRETARÍA GENERAL
Universidad Nacional Autónoma de México



DGCS
Dirección General de Comunicación Social



COORDINACIÓN
DE HUMANIDADES