

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)



UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO

Dr. Enrique Graue Wiechers
Rector

COORDINADORES DE LA COLECCIÓN

Dra. Guadalupe Valencia García
Coordinadora de Humanidades

Dr. Leonardo Lomelí Vanegas
Secretario General

Mtro. Néstor Martínez Cristo
Director General de Comunicación Social

CON LA COLABORACIÓN DE

Mtra. Yuritzí Arredondo Martínez
Secretaria Técnica-Coordinación de Humanidades

COORDINADORES DEL TOMO 14

Dr. Ken Oyama
Investigador de la Escuela Nacional de Estudios Superiores, Unidad Morelia, UNAM

Dr. Felipe García-Oliva
Investigador del Instituto de Investigaciones en Ecosistemas y Sustentabilidad, UNAM

SECRETARÍA DE DESARROLLO INSTITUCIONAL (SDI)

COMITÉ EDITORIAL

SDI

Dra. Patricia Dolores Dávila Aranda

Presidenta

Dra. Leticia Merino Pérez

Coordinadora de la Coordinación Universitaria para la Sustentabilidad, UNAM

Dra. Elsa Margarita Ramírez Leyva

Directora General de Bibliotecas y Servicios Digitales de Información, UNAM

Dra. Olga Elizabeth Torres Hansberg

Seminario Universitario sobre Afectividad y Emociones, UNAM

Dra. Naxhelli Ruiz Rivera

Seminario Universitario de Estudios de Riesgos Socio-Ambientales, UNAM

Dra. Luciana Gandini

*Seminario Universitario de Estudios
sobre Desplazamiento Interno, Migración, Exilio y Repatriación, UNAM*

Dra. Patricia Lucila González Rodríguez

Seminario Universitario Interdisciplinario sobre Seguridad Ciudadana, UNAM

Dr. Alfredo Adam Adam

Seminario Universitario de Gobernabilidad y Fiscalización, UNAM

Dr. José Antonio Pérez Islas

Seminario de Investigación en Juventud, UNAM

Act. Guillermo Chávez Sánchez

Subdirector de Revistas Académicas y Publicaciones Digitales de la DGPvFE

Dr. Xicotécatl Martínez Ruiz

Editor académico de la Escuela Nacional de Estudios Superiores, Unidad Morelia, UNAM

Dr. José Alfredo Delgado Guzmán

Secretario Técnico del Comité Editorial y Secretario Técnico de la SDI

Lic. Adriana Núñez Macías

Secretaria de Actas del Comité Editorial y Jefa del Departamento de Proceso Editorial de la SDI

La década COVID en México:
los desafíos de la pandemia
desde las ciencias sociales y las humanidades

Tomo 14

Ecología, medio ambiente
y sustentabilidad

La década COVID en México:
los desafíos de la pandemia
desde las ciencias sociales y las humanidades

Tomo 14

Ecología, medio ambiente
y sustentabilidad

Ken Oyama
Felipe García-Oliva
(Coordinadores)



UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO
Coordinación de Humanidades
Secretaría de Desarrollo Institucional
Escuela Nacional de Estudios Superiores, Unidad Morelia

2023

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. Alvarez-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>	

La década COVID en México: los desafíos de la pandemia desde las ciencias sociales y las humanidades

PRESENTACIÓN

La emergencia sanitaria a nivel global causada por el virus SARS-CoV-2 y sus variantes es una de las más grandes y complejas crisis globales de los últimos cien años. En apenas unos meses, paralizó al mundo y puso en jaque a los sistemas de salud más sólidos y sofisticados, además de golpear severamente las principales actividades económicas, educativas, culturales y sociales, sin distinción de clases o fronteras.

México no fue la excepción y atravesó por momentos aciagos y muy dolorosos. De acuerdo con los datos oficiales de exceso de mortalidad, la pandemia cobró, entre 2020 y 2022 —directa e indirectamente—, más de 650 000 vidas (casi 80 % asociadas al COVID-19)¹ y enfermó a millones de mexicanas y mexicanos. Debido a una merma de infraestructura, el sistema nacional de salud estuvo cerca del colapso. Aunado a esto, a pesar de ser un fenómeno sanitario generalizado, golpeó fuertemente a las poblaciones más vulnerables: la pobreza, el hacinamiento, la desigualdad y la violencia intrafamiliar, en particular contra las mujeres, se acentuaron.

¹ Gobierno de México. (2023). *Exceso de mortalidad en México, 2020-2023*. <https://coronavirus.gob.mx/exceso-de-mortalidad-en-mexico/>

Ante este panorama, la UNAM nunca se detuvo y volcó todas sus capacidades y talentos para ayudar, mediante el rigor de la academia y la solidaridad de su comunidad, en la contención de la crisis sanitaria. Para ello se tuvo que adaptar, adecuar e innovar en todas las áreas de docencia, investigación y difusión de la cultura.

De ahí deriva la importancia de esta obra, titulada *La década COVID en México: los desafíos de la pandemia desde las ciencias sociales y las humanidades*, una colección de quince títulos que analizan a profundidad, de manera interdisciplinaria, los impactos de la pandemia. Estos van desde la insuficiencia del sistema de salud; los retos para los modelos educativos; el aumento de la desigualdad y la precariedad laboral; la falta de atención a la salud mental y la violencia de género; hasta la urgente atención al deterioro del medio ambiente; las acciones para cerrar la brecha digital; la necesaria continuidad de la democracia; las nuevas habilidades profesionales para el futuro, entre otros.

Si bien el inicio de la década a la que hace referencia esta obra está irrevocablemente marcada por este evento global, su evolución y postrimerías están repletas de efectos aún por conocer, muchos de ellos no deseados. Otros, sin embargo, representarán oportunidades únicas e invaluable para repensar y corregir las estrategias de desarrollo equitativo, justicia y adaptación que demandan los nuevos tiempos.

Agradezco el compromiso y dedicación de todas y todos los especialistas de nuestra casa de estudios que tuvieron a bien participar, con el conocimiento y experiencia de sus distintas especialidades, en la construcción de este profundo y sentido testimonio.

Estoy seguro de que estos análisis, reflexiones y memorias serán de enorme utilidad para el futuro próximo de nuestro país y están llamados a convertirse en un referente para la toma de decisiones ante eventuales emergencias sociales, ambientales y sanitarias.

“Por mi raza hablará el espíritu”

Dr. Enrique Graue Wiechers

Rector

Universidad Nacional Autónoma de México

Prólogo

Guadalupe Valencia García

Coordinación de Humanidades, UNAM

Leonardo Lomelí Vanegas

Secretaría General, UNAM

Néstor Martínez Cristo

Dirección General de Comunicación Social, UNAM

La pandemia de SARS-CoV-2, un acontecimiento global, impactó en todas las esferas de nuestra vida. Lo que inicialmente se anunció como una nueva gripa se transformó pronto en una emergencia humanitaria sin precedentes. En tan solo unos meses paralizó al planeta, sacudió los sistemas de salud más robustos, y ha dejado profundas secuelas sociales, económicas, políticas, psicológicas y culturales, por lo que hoy estamos ante lo que se ha dado en llamar la década COVID.

Nuestro país no escapó al desastre. Se estima que entre los años 2020 y 2022 la pandemia cobró más de seiscientos cincuenta mil vidas y enfermó a millones de personas de todos los estratos sociales, en particular a las poblaciones más vulnerables debido a la pobreza, las desigualdades y la violencia intrafamiliar. La menguada infraestructura del sistema nacional de salud estuvo cerca de sucumbir.

En este contexto, la Universidad Nacional Autónoma de México, a través de la Coordinación de Humanidades, se dio a la tarea de construir una reflexión colectiva sobre las consecuencias de la pandemia en nuestra sociedad. A partir de un enfoque interdisciplinario, en esta colección, las ciencias sociales y las humanidades se ponen en diálogo con las ciencias de la materia y de la vida. Los resultados expuestos en cada tomo provienen de profundas

investigaciones y reflexiones que, además de dar cuenta de las múltiples afectaciones sufridas a causa de la pandemia, ofrecen propuestas de salida y superación de la emergencia multifactorial causada por el SARS-CoV-2.

Cabe señalar que muchas de estas investigaciones no comenzaron con la presente colección, sino que ya contaban con un camino recorrido. Esto debido a que, a pesar del confinamiento y del trabajo remoto, la Universidad Nacional no se detuvo. Sus investigadores se abocaron, desde la óptica de sus respectivas especialidades, a comprender la pandemia: su desarrollo, sus consecuencias en los diversos aspectos de la vida, sus secuelas y, por supuesto, las maneras de enfrentarlas. Es destacable el trabajo de nuestra casa de estudios en la construcción de grandes repositorios digitales, pues sin estas herramientas las investigaciones no hubieran sido tan originales y ricas.

Para ofrecer al lector una visión completa de la colección, se pueden ubicar siete grandes ejes temáticos que articulan: economía; derecho; género; poblaciones y sustentabilidad; salud y medio ambiente; filosofía y educación, y, finalmente, las enseñanzas que nos ha dejado la pandemia y los derroteros intelectuales hacia el futuro.

El tomo 1, titulado *Pandemia y desigualdades sociales y económicas en México*, ofrece una visión informada sobre los diversos fenómenos relacionados con las desigualdades y cómo se vieron afectados por el COVID-19. La pandemia puede ser vista como una grave emergencia sanitaria que, a su vez, visibilizó y potenció, a un tiempo, la trama de las desigualdades estructurales en nuestro país. A lo largo de sus capítulos se abordan aspectos relacionados con el crecimiento económico regional, los ingresos, el empleo remunerado y no remunerado, la desigualdad salarial, el teletrabajo, la violencia de género, la población indígena, las juventudes vulnerables y las políticas públicas regionales.

El tomo 2, titulado *El mundo del trabajo y el ingreso*, estudia lo acontecido con el mercado laboral mexicano en la contingencia sanitaria. Entre otros temas, aborda las condiciones de trabajo de algunas nuevas formas del empleo en contextos de precariedad y flexibilidad laboral; asimismo, analiza los rasgos y vicisitudes del trabajo en nuestro país para aportar recomendaciones de política pública orientadas a generar mejores condiciones laborales.

Las *Afectaciones de la pandemia a las poblaciones rurales en México* es el título del tomo 3 y parte de un segundo eje temático que se ocupa de las poblaciones y la sustentabilidad en el contexto de pandemia. Este tomo presenta estudios de caso realizados en diversas poblaciones rurales en territorio nacional; en ellos se muestra que los costos de la pandemia no afectaron de igual manera a distintos grupos de población. Las investigaciones reunidas demuestran que algunas comunidades han experimentado procesos estructurales históricos de exclusión y desigualdad. Otra aportación de este tomo fue destacar las estrategias y fortalezas, objetivas y subjetivas, que se conservan en la memoria de las poblaciones rurales para enfrentar periodos de crisis desde sus propias experiencias durante los últimos tres años.

Dentro de este eje temático se enmarca el tomo 6, *Los imaginarios de la pandemia*, donde confluyen trabajos dedicados a mostrar las formas de percepción y de actuación de diversos sujetos en el contexto de la crisis sanitaria. Se presta especial atención a las transformaciones en los imaginarios relativos al tiempo y al espacio en el cual los sujetos se perciben a sí mismos y al mundo circundante en el contexto de la pandemia; a sus visiones del presente y del futuro, sus narrativas, y sus formas de afectividad. La importancia de su estudio radica en que revelan una parte significativa del comportamiento gregario construido en el desenvolvimiento consciente o inconsciente de las comunidades y los sujetos que las conforman.

El tercer título en este eje temático corresponde al tomo 12, *Ciudades mexicanas y condiciones de habitabilidad en tiempos de pandemia*. La emergencia transformó rápidamente el modo de vida en las ciudades y se hizo imperativo reflexionar sobre la necesidad de impulsar, desde los distintos niveles de gobierno, nuevas políticas económicas, sociales y urbanas que permitieran construir ciudades sostenibles y saludables. La pandemia exigió redefinir el uso del espacio privado, condicionó al extremo el uso del espacio público, puso de manifiesto las limitaciones del sistema de salud y de la seguridad social y, al tiempo que generó un fuerte incremento de la pobreza y produjo una amplificación de las desigualdades tanto socioeconómicas como territoriales.

El tomo 4, titulado *Estado de derecho*, se integra en el eje temático sobre el derecho y la pandemia. Su objetivo es contribuir a la comprensión de las

repercusiones de la pandemia en el Estado de derecho mexicano, poniendo particular atención en la manera en la que se aplica el derecho convencional por parte del Estado en la gestión de la emergencia sanitaria y la necesaria existencia de contrapesos y controles constitucionales en relación con las medidas adoptadas para afrontar la pandemia.

Dicho eje temático integra también el tomo 7: *Derechos humanos*. Los trabajos reunidos ofrecen un análisis de los diversos efectos que la pandemia ha tenido en algunos de los más importantes derechos de las personas, en particular los relacionados con la salud, el acceso a las vacunas, a la educación, al trabajo y a la seguridad social, además del derecho a una vida libre de violencia. Las reflexiones ahí vertidas dan cuenta de algunas propuestas de políticas públicas que pueden servir como una guía de acción para que los distintos niveles de gobierno aumenten la protección de los derechos humanos en tiempos de contingencia sanitaria.

El tomo 8, *Democracia en tiempos difíciles*, analiza los efectos de la pandemia en los procesos de toma de decisión pública en nuestro país, aunque considerando también la perspectiva comparada. Los trabajos aquí incluidos pretenden comprender las repercusiones que la pandemia produjo en el régimen democrático, tanto en sus dimensiones institucionales como en las procesuales. Además, busca detectar los retos y oportunidades para la acción de gobierno, las inercias en las formas de gobernar, así como las tendencias que se configuran a partir de la contingencia y que podrán definir el futuro del país.

El tema referido a la salud y al medio ambiente en el contexto de la pandemia es revisado en los tomos 5, 13 y 14. *Salud mental, afectividad y resiliencia* es el título del tomo 5, que reúne aportaciones desde la psicología y la filosofía para ofrecernos estudios en torno a las emociones, los sentimientos y las afectaciones psicológicas desencadenadas por la contingencia sanitaria. Describe las afectaciones a la salud mental de niñas y niños, los problemas emocionales en procesos educativos y las causas de malestar psicológico. Además, muestra un paisaje completo sobre el consumo de sustancias psicoactivas y un retrato del fenómeno del suicidio, examinando definiciones, modelos explicativos y factores tanto de riesgo como de protección. Finalmente, se

presenta un importante análisis sobre el miedo colectivo y su combate a partir de expresiones de solidaridad en contingencias.

En el tomo 13, titulado *La crisis sanitaria*, se reúnen testimonios en primera persona de profesionales de la salud que hicieron frente a la pandemia en México. Con esas voces intenta construir una visión integral desde las perspectivas de los especialistas involucrados en las primeras líneas de acción. Sin duda, la contribución fundamental del tomo es dimensionar la complejidad del fenómeno de la emergencia, pues superó cualquier pronóstico. Con esto en mente, parte desde reflexiones subjetivas, lecturas críticas y propositivas, acompañadas de un conjunto de análisis con rigor metodológico.

Por su parte, el tomo 14, *Ecología, medio ambiente y sustentabilidad*, analiza la relación de la pandemia con las actividades antropogénicas y los cambios climáticos, demográficos y tecnológicos que marcaron un cambio en los factores de riesgo ante las enfermedades infecciosas. Se basa en la comprensión de que enfermedades como la COVID-19 serán cada vez más frecuentes debido a factores como 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, gracias a los cambios en los patrones de distribución geográfica de las especies patógenas y a su rápida dispersión relacionada con la gran conectividad global. El tomo tiene por objetivo mostrar cómo el desarrollo de las pandemias tiene una profunda relación con la destrucción de la naturaleza y la pérdida de la biodiversidad.

El género y la pandemia es otra línea destacada de estudio en la colección. El tomo 9, *Género, violencia, tareas de cuidado y respuestas sociales a la crisis*, ofrece diversos acercamientos al tema del cuidado como hecho fundamental para contribuir a la mejora por los daños que causan las desigualdades que violentan nuestra sociedad, agravados en un marco de pandemia. Parte del reconocimiento de que el concepto de *cuidado* ha cobrado relevancia analítica en las discusiones políticas, académicas e institucionales. A su vez, subraya el papel del Estado en la construcción de sistemas de cuidados, el valor de las comunidades que lo enfrentan cada día, de la sociedad civil que

cuida generaciones y el medio ambiente, de las y los creadores que protegen la palabra y la memoria. Del mismo modo, ubica las fuerzas contenidas y alerta, en clave de género, ante la necesidad de cuidados diversos e integrales que nos permitan construir una sociedad igualitaria, incluyente y respetuosa de los derechos humanos.

Otro eje temático articulador es el referido a la filosofía, educación y pandemia. Aquí se ubica el tomo 10, *Educación, conocimiento e innovación*. En este se reúnen trabajos que revisan la experiencia educativa mexicana durante la contingencia, y la puesta en marcha de diversas estrategias que buscaron no interrumpir los procesos educativos. Además, pone atención en la presencia de efectos negativos, pues las necesidades que surgieron en la pandemia se sumaron a las problemáticas que ya se padecían en este campo, incluso en la docencia. La intención de estos trabajos es enriquecer la discusión sobre la manera en que se transformó la educación, sus consecuencias, retos y posibles escenarios a futuro.

Reflexiones desde la ética y la filosofía es el título de tomo 11. Este libro expone la idea de que podemos y debemos pensar a raíz de lo que hemos vivido en estos últimos años de pandemia, partiendo de que no existe una sola respuesta a pregunta alguna relacionada con la experiencia vivida. Incorpora también la reflexión desde una perspectiva ética y bioética, vetas de la filosofía de enorme valía para pensar las situaciones críticas que se presentaron en esta aciaga época de nuestra existencia.

Cierra la colección el tomo 15, *Las enseñanzas de la pandemia*, una visión amplia de los catorce títulos que le preceden. Integra sus aportes y los coloca en un diálogo interdisciplinario. Este tomo se nutre también del seminario “La década COVID en México”, evento académico en el que las y los coordinadores de los catorce tomos presentaron los contenidos de cada uno de ellos y las propuestas formuladas para solventar las terribles secuelas que nos ha dejado la pandemia. Este tomo pretende englobar una visión de conjunto y comprender la necesidad de las reflexiones desde la articulación virtuosa de diversos análisis y discusiones vertidas en cada uno de los catorce ejemplares de la colección.

Las investigaciones que aquí se presentan nos han demostrado también que estamos en un momento y un lugar idóneos para llevar a cabo nuestros estudios. Momento ideal porque apenas comenzamos a atestiguar la materialización de las secuelas de la pandemia, pues, como bien apunta el título, los estragos de esta crisis seguirán arrastrándose durante una década o más; lugar ideal porque la capacidad científica interdisciplinaria presente en la UNAM permite realizar estudios, análisis, reflexiones y debates situados siempre desde posturas metodológicas serias y rigurosas comprometidas con la sociedad mexicana para buscar senderos de salida a la crisis que nos afecta desde 2020 y que seguiremos padeciendo por unos años más.

Introducción: Ecología, medio ambiente y sustentabilidad

Xicoténcatl Martínez Ruiz

Escuela Nacional de Estudios Superiores, Unidad Morelia, UNAM

Ecología, medio ambiente y sustentabilidad es una obra estructurada por doce capítulos entrelazados argumentativamente, que aborda un fenómeno complejo e interdisciplinario desde aproximaciones metodológicas y teóricas diversas, pero interrelacionadas en los tres ejes que dan subtítulo al libro. La visión científica y experiencia de sus coordinadores se refleja en los estándares de investigación que dan coherencia metodológica al libro, guiando los contenidos con un nivel de calidad que contribuye a la comprensión formal de un fenómeno que impactó de manera ubicua en las sociedades contemporáneas. Entre los trabajos académicos que inundaron los medios editoriales digitales desde marzo de 2020, algunos se caracterizaron por su apresurado análisis, otros por la incorporación de datos no relacionados y predicciones sin soporte científico, y también observamos trabajos científicos disciplinares que contribuían a entender los alcances plausibles de la pandemia.

En 2021 tuvimos acceso a trabajos científicos sofisticados e interdisciplinarios que ofrecieron confiabilidad y un amplio panorama de la pandemia; gran parte de esa literatura era anglófona, la que estuvo en acceso abierto contribuyó a diversas comunidades científicas a reorientar la investigación y recalibrar modelos. Asimismo, los trabajos publicados mostraban una serie de características relevantes: la incorporación de tecnología de geolocalización, análisis de datos masivos, interoperabilidad de sistemas de información y datos de investigación en lapsos breves de tiempo y con

poca distancia temporal. Fue explícita la cooperación entre laboratorios o grupos de investigación que aportaron desde su especialidad, tanto aspectos claves para la comprensión científica de la emergencia sanitaria como posibles respuestas a un fenómeno complejo. Ecología, medio ambiente y sustentabilidad es un proyecto en español que tiene las características mencionadas: es un trabajo científico sofisticado e interdisciplinario, que ofrece la confiabilidad de la información, incorpora trabajos que recurren a uso de plataformas geoespaciales, propone el análisis del fenómeno desde metodologías de modelación epidemiológica y ejemplifica el trabajo cooperativo entre especialistas en ecología, medio ambiente y sustentabilidad.

“La pandemia de COVID-19 en el Antropoceno” es el título que da inicio al libro y al capítulo uno, y retoma un concepto clave que guía los diversos capítulos de la obra, el Antropoceno. Término entendido como una época geológica definida por la presencia humana y matizada por la “sexta extinción de la biodiversidad”. Entre las diversas aportaciones del capítulo está el enfoque en soluciones globales, pero con una claridad de base científica que evite la desinformación y especulaciones generadas por medios masivos de información. Una de las propuestas del capítulo se enfoca en analizar y distinguir tanto los procesos ecológicos como los evolutivos, particularmente por la importancia de ambos en la valoración del lugar que tiene la actividad humana en la transformación del planeta. El inicio de la pandemia por COVID-19 es una muestra de la compleja red de interacciones y transformaciones que están definiendo el Antropoceno. Los avances científicos también son claves en esas transformaciones, porque han permitido descubrimientos para desarrollar los mecanismos terapéuticos de atención, así como las rutas de transmisión, el funcionamiento del virus y los mecanismos de contagios que han aportado en la explicación sobre el origen de ciertas enfermedades. El capítulo teje una serie de sugerencias en el campo de la ecología con la perspectiva de los cambios globales que requieren soluciones globales permitiendo dimensionar el impacto de la pandemia en la historia humana reciente.

El capítulo dos se enfoca en las “Reflexiones de la pandemia de COVID-19 desde la ecología y *Una Salud*”. Los autores ofrecen una serie de reflexiones sobre la emergencia sanitaria e introducen casos como la reemergencia

de enfermedades, identificándola con enfoques que van desde la ecología y la evolución hasta la perspectiva del estudio *Una Salud / Ecosalud*. En el capítulo leemos los factores que favorecen la “ecosalud” y su relación con la perspectiva de los límites planetarios en las sociedades modernas, donde ubican el caldo de cultivo para enfermedades emergentes como la COVID-19. Entre los argumentos presentados que interrelacionan causas se encuentran: la demanda de recursos de una población creciente, ocho mil millones de habitantes en el 2022, bajo un sistema económico que como expresan los autores: “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.”

“Estado global de la degradación de los ecosistemas en la década de la pandemia de COVID-19” es el título del capítulo tres que ubica la crisis pandémica en un horizonte más amplio proporcionando herramientas teórico-metodológicas para estudiar la relación entre dos grandes crisis. En el capítulo se afirma que la pandemia por COVID-19 se presenta en una de las mayores crisis ambientales en la historia de la humanidad, se presenta una hipótesis sobre la posible relación de causa y efecto entre ambas crisis, pero no se afirma la relación causal y directa entre el nivel de degradación de los ecosistemas y el impacto de la pandemia. Sin embargo, el capítulo abre una posible relación que debe analizarse e incorporarse en las agendas de investigación. El capítulo también presenta una descripción de los trabajos recientes que han tratado de estimar los niveles de degradación de los ecosistemas para entender tal crisis en el contexto ambiental en el que se dio la pandemia por coronavirus.

El cuarto capítulo “La evolución zoonótica: la compleja interacción entre los virus, el ser humano y su ambiente” presenta diversas tesis y resultados de investigación para entender cómo la salud ambiental y la salud humana están íntimamente conectadas. La COVID-19 es estudiada desde los parámetros de evolución zoonótica, donde el enfoque antropocéntrico que se le había dado al estudio de estas enfermedades estaba rebasado, ya que limitaba el conocimiento de la diversidad y distribución de los virus en el ambiente. El capítulo ofrece una historia del estudio de los virus, desde su acepción etimológica y su entendimiento en diversas etapas históricas, para ofrecer la tesis de cómo la virosfera revela que no todos los virus son patogénicos, identificando unos

200 tipos que causan enfermedades diversas en el ser humano. Las zoonosis, explicadas en el capítulo, deben entenderse en contextos amplios e integrales, que nos permitan observar las relaciones simbióticas entre humanos, seres vivos y el medio ambiente. Toda esa investigación nos ofrecerá un mayor entendimiento, ayudando a comprender los factores biológicos y antropogénicos en los que se desarrollan las enfermedades zoonóticas.

“Paisajes antropogénicos de México y zoonosis: hacia la construcción de paisajes sostenibles y saludables” es el título del quinto capítulo que expone en una intrincada y bien estructurada relación antropogénica a las enfermedades infecciosas. En un contexto histórico necesario se muestran los patrones de afectaciones a la salud con sus impactos económicos y afectaciones sociales. Contextos que nos ayudan a entender la necesidad de aproximaciones interdisciplinarias para entender las zoonosis, para valorar el impacto que tiene el cambio de uso de suelo y cómo se desencadena un fenómeno de alteración a la vegetación, el hábitat de especies, los impactos en los microclimas, la destrucción de los refugios de animales y sus fuentes de alimentación. En el capítulo se introduce una tesis importante, cito: “Los cambios en la vegetación y el paisaje pueden ocasionar la pérdida de especies y, con ellas, de sus patógenos y parásitos, lo que disminuye la diversidad de éstos, que puede traer el crecimiento de pocas especies y con ellas de patógenos que puede incrementar el riesgo de zoonosis”. Así, vemos que las actividades antropogénicas están asociadas con las zoonosis y las innovaciones tecnológicas han permitido circunnavegar el globo en menos tiempo que los periodos de incubación de agentes infecciosos, lo que ha ocasionado que las cuarentenas sean menos eficaces. El capítulo concluye que los cambios ambientales han tenido efectos en la dispersión de hospederos y agentes zoonóticos, por lo que es necesario investigar y ofrecer medidas para minimizar la prevalencia de la zoonosis.

El capítulo seis “Zoonosis de importancia en salud pública en México: un enfoque integral” permite entender con mayor amplitud el entramado del capítulo cinco. Leemos una argumentación estructurada con base en el concepto de *Una Sola Salud*, y se enfoca en las principales zoonosis que se han detectado en México, así como en las especies y los patógenos huéspedes asociados y la manera como se relacionan con los ecosistemas. Los autores proponen estu-

diar posibles vínculos de conectividad ecológica entre huéspedes, vectores y patógenos, secuencia asociada a lo que se designa como “gradientes paisajísticos que involucran hábitats naturales”, donde la relación antropogénica revela la dinámica de los ciclos de transmisión que afectan a los seres humanos. Para ello el capítulo estructura una serie de casos de estudio en México.

El capítulo siete presenta “Nuestros aliados alados: origen y diversidad de los murciélagos y los servicios ecosistémicos que nos proporcionan”, como una de las aproximaciones científicas para reconocer el lugar e importancia de los murciélagos, permitiendo una amplia comprensión de sus funciones en diversos ecosistemas. El capítulo parte de la premisa que actualmente perdemos especies unas mil veces más rápido de lo normal, siendo que la biodiversidad es de suma importancia para sostener la vida de los seres humanos desde los procesos como la producción de alimentos hasta la provisión de aire limpio, agua potable, entre otros. El capítulo se enfoca en explicar y documentar los servicios ecosistémicos que los murciélagos proporcionan para los seres humanos y los ecosistemas; para ello, ofrece primeramente un contexto sobre los murciélagos, que son el segundo orden más importante entre los mamíferos con más de 1400 especies. En México habitan alrededor de 140 especies, y sus servicios ecosistémicos son de suma importancia. Por ejemplo, para el control de plagas, la dispersión de semillas, para la polinización y en la elaboración de ciertos medicamentos y el guano. Así, el autor explica: “La relación entre los murciélagos y la COVID-19 presenta diversas posibilidades entre ellas la zoonosis, pero nos alerta de lo que debemos cuidar; la conservación de los ecosistemas y la biodiversidad, el cuidado en el consumo de carne de especies de manera ilegal no sustentable y sin respetar las medidas sanitarias adecuadas”. El capítulo concluye con recomendaciones asequibles como reducir el consumo de carne de animales domésticos y la revisión clara, crítica y científica de la forma en cómo se crían animales para el consumo de su carne, revisión que incorpore criterios de respeto, muerte digna y cuidado.

“Responsabilidad de México como agente activo en el comercio de animales silvestres para mascotas” es otro de los temas relevantes del libro y se presenta en el capítulo ocho, tomando como horizonte conceptual la iniciativa

Una Sola Salud, Un solo planeta. Dicha iniciativa reconoce que la salud de los seres humanos está estrechamente relacionada con la salud de los animales y de nuestro entorno ambiental compartido. Este capítulo muestra el enfoque en las posibles causas de la zoonosis para explicar el origen del SARS COV-2, por ello la autora argumenta que “el mayor riesgo de transmisión de enfermedades zoonóticas se produce en la interfaz entre el ser humano y los animales a través de la exposición directa o indirecta a los animales”. Esto lo vemos en las prácticas ilegales o en marcas sin claridad de leyes del comercio de vida silvestre, que en muchos sentidos se lee en su contexto por lo que no se puede generalizar. Asimismo, la autora ofrece un análisis de los entramados del comercio de animales silvestres, los actores, las cadenas de suministro y los mercados con diferentes marcos legales o regulatorios, y su legitimidad o ilegitimidad social. El capítulo sostiene que los mercados y cadenas de distribución de fauna silvestre, en muchas ocasiones dan un trato denigrante donde los animales silvestres están hacinados y en condiciones antihigiénicas, estresantes y bajo circunstancias ideales para la propagación de zoonosis.

“Modelos epidemiológicos y COVID-19” es el título del capítulo nueve que argumenta la importancia del modelado matemático en los procesos de investigación científica de epidemias y, a su vez, se ha utilizado para guiar las estrategias de enfrentamiento de esta enfermedad. La definición que ofrece el capítulo de un modelo matemático es la siguiente, cito: “una traducción simplificada de un problema del mundo real a una notación matemática, lo que forma un problema matemático correspondiente al problema real”. De esta manera, se ofrece una comprensión teórica que dará sentido a cómo funcionan los modelos epidemiológicos y, en particular, cómo ayudan a comprender las dinámicas de transmisión y propagación de una enfermedad infecciosa, como es la COVID-19. Los modelos epidemiológicos establecen estimaciones de ciertos parámetros y proyecciones de variables e identifican los factores que rigen el proceso de transmisión de una enfermedad, todo esto permite elaborar estrategias de control y contención efectivas. Para el caso de la pandemia por COVID-19 el capítulo formula los desafíos de un modelo epidemiológico para este escenario y que busca atender: la evolución del patógeno, la incerti-

dumbre estadística, los patrones de contacto y la complejidad en la solución de modelos. Así, la autora concluye que la pandemia de COVID-19 ha mostrado la necesidad de modelos no solamente enfocados en la transmisión y predicción, sino en la “logística de respuesta y la formulación de políticas sobre medidas de intervención no farmacéuticas”.

El capítulo diez presenta “El papel de las plataformas geoespaciales de monitoreo epidemiológico en la mitigación de las pandemias”. La investigación y resultados que integran el capítulo muestran cómo los avances en tecnología espacial y temporal pueden contribuir en aproximaciones integrales del fenómeno y ofrecer respuestas acordes con la emergencia sanitaria. Los avances tecnológicos y científicos para el monitoreo epidemiológico se pueden agrupar en tres grandes líneas generales como expone el capítulo: 1) los esfuerzos que parten de conocer la estructura genética del virus, 2) los avances para mejorar nuestro entendimiento de los mecanismos de transmisión del SARS COV-2, y 3) los avances para el seguimiento espacial y temporal de los casos registrados como potenciales. El capítulo también aborda el papel de las plataformas geoespaciales de monitoreo epidemiológico en la mitigación de futuras pandemias, subraya la experiencia de las plataformas geoespaciales desarrolladas por la UNAM. En su segunda sección, el capítulo describe cómo las enfermedades infecciosas emergentes afectan a los seres humanos. La tercera se enfoca en la estrategia de monitoreo y predicción de las zoonosis infecciosas emergentes y el papel de las plataformas geoespaciales con instrumentos para la contención de contagios. La cuarta sección se enfoca en las epidemias y pandemias como sistemas complejos adaptativos y cierra con una serie de recomendaciones para México.

“Efectos de la pandemia por COVID 19 en la contaminación ambiental”. El título y contenido de este capítulo nos permiten un atisbo de los otros impactos ambientales poco mencionados o no evidentes, la contaminación por desechos médicos utilizados para atender la emergencia sanitaria tiene que ser valorada en futuras experiencias y, a su vez, exige acciones presentes. El capítulo investiga los datos reportados sobre los impactos ambientales, especialmente los relacionados con la contaminación ambiental, los efectos del confinamiento

sobre el cierre de industrias y la calidad del aire. Asimismo, el capítulo da evidencia de los riesgos potenciales por el aumento de desechos plásticos provenientes del uso de equipos de protección médica, y la potencial contaminación del agua debido al aumento en el empleo de algunos medicamentos.

En un capítulo final “Ecología, medio ambiente y sustentabilidad. Conclusiones y perspectivas”, los coordinadores del libro ofrecen las principales conclusiones que se derivan de los capítulos previos, logrando integrar las perspectivas de investigación y colaboración que resultan de la experiencia de esta pandemia. Así mismo, se esbozan algunos elementos para enfrentar futuras emergencias sanitarias, en un contexto entrelazado por los problemas globales que enfrenta y enfrentará la humanidad.

Ecología, medio ambiente y sustentabilidad, es tanto un trabajo colaborativo de especialistas, como una propuesta científica integral debido a su coherencia de contenido. En gran medida, este trabajo abre una década de estudios no sólo en los campos de conocimiento que lo definen sino para otras áreas de investigación. *Ecología, medio ambiente y sustentabilidad*, sin duda contribuye como un texto de referencia para entender las bases científicas de un fenómeno como la pandemia por COVID-19 y, al mismo tiempo, nos invita a integrar aproximaciones desde otras experiencias interdisciplinarias que disuelvan el impacto negativo de la desinformación. Acción necesaria en un momento donde la pandemia no sólo es causada por un virus, sino por el manejo de la desinformación y su impacto en la configuración de las sociedades actuales.

La pandemia de COVID-19 en el Antropoceno

1

Ken Oyama

Escuela Nacional de Estudios Superiores, Unidad Morelia, UNAM

INTRODUCCIÓN

La pandemia de COVID-19 ha ocasionado el fallecimiento de cerca de siete millones de personas, aunque el *Institute for Health Metrics and Evaluation* (Instituto para las Métricas y Evaluación de la Salud) y el grupo *COVID-19 Excess Mortality Collaborators* (Sachs *et al.*, 2022; Wang *et al.*, 2022) estiman que son más de 18 millones. Un problema inicial de salud pública se convirtió en una crisis mundial con impactos muy importantes en el ámbito social, económico y político (Dobson *et al.*, 2020; Maire *et al.*, 2022). La cooperación internacional se vio claramente superada por la falta de acciones coordinadas para atender problemas que van desde la falta de información sobre la situación de la pandemia hasta la implementación de medidas adecuadas para enfrentar y disminuir sus impactos a nivel global. Se ha puesto en evidencia la desigualdad no sólo en términos de los sistemas de salud públicos y privados, sino en las grandes desigualdades sociales y económicas entre países. La *Comisión Lancet COVID-19*, en un reporte reciente, hace un análisis muy detallado sobre lo ocurrido en los años de pandemia y propone una serie de medidas para construir: “una nueva era de cooperación multilateral sólida basada en las instituciones de las Naciones Unidas que reduzca los peligros del COVID-19, enfrente la siguiente pandemia, y alcance las metas acordadas por los miembros de la Naciones Unidas sobre el desarrollo sustentable, los derechos humanos y la paz” (Sachs *et al.*, 2022: 1224).

La rápida respuesta y el desarrollo de múltiples vacunas es una muestra de que la cooperación entre científicos, gobiernos y empresas, así como el financiamiento oportuno, puede lograr avances sustanciales para la solución de un problema común. Sin embargo, la falta de una coordinación multilateral internacional ha puesto en evidencia problemas de propiedad intelectual, transferencia biotecnológica, financiamiento a la investigación científica, distribución de las vacunas y su aplicación. Por ejemplo, el Banco de Inversiones de Europa (*European Investment Bank*) y el Ministerio de Educación e Investigación del Gobierno Federal de Alemania financiaron a la empresa BioNTech con 475 millones de euros para el desarrollo de vacunas de RNA mensajero.^{1,2} A esto hay que sumar las capacidades humanas y la infraestructura de investigación científica y tecnológica ya instalada en diversas instituciones en Alemania. Estados Unidos, China y Rusia hicieron inversiones similares o mayores, creando consorcios entre fundaciones privadas, gobiernos, universidades y empresas;³ de ahí el origen y la diversidad de vacunas que se han creado⁴ y utilizado para disminuir los efectos de la COVID-19 y de las variantes virales que han evolucionado en estos años de pandemia. Sin embargo, la mayoría de los países, incluyendo México, no cuentan con la infraestructura ni el financiamiento o las políticas institucionales que se requieren para atender una crisis

¹ European Commission. Investment Plan for Europe: European Investment Bank to provide BioNTech with up to 100 million Euros in debt financing for COVID-19 vaccine development and manufacturing. Jan 24, 2022. https://ec.europa.eu/commission/presscorner/detail/ro/ip_20_1034 (consulta sep. 19, 2022).

² BioNTech. BioNTech to receive up to 375 million Euros in funding from German Federal Ministry of Education and Research to support COVID-19 vaccine program BNT162. Sept 15, 2020. <https://investors.biontech.de/news-releases/news-release-details/biontech-receive-eu375m-funding-german-federal-ministry> (consulta sep. 19, 2022).

³ Moderna. mRNA Strategic collaborators: government organizations. 2021. <https://test.modernatx.com/ecosystem/strategic-collaborators/mrna-strategic-collaborators-government-organizations> (consulta sep. 19, 2022).

⁴ Al inicio de la pandemia de COVID-19, se mencionaron al menos 44 vacunas en diferentes estados de desarrollo. Berkley S. (2020). DOI:10.1126/science.abb8654.

sanitaria de la magnitud de la pandemia actual, lo que muestra las profundas desigualdades institucionales existentes.

A pesar de las múltiples investigaciones y los avances logrados para entender el origen y la evolución de la enfermedad, las especulaciones en los medios de comunicación continúan generando una gran desinformación en la opinión pública, situación que ha prevalecido en estos años y que al parecer continuará por más tiempo. La difusión de los descubrimientos científicos acerca de las características biológicas de los virus, los mecanismos bioquímicos y fisiológicos del contagio y la importancia de las vacunas y su aplicación es muy importante para contribuir a una sociedad mejor informada y consciente, ya que la emergencia de nuevas epidemias continuará en el futuro.

Un aspecto fundamental para entender integralmente la pandemia del COVID-19 y, en general, lo que ha ocurrido con las pandemias anteriores (también conocidas como enfermedades infecciosas emergentes), es analizar los procesos ecológicos y evolutivos involucrados para diferenciar los factores inmediatos o proximales (el papel de la interacción genes-función-ambiente) de los evolutivos (la aparición y persistencia de nuevas variantes virales) (Stearns y Koella, 2008). En un momento en donde se valora y cuestiona el papel de los humanos en la transformación del planeta Tierra, es central entender cómo esta transformación ha catalizado la emergencia de nuevas pandemias como las que hemos padecido en los últimos años. Esta nueva época se conoce ya como el *Antropoceno* (Lewis y Maslin, 2015; Subbramanian, 2019), el cual se considera que inició a finales del siglo XVIII, cuando se demostró que las concentraciones de dióxido de carbono y metano en la atmósfera se incrementaban, así como los niveles de contaminación, las tasas de deforestación de los ecosistemas naturales, el consumo desmedido del agua, el abuso de fertilizantes nitrogenados en la agricultura y el imparable crecimiento de la población humana. Todos estos procesos indican y dan evidencia irrefutable del tremendo impacto negativo de las actividades humanas en el planeta (Crutzen, 2002).

Lamentablemente, al igual que otras eras geológicas caracterizadas por la extinción de especies, el Antropoceno está también definido por la llamada

Sexta Extinción Masiva de la Biodiversidad, la cual es la más intensa registrada en la historia de la vida sobre la Tierra (Ricketts *et al.*, 2005; Pimm *et al.*, 2014; Ceballos *et al.*, 2015). El nobel Paul J. Crutzen, en un trabajo seminal, acuñó el término de Antropoceno y estimó que si “no ocurre una catástrofe global –la caída de un meteorito, una guerra mundial o una pandemia– la humanidad continuará siendo una fuerza ambiental durante muchos milenios” (Crutzen, 2002: 23). No ha caído un meteorito de las dimensiones del que ocasionó la extinción de gran parte de la vida en la Tierra en el Cretácico; no ha ocurrido una guerra mundial, aunque se han desatado innumerables guerras regionales; pero sí ha ocurrido una pandemia, que no extinguió la vida en el planeta, pero que ha dejado secuelas importantes. El planeta Tierra vive una crisis ambiental sin precedentes, con un alto riesgo de que muchos de sus procesos naturales alterados negativamente se vuelvan irreversibles. La destrucción de los ecosistemas naturales y la alteración del clima por las actividades humanas han llegado a tal punto que tardarán décadas en recuperarse. Es por ello que se requiere una nueva forma de gestión y gobernanza del planeta que englobe una nueva ética para la planeación y el uso sustentable de sus recursos (Steffen *et al.*, 2011).

Los Objetivos del Desarrollo Sostenible enunciados por acuerdo de los países miembro de las Naciones Unidas, en la famosa *Agenda 2030*, reflejan la gran preocupación por trazar nuevas rutas para reconstruir un mundo mejor para el sostén de la vida de ésta y la de las futuras generaciones. Sin embargo, la pandemia de COVID-19 vino a evidenciar las limitaciones y los alcances reales de cada uno de los países para alcanzar estos objetivos y en muchos casos obligó a los gobiernos a reasignar los recursos disponibles hacia la contención de la pandemia y desviar las políticas encaminadas al cumplimiento de estos objetivos. Sin embargo, cumplir con esta agenda es dar un paso más para alcanzar un desarrollo armónico con la naturaleza, combatir problemas globales como el cambio climático, eliminar la pobreza, mejorar la salud y la educación y conservar los ecosistemas naturales, entre muchos otros.

LAS ENFERMEDADES INFECCIOSAS EMERGENTES

Las enfermedades infecciosas emergentes, como el síndrome respiratorio agudo severo (SARS), el síndrome respiratorio del Medio Oriente (MERS) y las enfermedades virales del zika, ébola, hendra y nipah han constituido amenazas importantes para la salud pública. Todas estas enfermedades tienen en común que los potenciales portadores son animales silvestres, entre los que se incluyen primariamente a los murciélagos (Anthony *et al.*, 2017; Wang y Anderson, 2019). Los murciélagos constituyen uno de los grupos de mamíferos más ricos en especies y poseen una amplia distribución geográfica; asimismo, juegan un papel muy importante en el mantenimiento de los ecosistemas naturales por los servicios ambientales que proveen, como la polinización, la dispersión de semillas y el control de plagas (Irving *et al.*, 2021) (véase Medellín, 2023; capítulo 7 en este libro). Entre las más de 6,400 especies de mamíferos, se conocen más de 1,400 especies de murciélagos con características biológicas únicas, producto de una larga evolución por cerca de 64 millones de años. Una de sus características que más llama la atención es el sistema inmune que poseen, que les permite prevenir a pesar de ser portadores de muchos patógenos virales (Irving *et al.*, 2021).

Las enfermedades infecciosas capaces de transmitirse a los seres humanos son denominadas enfermedades zoonóticas emergentes y afectan seriamente la salud humana, las cuales 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, el incremento de la transportación y de la movilidad, y el cambio climático (Allen *et al.*, 2017; Wang y Anderson, 2019) (véase García-Oliva, 2023; capítulo 3 en este libro). Estas enfermedades emergentes y reemergentes provocadas por diversos patógenos endémicos se propagan inesperadamente a sitios donde antes no ocurrían debido a los cambios en los rangos de distribución de las especies patógenas y a una rápida dispersión causada por la gran conectividad global. Los cambios antropogénicos, climáticos, demográficos y tecnológicos han cambiado los patrones de los riesgos de las

enfermedades infecciosas en las últimas dos décadas (Baker *et al.*, 2022). Una clara evidencia de esto es que entre 1940 y 2004 se registraron 335 eventos de enfermedades infecciosas en todo el mundo ocasionados por agentes como virus, bacterias, hongos, helmintos y protozoarios. Particularmente, hay una tendencia al incremento de las enfermedades zoonóticas por diversos virus alojados inicialmente en animales silvestres (Jones *et al.*, 2008). Por ello, Kates E. Jones y sus colegas concluyeron hace más de una década que “la zoonosis por animales silvestres representa la amenaza más significativa y creciente de salud global de todas las enfermedades emergentes” (Jones *et al.*, 2008: 992).⁵

EL INICIO DE LA PANDEMIA DE COVID-19

Una nueva enfermedad respiratoria severa fue descubierta en un paciente el 12 de diciembre de 2019 en la ciudad de Wuhan, China. Esta enfermedad, conocida como COVID-19 (World Health Organization [WHO], 2020), se ha propagado por todo el mundo y es producida por el coronavirus tipo 2 causante del síndrome respiratorio agudo severo (SARS-COV-2), que pertenece al subgénero *Sarbecovirus* del género *Betacoronavirus* (Gorbalenya, 2020; Wu *et al.*, 2020). En la búsqueda del origen de este virus y de su enfermedad asociada, hay dos rutas de información convergentes que nos permiten postular una hipótesis sobre su naturaleza.

⁵ Este estudio, publicado en una de las revistas científicas más importantes del mundo, no recibió la atención que merecía. En éste se plantearon los factores causantes de estas enfermedades, como el aumento exponencial de la conectividad y comunicación humana (ya sea por vía aérea, terrestre o marítima), el incremento poblacional humano desmedido (con una proyección de ocho mil millones de habitantes para el 2050), la degradación de los ecosistemas, el incremento del contacto entre los animales silvestres y las poblaciones humanas (particularmente en sitios de una alta biodiversidad), y los efectos del cambio climático que están modificando los patrones de distribución de los vectores y transmisores de las enfermedades infecciosas emergentes.

Por un lado, las investigaciones epidemiológicas llevadas a cabo por el personal del *Wuhan Center for Disease Control and Prevention* (el Centro para el Control y Prevención de Enfermedades de Wuhan) revelaron que el paciente con esta nueva enfermedad respiratoria era un trabajador de un mercado local de productos marinos en el que también se comercializaba comúnmente una diversidad de animales silvestres vivos, como erizos, tejones, víboras y tórtolas, entre otros, así como carne animal de diversas especies. Curiosamente no se reporta la venta de murciélagos en este mercado (Wu *et al.*, 2020). Por otro lado, para conocer el potencial agente etiológico se realizó un análisis de secuenciación metatranscriptómica de los fluidos de un lavado bronco-alveolar del paciente y se descubrió que el virus que provocó la enfermedad tenía un parecido del 89.1% con un coronavirus de murciélago parecido al SARS (SL-COVZC45) (Wu *et al.*, 2020). De aquí surge la hipótesis de que el ancestro del SARS-COV-2 tendría que ser algún coronavirus de murciélago que fue transmitido al humano. A partir de esta primera evidencia, se han analizado un sinnúmero de coronavirus parecidos al SARS de murciélagos y otros animales.⁶

Los antecedentes de la emergencia del virus SARS-COV-2 se pueden remontar a principios de este siglo. En 2002, un coronavirus respiratorio nuevo emergió en Foshan, provincia de Guangdong, en el sureste de China (Ksiazek *et al.*, 2003). Este virus causante del síndrome respiratorio agudo severo (SARS) se propagó por varios países, infectando a miles de personas y, aunque se logró controlar su propagación un año después, fue el primer coronavirus que causó síntomas severos en humanos (Ksiazek *et al.*, 2003). Tras tres años de investigación, se descubre que los murciélagos del género *Rhinolophus* portan coronavirus similares (Li *et al.* 2005), a los cuales genéricamente se les conoce como coronavirus relacionados con el SARS (SARS-COV por sus siglas en inglés). Los estudios filogenéticos indican que los SARS-COV más parecidos al SARS-COV-2 se obtuvieron en muestras de murciélagos recolectados en la provin-

⁶ Los detalles de estas investigaciones están fuera de los objetivos del presente capítulo ya que la información es tan rica en términos biológicos y genómicos que requiere un tratamiento propio. Cabe resaltar que en menos de tres meses desde que apareció el primer paciente se contó con el genoma completo de este nuevo virus (Wu *et al.*, 2020).

cia de Yunnan, China, a más de 1,500 km de distancia de Wuhan. Otro dato importante es que los SARS-COV se han encontrado en varias regiones de China, Tailandia, Camboya y Japón (Lytras *et al.*, 2021). Sin embargo, no hay evidencias contundentes sobre los transmisores directos de la enfermedad; es decir, si son los murciélagos directamente o algún otro animal hospedero intermediario previamente contagiado por los murciélagos, o incluso si estos otros animales son reservorios permanentes de los coronavirus y contagian directamente a los humanos.

El hecho de que no se reporte la venta de murciélagos en los mercados de Wuhan, incluyendo el mercado Huanan, considerado el epicentro del inicio de la pandemia, sugiere un animal diferente como hospedero, intermediario entre la fuente del brote y la transmisión de la enfermedad. Lo complejo de este asunto es que la venta de animales vivos en los mercados de Wuhan incluye especies silvestres como, mapaches y tejones, y animales criados, como visones, zorras o gatos civetas; todos susceptibles de contener sarbecovirus y que están en contacto directo con humanos (Lytras *et al.*, 2021; Xiao *et al.*, 2021). La mayoría de los animales se comercializan vivos y se encuentran enjaulados y apilados en condiciones higiénicas muy deplorables.⁷ La magnitud de la industria de la cría de fauna silvestre en China es poco conocida, pero a raíz del interés de este tema por la pandemia del COVID-19, se estima que más de seis millones de personas intervienen en esta industria, que alcanza un valor de 18 mil millones de dólares (Wang *et al.*, 2020).

Un evento adicional, ocurrido en 2019, fue la reducción del suministro de carne de cerdo por la enfermedad del virus de la peste porcina africana (ASFV, por sus siglas en inglés) que ocasionó el sacrificio de cerca de un millón de cerdos en China para combatir y controlar esta enfermedad. Aunque las estimaciones no son muy precisas, se menciona que el inventario de cerdos

⁷ Estos comercios ofrecen, además, el servicio de carnicería en el sitio sin ningún control sanitario. Además, las nuevas tendencias culinarias en restaurantes exclusivos de China, Japón, y seguramente otros países, que ofrecen platillos con “carnes exóticas de animales silvestres”, son otro factor por analizar en el tema del comercio de la fauna silvestre (Zhou *et al.*, 2015; Kaneko *et al.*, 2017).

disminuyó entre 118 y 175 millones de cabezas (Xia *et al.*, 2021). Esta reducción tuvo efectos importantes en el consumo de carne en varias regiones del país, con lo que se incrementó el aprovechamiento de la carne de animales silvestres como sustituto de la carne de cerdo, con todos los efectos de contaminación asociados y siendo un posible catalizador del contagio del SARS-COV-2 en animales domésticos y en humanos (Xia *et al.*, 2021). La falta de alimento ha ocasionado que la caza de la fauna silvestre sea cada vez más común como un satisfactor inmediato, y con esto la proliferación de este tipo de comercio. Esto puede llegar a ser totalmente irracional y fuera de toda lógica, como la caza de elefantes, tigres o hipopótamos para obtener diversos productos para fines medicinales o alimenticios. La pandemia del COVID-19 ha mostrado al mundo el manejo ilegal e injustificado de la fauna silvestre. Un análisis integral sobre este tema para México se presenta en Arroyo-Quiroz (2023; véase capítulo 8 en este libro).

LOS AVANCES CIENTÍFICOS

Las enfermedades infecciosas emergentes son causadas por una transmisión entre especies de virus cuyos reservorios naturales están en los animales silvestres; esta transmisión a los humanos puede darse de forma directa o a través de un hospedero intermediario. Los murciélagos y otros mamíferos son los hospederos naturales de algunos de los virus más virulentos para el humano, sin que los animales presenten síntomas aparentes (Wang y Anderson, 2019). A pesar de contar con varias vacunas para prevenir el contagio del SARS-COV-2, es escaso el conocimiento sobre las posibles causas o mecanismos relacionados con la susceptibilidad y la severidad de la enfermedad de COVID-19. El análisis genético-funcional comparado entre los genomas de murciélagos y primates (incluyendo al humano) ha identificado 38 proteínas en murciélagos y 81 en primates con signos o marcas de selección positiva, y 17 genes con señales de adaptación producto de las interacciones entre virus y mamíferos, así como eventos de epidemias de coronavirus en el pasado que han moldeado la evolu-

ción de los genomas de ambos grupos de mamíferos (Cariou *et al.*, 2022). Aún más interesante, se encontró que los genes asociados con los procesos metabólicos inflamatorios han evolucionado rápidamente en los murciélagos, pero no en los primates, lo que indica los determinantes genéticos de la susceptibilidad y severidad al virus (Cariou *et al.*, 2022).

La comparación genómica entre personas graves por COVID-19 y personas aparentemente no contagiadas ha permitido descubrir dos mecanismos que pueden predisponer al riesgo de morir al contraer la enfermedad: el fracaso de controlar la replicación viral y la tendencia a una inflamación pulmonar y coagulación intravascular (Kousathansa *et al.*, 2022). Estudios recientes han identificado un grupo de genes en el cromosoma 3 de los humanos como un locus de riesgo respiratorio después de una infección por SARS-COV-2 (Ellinghaus *et al.*, 2020; The COVID-19 Host Genetics Initiative, 2020).⁸ Con esta evidencia científica se han descubierto los mecanismos genéticos relevantes de la enfermedad que conllevarán a combatirla una vez que se desarrollen clínicamente los tratamientos médicos.

Las rutas de transmisión de una enfermedad se pueden rastrear prácticamente a nivel individual o poblacional con base en la información de la secuenciación de los genomas de SARS-COV-2. Es tal la información generada (más de 100,000 secuencias al 15 de septiembre de 2020) que se han propuesto diversas hipótesis filogenéticas (relaciones y diversificaciones entre variantes virales) y filogeográficas (relaciones entre linajes de variantes virales) que permiten distinguir entre una transmisión entre los miembros de una comunidad y la introducción de múltiples variantes (Lemey *et al.*, 2020). Los virus tienen varias particularidades evolutivas, como su tasa de mutación, que es un millón de veces mayor que la de los vertebrados. Esto hace que su dinámica evolutiva sea única, ya que se caracteriza por la generación de mutaciones y adaptaciones *de novo* ante cambios ambientales, mientras que otras especies depen-

⁸ Un análisis filogenético de este grupo de genes indica que cerca del 50% de personas en el sureste asiático, 16% en Europa y 9% en las Américas poseen este factor de riesgo respiratorio, el cual fue heredado de los neandertales (Zeberg y Pääbo, 2020).

den de una variación genética preexistente mantenida en las poblaciones por selección natural (Pybus y Rambaut, 2009).

Estos estudios genómicos tan detallados nos muestran el potencial de poder entender los mecanismos básicos que explican el origen de las enfermedades. En el genoma de los seres vivos se encuentran las señales de las historias de vida que han conducido a sus sistemas inmunológicos actuales. Al entender la evolución biológica de las enfermedades mediante el análisis y la comparación de los genomas de los seres vivos se podrán explicar las trayectorias evolutivas de los sistemas inmunológicos y sus interacciones coevolutivas con sus patógenos (Pybus y Rambaut, 2009; Benton *et al.*, 2021; Jungreis *et al.*, 2021; Ruiz-Aravena *et al.*, 2021). Esta información genómica ha permitido generar nuevos modelos analíticos para entender la aparición de nuevas variantes (mutaciones), la predominancia de los distintos linajes virales en el mundo, y la naturaleza de las variantes que son importantes para la sobrevivencia de las personas (Obermeyer *et al.*, 2022).

En la investigación clínica en salud es fundamental el uso y desarrollo de modelos animales para acelerar las pruebas y ensayos de vacunas y agentes terapéuticos. Indiscutiblemente, los avances en este sentido han sido y serán fundamentales para avanzar en el estudio de COVID-19 y otras enfermedades emergentes (Muñoz-Fontella *et al.*, 2020). Por ello, es muy importante respetar el uso de animales en la investigación experimental, incluyendo a los primates no humanos (Singh *et al.*, 2021). Aunado a esto, es importante evitar la mala interpretación de que los murciélagos u otros animales silvestres son los causantes directos de las enfermedades infecciosas (MacFarlane y Rocha, 2020; Tarakini *et al.*, 2021; Mouafo *et al.*, 2022), ya que el estudio bioquímico y genómico de las estructuras de las proteínas de murciélagos y pangolines provee información muy valiosa para entender la evolución del SARS-COV-2, particularmente de los mecanismos y la eficiencia de la infección a humanos, para con esto descubrir los hospederos intermediarios (Li *et al.*, 2020; Xiao *et al.*, 2020; Conceicao *et al.*, 2021; Dicken *et al.*, 2021; Zhang *et al.*, 2021). Los estudios en primates no humanos, como macacos, babuinos y monos títies,

también han demostrado que son modelos adecuados para el desarrollo de las vacunas y terapias para el COVID-19 y otras enfermedades (Singh *et al.*, 2021).

Los modelos matemáticos epidemiológicos forman parte de la investigación teórica de las enfermedades para diseñar estrategias de control y regulación, ya que permiten comprender la dinámica de la transmisión y su propagación (véase Sánchez-Larios, 2023; capítulo 9 en este libro). Estos modelos pueden extenderse para trazar las posibles trayectorias de la interacción entre la estacionalidad y la variación geográfica del clima con la susceptibilidad y la transmisión de COVID-19 (Baker *et al.*, 2020). Los modelos matemáticos pueden incluir el análisis de las tasas de propagación de la enfermedad, explorar posibles escenarios futuros, evaluar retrospectivamente la eficiencia de intervenciones específicas e identificar estrategias prospectivas (Metcalf *et al.*, 2020). También pueden combinar datos demográficos, patrones de contagio (contacto), la severidad de la enfermedad y la capacidad de los sistemas de salud de un país para entender mejor la calidad de las intervenciones para controlar la enfermedad (Walker *et al.*, 2020). El monitoreo y seguimiento espacial y temporal de las enfermedades en todas sus etapas son fundamentales para delinear las medidas por tomar al tratar de combatirlas. Para el caso de la pandemia de COVID-19, se desarrollaron diversas plataformas informáticas que fueron la base de los modelos utilizados para comprender la dinámica de esta enfermedad (véase Guilardi *et al.*, 2023; capítulo 10 en este libro). Aunado a esto, el desarrollo tecnológico en la secuenciación de los genomas virales, la sofisticación de nuevos métodos de análisis estadístico y la computación de alto rendimiento permitirán construir modelos más robustos para entender mejor la dinámica de las enfermedades y su control (Pybus y Rambaut, 2009).

En el campo de la ecología se abren nuevas oportunidades de investigación al aplicar los avances en la teoría de la ecología de las comunidades a las enfermedades infecciosas para conocer los mecanismos de las interacciones ecológicas que subyacen en éstas, ya que constituyen complejos ensamblajes de múltiples especies (hospederos, parásitos y vectores) que deben de ser analizados en distintas escalas de organización biológica (Johnson *et al.*, 2015), y considerando diversos escenarios de modificación ambiental como la dinámica del uso del suelo y el cambio climático.

CAMBIOS GLOBALES, PROBLEMAS GLOBALES, SOLUCIONES GLOBALES

Es impresionante el impacto que ha tenido la pandemia de COVID-19 en todo el mundo. Lo que se predecía como un problema sanitario temporal se ha convertido en una de las crisis más importantes, si no la más importante, de este siglo. Llevamos más de dos años en un estado de emergencia sanitaria con restricciones sociales diferenciadas según la política de cada país, pero que indican que la pandemia está presente. Las consecuencias en todos los ámbitos de la vida son incuestionables. De acuerdo con el secretario general de las Naciones Unidas, Antonio Guterres, “[la] recesión económica derivada de la pandemia ha arrojado entre 119 y 124 millones de personas más a la pobreza extrema, cuya erradicación se ve agravado con los conflictos del cambio climático y los desastres naturales” (United Nations Secretary General, 2021). Ante esto, lo esperado es que este fenómeno pandémico mundial debe tener soluciones globales. En distintos ámbitos científicos y sociales hay iniciativas para intentar construir sociedades más sustentables (Hodges y Jackson, 2020; Lehman *et al.*, 2021; Rosenbloom y Markard, 2021).

La pandemia de COVID-19 ha remarcado uno de los fenómenos más transformadores de nuestro planeta: el cambio global. En esto se incluyen varios procesos que alteran seriamente el funcionamiento del planeta en su conjunto. El más conocido es el cambio climático, cuyas consecuencias son cada día más dramáticas. El aumento en la temperatura en varias regiones del planeta ha alterado los ciclos climáticos naturales y el funcionamiento de los ecosistemas, desde cuestiones tan básicas como la estacionalidad de los climas hasta el derretimiento de los glaciares. Por un lado, se reportan sequías severas e incremento de incendios en varias regiones del mundo y, por el otro, el incremento de lluvias e inundaciones desproporcionadas en otras partes. Estos fenómenos son indicadores de la anormalidad y el cambio de los regímenes climáticos que habían prevalecido durante las décadas pasadas. Las predicciones y los escenarios propuestos por los expertos en cambio climático indican no sólo un aumento en la temperatura y una disminución de la precipitación

pluvial en varias regiones del mundo, sino una gran impredecibilidad e incertidumbre en el clima, lo cual traerá cambios no previstos en varios fenómenos meteorológicos.

La vida humana está en gran medida regida por el clima, como ocurre con la agricultura y la producción de alimentos (Mehrabi, 2020). Esto ocasionará procesos que van desde cambios en los tiempos de siembra y tipos o variantes de cultivos (adaptación *in situ*) hasta la migración a otros sitios (adaptación *ex situ*) como una medida de mitigación al cambio climático. La disponibilidad de suelos de cultivo, la productividad agrícola, su comercialización, el acceso a los mercados y sobre todo la dinámica social y económica que se genera son factores que comprometen la producción de alimentos (Sloat *et al.*, 2020). Procesos biológicos aparentemente tan simples como la fenología de las plantas y su interacción con sus polinizadores se han alterado a tal grado que la falta de los polinizadores está amenazando la producción de los alimentos que provienen de los cultivos en sitios abiertos (Potts *et al.*, 2010) y las predicciones al futuro no son nada alentadoras (Remolina-Figueroa *et al.*, 2022). La intensificación de los sistemas agrícolas y los cambios ambientales asociados, así como la expansión de la producción ganadera, particularmente en las proximidades de los remanentes de los ecosistemas naturales, son los principales factores que incrementan las probabilidades de contagios de las enfermedades zoonóticas (Jones *et al.*, 2013).

Otro fenómeno que podemos incluir en el cambio global es la invasión de especies; es decir, especies que se desplazan fuera de sus hábitats naturales para ocupar otros territorios y que proliferan en estos nuevos espacios por la falta de sus enemigos naturales. Estas especies invasoras pueden ocasionar transformaciones importantes al grado de alterar ecosistemas completos y provocar la extinción de las especies locales. El cambio climático y la invasión de las especies están modificando la biogeografía de las especies, cuyas distribuciones originales se modifican, ya sea expandiendo o reduciendo sus poblaciones. Otras especies son desplazadas por estas invasiones y en otros casos ocurren extinciones locales por la competencia entre especies invasoras y locales. La alteración del equilibrio natural de los ecosistemas naturales

trae consecuencias igualmente imprevistas como la extinción de especies, la pérdida de la biodiversidad, el colapso de las interacciones bióticas, la modificación de la estructura y funcionamiento de las comunidades biológicas y la proliferación de enfermedades (Blois *et al.*, 2013; Senapathi *et al.*, 2015; Jordano, 2016; Kovács-Hostyánszki *et al.*, 2017) (véase Sánchez-Cordero *et al.*, 2023; capítulo 6 en este libro).

La destrucción de los ecosistemas es uno de los fenómenos más preocupantes a nivel mundial. Esta destrucción aparentemente lenta de los sistemas naturales se ha ido acelerando conforme se da un crecimiento alarmante de las poblaciones humanas. De acuerdo con las Naciones Unidas, el estimado poblacional mundial ha rebasado los 8 mil millones de personas,⁹ y con el 60% ocupando sitios urbanos. Este crecimiento demográfico requiere de satisfactores básicos como alimento, agua y vivienda, en gran medida obtenidos a costa de los sistemas naturales.

COMENTARIOS FINALES

La emergencia y el desarrollo de la pandemia de COVID-19 muestra probablemente el inicio de una nueva era de enfermedades emergentes y reemergentes que se propagan rápidamente por todo el mundo por la gran densidad de la población humana, su alto grado de movilidad por diversos medios de transporte, el gran impacto que tiene la actividad humana sobre la naturaleza y la poca o nula capacidad para responder a los procesos globales irreversibles, como el cambio climático. No existen actualmente acciones efectivas dentro de una política global para solucionar los grandes problemas que aquejan a la humanidad.

De acuerdo con la *Plataforma Intergubernamental Científico Normativa sobre Diversidad Biológica y Servicios de los Ecosistemas* (IPBES, por sus siglas en inglés), existen entre 540,000 y 850,000 virus desconocidos en la naturaleza que tienen el potencial de infectar a los humanos, por lo que se pronostican

⁹ <https://www.worldometers.info/>

pandemias futuras cada vez más frecuentes y con consecuencias negativas en lo económico, social y ambiental (Intergovernmental Science-Policy Platform on Biodiversity and Ecosystem Services [IPBES], 2020).

Desde la perspectiva de la conservación de la biodiversidad a nivel global, es importante señalar que las enfermedades emergentes no sólo se presentan en los humanos. Los riesgos que conlleva la destrucción de los ecosistemas naturales, tanto marinos como terrestres, también perjudican a las especies de animales que viven en ellos (Dasnak *et al.*, 2000; Tompkins *et al.*, 2015). En la última década, se han reportado en diversos países nuevas enfermedades en animales silvestres (Montecino-Latorre *et al.*, 2020), incluyendo muertes masivas de algunas especies. Tales son los casos del delfín de Guyana (*Sotalia guianensis*), cuya mortalidad se asocia con un morbilivirus de cetáceos (Groch *et al.*, 2018), y el del ciervo huemul (*Hippocamelus bisulcus*), infectado por la bacteria, *Corynebacterium pseudotuberculosis* (Morales *et al.*, 2017), que, por cierto, infecta comúnmente a animales domésticos. El caso más dramático es el de los anfibios (por ejemplo, ranas, salamandras), con más del 30% de sus especies a nivel global en la lista roja de especies amenazadas de la Unión Internacional para la Conservación de la Naturaleza (*International Union for Conservation of Nature*). El cambio de uso del suelo, la destrucción de los ecosistemas, la contaminación de los hábitats y, sobre todo, la enfermedad causada por el hongo quítrido patógeno (*Batrachochytrium dendrobatidis*), amenazan a las poblaciones de anfibios a nivel mundial (Holt *et al.*, 2011). Conforme se recrudece el deterioro de los ecosistemas, se han descubierto más casos de este tipo, igualmente graves, tanto en especies de ecosistemas terrestres como marinos que, junto con los efectos causados por el cambio climático, evidencian la complejidad para detener, controlar y revertir el impacto de las enfermedades en las especies silvestres (Harvell *et al.*, 2019). Los perjuicios de los patógenos causados a los animales silvestres potencialmente terminan afectando a la salud humana y a los animales domésticos (Daszak *et al.*, 2000), sin olvidar los efectos en “cascada” que se desencadenan en los ecosistemas naturales.

La deforestación de los bosques y su papel en la emergencia de nuevas enfermedades es un tema central para entender las causas de contagio en

muchos países, principalmente en selvas y bosques tropicales. La deforestación es un tema complejo y existen múltiples factores causales que varían entre países e incluso entre regiones de un país. Curiosamente, al inicio de la pandemia de COVID-19, cuando se establecieron restricciones y confinamientos para evitar los contagios, las tasas de deforestación en los países tropicales se incrementaron notablemente, de acuerdo con el *Global Land Analysis & Discovery* (GLAD). Las enfermedades zoonóticas, la salud pública, la economía, la agricultura y la conservación de los bosques están entrelazadas en una compleja red de interacciones que requiere ser analizada en cada región para poder establecer políticas públicas diferenciadas que permitan alcanzar un desarrollo armónico entre estos componentes para beneficio de la humanidad (Brancalion *et al.*, 2020).

No hay que olvidar el papel de los microorganismos en el origen y la evolución de la vida misma. El rol que juegan los microorganismos en los ecosistemas naturales es fundamental, ya que intervienen en todos los procesos biológicos conocidos, como la fotosíntesis, los ciclos biogeoquímicos y la generación del suelo, entre muchos otros. Particularmente, los virus se encuentran en simbiosis con muchos organismos, incluyendo plantas y animales, y han jugado un papel muy importante en la evolución de la vida (Roossinck, 2011) (véase Campillo-Balderas, 2023; capítulo 4 en este libro). Además, en una situación en la que los ecosistemas alterados predominan en muchos lugares del mundo, es fundamental estudiar estos nuevos ambientes en los que la evolución de los microorganismos continúa con nuevos mecanismos para su sobrevivencia bajo nuevas presiones de selección (natural) (Boetius, 2019).

Diversas organizaciones e instituciones a nivel internacional están proponiendo nuevos marcos de trabajo para el cumplimiento de los objetivos de la Agenda 2030. No sólo en lo general, sino en acciones que comprometan a los países a dar pasos certeros para avanzar en la construcción de un planeta sustentable. La Convención sobre Biodiversidad de las Naciones Unidas ha puesto a disposición el nuevo marco global de biodiversidad con propuestas más atrevidas para asegurar la conservación de al menos el 30% de los territorios marinos y terrestres a nivel mundial; el control, la prevención y la

reducción de especies invasoras; la reducción del uso de pesticidas químicos; la eliminación de los desechos plásticos; y la utilización del enfoque ecosistémico para contribuir a la mitigación y a la adaptación del cambio climático, entre otras propuestas (Convention on Biological Diversity [CBD], 2021). La recuperación de los ecosistemas naturales alterados por las actividades antrópicas con un programa de restauración extensivo contribuirá a la conservación de la biodiversidad y a la estabilidad del clima del planeta (Strassburg *et al.*, 2020), con una fuerte reducción en el uso de combustibles fósiles y estimulando por otros medios la eficiencia energética (Foster *et al.*, 2020).¹⁰ Todas estas acciones repercutirán favorablemente en el control y la prevención de las enfermedades infecciosas emergentes, ya que el cambio climático, la pérdida de biodiversidad y las pandemias se encuentran estrechamente interconectados. Mención especial merece el problema de la contaminación como consecuencia del uso indiscriminado de plásticos durante esta pandemia y las graves consecuencias que ocasiona no sólo en los ecosistemas, sino también en la salud humana (Adyel, 2020) (véase Chávez-Ortiz y Morón-Cruz, 2023; capítulo 11 en este libro).

En esta etapa post-COVID-19 se requieren cambios importantes, que van desde establecer nuevas estrategias que beneficien la conservación de la biodiversidad y protejan la salud humana mediante el rediseño de redes de comercio y cadenas de suministro con opciones de consumo sustentable (Pearson *et al.*, 2020), hasta un cambio global de la economía para una nueva era de bienestar y prosperidad con

una inversión que acelere la transformación sustentable e inclusiva, y con un desarrollo y crecimiento económico resiliente no únicamente para evitar las peores consecuencias potenciales del cambio climático, la pérdida de biodiversidad y la degradación ambiental, sino también para crear oportunidades

¹⁰ Ante esta situación inédita, se ha proyectado una recuperación económica con base en estrategias de cambios en el consumo de energía y en las emisiones de CO₂ (Shan *et al.*, 2021).

significativas de empleo que mejore la vida de las personas en el mundo (Stern *et al.*, 2021: 2).

Una política global de prevención de enfermedades es social y económicamente más rentable y menos costosa que enfrentar las pandemias una vez que ya aparecen.

Detener la deforestación de las selvas y bosques, particularmente en regiones tropicales, implementar el manejo sustentable de la fauna silvestre, contar con programas para la detección temprana y el control de las enfermedades zoonóticas, reducir el contagio y la propagación de las enfermedades, elaborar programas de educación ambiental y realizar investigaciones acerca de virus zoonóticos potenciales desconocidos son algunas de las medidas que se deberán de implementar de forma integral y global para contender con futuras pandemias (Dobson *et al.*, 2020) (véase Alvarez-Añorve *et al.*, 2023; capítulo 5 en este libro).

La pandemia de COVID-19 ha enfatizado la necesidad de fortalecer iniciativas encauzadas por diferentes sociedades científicas, organizaciones e instituciones internacionales en diferentes partes del mundo. *Una Salud* (*One Health*), *EcoSalud* (*EcoHealth*), *GeoSalud* (*GeoHealth*) y *Salud Planetaria* (*Planetary Health*), entre otras, muestran la necesidad de aproximaciones integrales en la solución de los problemas globales que enfrenta la humanidad (Pongsiri *et al.*, 2019; Myers y Frumkin, 2020; Food and Agriculture Organization of the United Nations [FAO], United Nations Environment Programme [UNEP], the World Health Organization [WHO] y World Organization for Animal Health [WOAH], 2022; The One Earth Editorial Team, 2022) (véase Suzán-Azpiri *et al.*, 2023 y Sánchez-Cordero *et al.*, 2023; capítulos 2 y 6 en este libro, respectivamente).

Cultivar una nueva relación entre la humanidad y nuestros sistemas naturales requiere en última instancia de un cambio de comportamiento colectivo que minimice nuestras demandas sobre los recursos ambientales, y esto dependerá de una epifanía de comportamiento social: un ambiente sano es el fundamento

para la salud humana, el desarrollo sustentable y para el futuro que a todos nos gustaría ver (Almada *et al.*, 2017: 77).

Los autores de este libro contribuyen con sus reflexiones, desde sus ámbitos de experiencia, a esta necesidad global de transformar el planeta para mejorar la salud de la humanidad para su sobrevivencia.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Adyel, Tanveer M. (2020). "Accumulation of plastic waste during COVID-19". *Science* 369 (6509): 10.1126/science.abd9925.
- Almada, Amalia A., Christopher D. Golden, Steven A. Osofsky, y Samuel S. Myers (2017). "A case for Planetary Health/GeoHealth". *GeoHealth* 1: 75-78.
- Allen, Toph, Kris A. Murray, Carlos Zambrana-Torrel, Stephen S. Morse, Carlo Rondinini, Moreno Di Marco, Nathan Breit, Kevin J. Olival, y Peter Daszak (2017). "Global hotspots and correlates of emerging zoonotic diseases". *Nature Communications* 8: 1124.
- Alvarez-Añorve, Mariana Yólotl., Luis Daniel Avila-Cabadilla, Daniel Sokani Sánchez-Montes, Pablo Colunga-Salas, Sandra Álvarez-Betancourt, y Julieta Benítez-Malvido (2023). "Paisajes antrópicos de México y zoonosis: hacia la construcción de paisajes sostenibles y saludables". En K. Oyama y F. García-Oliva (Coords.), México: "Ecología, medio ambiente y sustentabilidad" (pp. 151-182). UNAM.
- 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): 1-15. vex012.
- Arroyo-Quiroz, Inés (2023). "Responsabilidad de México como agente activo en el comercio de animales silvestres para mascotas". En K. Oyama y F.

- García-Oliva (Coords.), México: "Ecología, medio ambiente y sustentabilidad" (pp. 245-275). UNAM.
- Baker, Rachel E., Wenchang Yang, Gabriel A. Vecchi, C. Jessica E. Metcalf, y Bryan T. Grenfell (2020). "Susceptible supply limits the role of climate in the early SARS-COV-2 pandemic". *Science* 369: 315-319.
- Baker, Rachel E., Ayesha S. Mahmud, Ian F. Miller, Malavika Rajaeve, Fidi-soa Rasambainarivo, Benjamin L. Rice, Saki Takahashi, Andrew J. Tatem, Caroline E. Wagner, Lin-Fa Wang, Amy Wesolowski, y C. Jessica E. Metcalf (2022). "Infectious disease in an era of global change". *Nature Reviews Microbiology* 20: 193-205.
- Benton, Mary Lauren, Abin Abraham, Abigail L. LaBella, Patrick Abbot, Antonis Rokas, y John A. Capra (2021). "The influence of evolutionary history on human health and disease". *Nature Review Genetics* 22: 269-283.
- Blois, Jessica L., Phoebe L. Zarnetske, Matthew C. Fitzpatrick, y Seth Finnegan (2013). "Climate change and the past, present, and future of biotic interactions". *Science* 341: 499-504.
- Boetius, Antje (2019). "Global change microbiology – big questions about small life for our future". *Nature Review Microbiology* 17: 331-332.
- Brancalion, Pedro H. S., Eben N. Broadbent, Sergio de-Miguel, Adrián Cardil, Marcos R. Rosa, Catherine T. Almeida, Danilo R. A. Almeida, Shourish Chakravarty, Mo Zhou, Javier G. P. Gamarra, Jingjing Liang, Renato Crouzeilles, Bruno Hérault, Luiz E. O. C. Aragao, Carlos Alberto Silva, y Angélica M. Almeyda-Zambrano (2020). "Emerging threats linking tropical deforestation and the COVID-19 pandemic". *Perspectives in Ecology and Conservation* 18: 243-246.
- Campillo-Balderas, José A. (2023). "Evolución zoonótica: la compleja interacción entre los virus, el ser humano y su ambiente". En K. Oyama y F. García-Oliva (Coords.), México: "Ecología, medio ambiente y sustentabilidad" (pp. 101-149). UNAM.
- Cariou, Marie, Léa Picard, Laurent Guéguen, Stéphanie Jacquet, Andrea Cimarrelli, Oliver I. Fregoso, Antoine Molaro, Vincent Navratil, y Lucie Etienne (2022). "Distinct evolutionary trajectories of SARS-COV-2-interacting pro-

- teins in bats and primates identify important host determinants of COVID-19. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 119 (35): e2206610119.
- 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.
- Conceicao, Carina, Nazia Thakur, Stacey Human, James T. Kelly, Leanne Logan, Dagmara Bialy, Sushant Bhat, Phoebe Stevenson-Leggett, Adrian K. Zagrajek, Philipa Hollinghurst, Michal Varga, Christina Tsirigoti, Matthew Tully, Chris Chiu, Katy Moffat, Adrian Paul Silesian, John A. Hammond, Helena J. Maier, Erica Bickerton, Holly Shelton, Isabelle Dietrich. Stephen C. Graham, y Dalan Bailey (2021). "The SARS-COV-2 spike protein has a broad tropism for mammalian ACE2 proteins". *PLoS Biology* 18 (12): e3001016.
- Convention on Biological Diversity [CBD] (2021). A new global framework for managing nature through 2030: first detailed draft agreement debuts. (en línea). <<https://cbd.int>> (consulta 6 de julio de 2021).
- Crutzen, Paul J. (2002). "Geology of mankind". *Nature* 415: 23.
- Chávez-Ortiz, Pamela, y José A. Morón-Cruz (2023). "Efectos de la pandemia por COVID-19 en la contaminación ambiental". En K. Oyama y F. García-Oliva (Coords.), México: "Ecología, medio ambiente y sustentabilidad" (pp. 343-365). UNAM.
- Daszak, Peter, Andrew A. Cunningham, y Alex D. Hyatt (2000). "Emerging infectious diseases of wildlife threats to biodiversity and human health". *Science* 287: 443-449.
- Dicken, Samuel J., Matthew J. Murray, Lucy G. Thorne, Ann-Kathrin Reuschl, Calum Forrest, Maaroothen Ganeshalingham, Luke Muir, Mphasto D. Kalemera, Machaela Palor, Laura E. McCoy, Clare Jolly, Greg J. Towers, Matthew B. Reeves, y Joe Grove (2021). "Characterization of B.1.1.7 and pangolin coronavirus spike provide insights on the evolutionary trajectory of SARS-COV-2". *bioRxiv*. <https://doi.org/10.1101/2021.03.22.436468>.

- Dobson, Andrew P., Stuart L. Pimm, Lee Hannah, Les Kaufman, Jorge A. Ahumada, Amy W. Ando, Aaron Bernstein, Jonah Busch, Peter Daszak, Jens Engelmann, Margaret F. Kinnaird, Binbin V. Li, Ted Loch-Temzelides, Thomas Lovejoy, Katarzyna Nowak, Patrick R. Roehrdanz, y Mariana M. Vale (2020). "Ecology and economy for pandemic prevention". *Science* 369 (6502): 379-381.
- Ellinghaus, David *et al.* [+ 146 autores del The Severe COVID-19 GWAS Group] (2020). "Genomewide association study of severe COVID-19 with respiratory failure". *The New England Journal of Medicine* 383: 1522-1534.
- Food and Agriculture Organization of the United Nations [FAO], United Nations Environment Programme [UNEP], the World Health Organization [WHO] y World Organization for Animal Health [WOAH] (2022). *One Health Joint Plan of Action. Working together for the health of humans, animals, plants and environment* Rome. <http://doi.org/10.4060/cc2289en>.
- Foster, Piers M., Harriet I. Forster, Mat J. Evans, Matthew J. Gidden, Chris D. Jones, Christoph A. Keller, Robin D. Lamboll, Corinne Le Quéré, Joeri Rogelj, Deborah Rosen, Carl-Friedrich Schleussner, Thomas B. Richardson, Christopher J. Smith, y Steven T. Turnock (2020). "Current and future global climate impacts resulting from COVID-19". *Nature Climate Change* 10: 913-919.
- García-Oliva, Felipe (2023). "Estado global de la degradación de los ecosistemas en la década de la pandemia de COVID-19". En K. Oyama y F. García-Oliva (Coords.), México: "Ecología, medio ambiente y sustentabilidad" (pp. 83-100). UNAM.
- Ghilardi, Adrián, Mauricio Quesada, Christopher R. Stephens, Alejandro Salinas-Medina, Gabriel E. García-Peña, José Luis Gordillo, Romel Calero, Pedro Romero-Martínez, Constantino González-Salazar, Ilse Ruiz-Mercado, Antonio Navarrete, Emily Sturdivant, y Roberto Velasco-Segura (2023). "El papel de las plataformas geoespaciales de monitoreo epidemiológico en la mitigación de las pandemias". En K. Oyama y F. García-Oliva (Coords.), México: "Ecología, medio ambiente y sustentabilidad" (pp. 313-342). UNAM.

- Gorbalenya, Alexander E., Susan C. Baker, Ralph S. Baric, Raoul J. de Groot, Christian Drosten, Anastasia A. Gylvaeva, Bart L. Haagmans, Chris Lauber, Andrey M. Leontovich, Benjamin W. Neuman, Dmitry Penzar, Stanley Perlman, Leo L. M. Poon, Dmitry Samborskiy, Igor A. Sidorov, Isabela Sola, y John Ziebuhr (2020). “Severe acute respiratory syndrome-related coronavirus – the species and its viruses, a statement of the Coronavirus Study Group”. Preprint at *bioRxiv*. <https://doi.org/10.1101/2020.02.07.93786>
- Groch, Kátia R., Elitieri B. Santos-Neto, Josué Díaz-Delgado, Joana M.P. Ikeda, Rafael R. Carvalho, Raissa B. Oliveira, Emi B. Guari, Tatiana L. Bisi, Alexandre F. Azevedo, José Lailson-Brito, y José L. Catao-Dias (2018). “Guiana dolphin unusual mortality event and link to cetacean morbillivirus, Brazil”. *Emerging Infection Diseases* 24: 1349-1354.
- Harvell, Catherine D., Diego Montecino-Latorre, Jean M. Caldwell, Jenn M. Burt, Keith Bosley, Aimee Keller, Scott F. Heron, Anne K. Salomon, Laurence Lee, Ondine Pontier, Christy Patteggill-Semmens, y Joseph K. Gaydos (2019). “Disease epidemic and a marine heat wave are associated with the continental-scale collapse of a pivotal predator (*Pycnopodia helianthoides*)”. *Science Advances* 5: eaau7042.
- Hodges, Kip, y Jeremy Jackson (2020). “Pandemics and the global environment”. *Science Advances* 6: eabd1325.
- Holt, Christian, Miguel B. Araujo, Walter Jetz, y Carsten Rahbeck (2011). “Additive threats from pathogens, climate and land-use change for global amphibian diversity”. *Nature* 480: 516-519.
- Intergovernmental Platform on Biodiversity and Ecosystem Services [IPBES] (2020). Workshop Report on Biodiversity and Pandemics of the Intergovernmental Platform on Biodiversity and Ecosystem Services [en línea]. IPBES secretariat, Bonn, Germany. Disponible en <http://ipbes.net/pandemics> (consulta: 30 de octubre de 2022).
- Irving, Aaron T., Matae Ahn, Geraldine Goh, Danielle E. Anderson, y Lin-Fa Wang (2021). “Lessons from the host defenses of bats, a unique viral reservoir”. *Nature* 589: 363-370.

- Jones, Bryony A., Delia Grace, Richard Kock, Silvia Alonso, Jonathan Rush-ton, Mohammed Y. Said, Declan McKeever, Florence Mutua, Jarrah Young, John Mcdermott, y Dirk Udo Pfeiffer (2013). “Zoonosis emergence linked to agricultural intensification and environmental change”. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 110 (21): 8399-8404.
- Johnson, Pieter T. J., Jacobus C. de Roode, y Andy Fenton (2015). “Why infectious disease research needs community ecology”. *Science* 349 (6252): 1259504
- Jones, Kate E., Nikkita G. Patel, Marc A. Levy, Adam Storeygard, Deborah Balk, John L. Gittleman, y Peter Daszak (2008). “Global trends in emerging infectious diseases”. *Nature* 451: 990-994.
- Jordano, Pedro (2016). “Sampling networks of ecological interactions”. *Functional Ecology* 30: 1883-1893.
- Jungreis, Irwin, Rachel Sealfon, y Manolis Kellis (2021). “SARS-COV-2 gene content and COVID-19 mutation impact by comparing 44 *Sarbecovirus* genomes”. *Nature Communications* 12: 2642.
- Kaneko, Yayoi, Christina D. Buesching, y Chris Newman (2017). “Unjustified killing of badgers in Kyushu”. *Nature* 544: 161.
- Kousathansa, Athanasios, *et al.* (+ 50 autores y consorcios de investigación) (2022). “Whole-genome sequencing reveals host factors underlying critical COVID-19”. *Nature* 607: 97-103.
- Kovács-Hostyánszki, Anikó, Anahí Espíndola, Adam J. Vanbergen, Josef Settele, Claire Kremen, y Lynn V. Dicks (2017). “Ecological intensification to mitigate impacts of conventional intensive land use on pollinators and pollination”. *Ecology Letters* 20: 673-689.
- Ksiazek, Thomas G., Dear Erdman, Cynthia S. Goldsmith, Sherif R. Zaki, Teresa Peret, Shannon Emery, Suxiang Tong, Carlo Urbani, James A. Comer, Wilina Lim, Pierre E. Rollin, Scott F. Dowell, *et al.*, y the SARS Working Group (2003). “A novel coronavirus associated with severe acute respiratory syndrome”. *The New England Journal of Medicine* 348: 1953-1966.

- Lehman, Paul, Silke Beck, Mariana Madruga de Brito, Erik Gawel, Matthias Groß, Annegret Haase, Robert Lepenies, Danny Otto, Johannes Schiller, Sebastian Struntz, y Daniela Thrän (2021). “Environmental sustainability post-COVID-19: Scrutinizing popular hypotheses from a social science perspective”. *Sustainability* 13: 8679.
- Lemey, Philippe, Samuel L. Hong, Verity Hill, Guy Baele, Chiara Poletto, Vittoria Colizza, Áine O’Toole, John T. McCrone, Kristian G. Andersen, Michael Worobey, Martha I. Nelson, Andrew Rambaut, y Marc A. Suchard (2020). “Accommodating individual travel history and unsampled diversity in Bayesian phylogeographic inference of SARS-COV-2”. *Nature Communications* 11: 5110.
- Lewis, Simon L., y Mark A. Maslin (2015). “Defining the Anthropocene”. *Nature* 519: 171-180.
- Li, Wendong, Zhengli Shi, Meng Yu, Wuze Ren, Craig Smith, Jonathan H. Epstein, Hanzhong Wang, Gary Crameri, Zhihng Hu, Huajun Zhang, Jianhong Zhang, Jennifer McEachern, Hume Field, Peter Daszak, Bryan T. Eaton, Shuyi Zhang, y Lin-Fa Wang (2005). “Bats are natural reservoirs of SARS-like coronavirus”. *Science* 310: 676-679.
- Li, Xiaojun, Elena E. Giorgi, Manukumar Honnayakanahalli Marichannegowda, Brian Foley, Chuan Xiao, Xiang-Peng Kong, Yue Chen, S. Gnana-karan, Bette Korber, y Feng Gao (2020). “Emergence of SARS-COV-2 through recombination and strong purifying selection”. *Science Advances* 6: eabb9153.
- Lytras, Spyros, Wei Xia, Joseph Hughes, Xiaowei Jiang, y David L. Robertson (2021). “The animal origin of SARS-COV-2”. *Science* 373 (6558): 968-970.
- MacFarlane, Douglas, y Ricardo Rocha (2020). “Guidelines for communicating about bats to prevent persecution in the time of COVID-19”. *Biological Conservation* 248: 108650.
- Maire, Juliette, Aimen Sattar, Roslyn Henry, Frances Warren, Magnus Merkle, Mark Rounsevell, y Peter Alexander (2022). “How different COVID-19 recovery paths affect human health, environmental sustainability, and food affordability: A modelling study”. *Lancet Planet Health* 6: e565-76.

- Medellín, Rodrigo A. (2023). "Nuestros aliados alados: origen y diversidad de los murciélagos y los servicios ecosistémicos que nos proporcionan". En K. Oyama y F. García-Oliva (Coords.), México: "Ecología, medio ambiente y sustentabilidad" (pp. 211-243). UNAM.
- Mehrabi, Zia (2020). "Food system collapse". *Nature Climate Change* 10 (1): 16-17.
- Metcalf, C. Jessica E., Dylan H. Morris, y Sang Woo Park (2020). "Mathematical models to guide pandemic response". *Science* 369 (6502): 368-369.
- Montecino-Latorre, Diego, Constanza Napolitano, Cristóbal Briceño, y Marcela M. Uhart (2020). "Sarcoptic mange: an emerging threat to Chilean wild mammals?" *Perspectives in Ecology and Evolution* 18: 267-276.
- Morales, Nelly, Dennis Aldridge, Andrea Bahamonde, Julio Cerda, Claudio Araya, Rodrigo Muñoz, María Esther Saldías, Claudio Lecocq, Marcela Fresno, Pedro Abalos, y Patricio Retamal (2017). "*Corynebacterium pseudotuberculosis* infection in Patagonian huemul (*Hippocamelus bisulcus*)". *Journal of Wildlife Diseases* 53 (3): 621-624.
- Mouafo, Alain D. T., Daniel J. Ingram, Valery A. Binda, Itoe Constantine N. Ngwayi, y Theodore B. Mayaka (2022). "Not just an issue in forested regions: investigating the consumption and trade of pangolins in a forest-savannah mosaic area of Cameroon". *Tropical Conservation Science* 15: 1-13.
- Muñoz-Fontella, César, *et al.* (+62 autores) (2020). "Animal models for COVID-19". *Nature* 586: 509-515.
- Myers, Samuel, y Howard Frumkin (coords.) (2020). *Planetary Health. Protecting Nature to Protect Ourselves*. Washington D.C.: Island Press.
- Obermeyer, Fritz, Martin Jankowiak, Nikolaos Barkas, Stephen F. Schaffner, Jesse D. Pyle, Leonid Yurkovetskiy, Matteo Bosso, Daniel J. Park, Mehrtash Babadi, Bronwyn L. MacInnis, Jeremy Luban, Pardis C. Sabeti, y Jacob E. Lemieux (2022). "Analysis of 6.4 million SARS-COV-2 genomes identifies mutations associated with fitness". *Science* 10.1126/science.abm1208.

- Pearson, Ryan M., Michael Sievers, Eva C. McClure, Mischa P. Turshwell, y Rod M. Connolly (2020). "COVID-19 recovery can benefit biodiversity". *Science* 368 (6493): 10.1126/science.abc1430.
- Pim, Stuart L., Clinton N. Jenkins, R. Abel, Thomas M. Brooks, John L. Gittleman, Lucas N. Joppa, Peter H. Raven, Callum M. Roberts, y Joe O. Sexton (2014). "The biodiversity of species and their rates of extinction, distribution, and protection". *Science* 344 (6187): 10.1126/scienc.1246752.
- Pongsiri, Montira J., Sam Bickersteth, Cristina Colón, Ryth DeFries, Mandeep Dhaliwal, Lucien Georgeson, Andrew Haines, Natalia Linou, Virginia Murray, Shahid Naeem, Roy Small, y Judit Ungvari (2019). "Planetary health: from concept to decisive action". *The Lancet Planetary Health* 3: e402-e404.
- Potts, Simon G., Jacobus C. Biesmeijer, Claire Kremen, Peter Neumann, Oliver Schweiger, y William E. Kunin (2010). "Global pollinator declines: trends, impacts and drivers". *Trends in Ecology & Evolution* 25 (6): 345-353.
- Pybus, Oliver G., y Andrew Rambaut (2009). "Evolutionary analysis of the dynamics of viral infectious disease". *Nature Reviews Genetics* 10: 10.1038/nrg2583.
- Remolina-Figueroa, Daniela, David A. Prieto-Torres, Wesley Dáttilo, Ernesto Salgado-Díaz, Laura E. Nuñez-Rosas, Claudia Rodríguez-Flores, Adolfo G. Navarro-Sigüenza, y María del Coro Arizmendi (2022). "Together forever? Hummingbird-plant relationships in the face of climate warming". *Climatic Change* 175: 2.
- Ricketts Taylor H. *et al.* [+ 30 autores] (2005). "Pinpointing and preventing imminent extinctions". *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 102 (51): 18497-18501.
- Roossinck, Marilyn J. (2011). "The good viruses: viral mutualistic symbiosis". *Nature Reviews Microbiology* 9: 99-108.
- Rosenbloom, Daniel, y Jochen Markard (2021). "A COVID-19 recovery for climate". *Science* 368: 447.
- Ruiz-Aravena, Manuel, Clifton McKee, Amandine Gamble, Tamika Lunn, Aaron Morris, Celine E. Snedden, Claude Kwe Yinda, Julia R. Port, David W. Buchholz, Yao Yu Yeo, Christina Faust, Elinor Jax, Lauren Dee, Devin

- N. Jones, Maureen K. Kessler, Caylee Falvo, Daniel Crowley, Nita Bharti, Cara E. Brook, Hector C. Aguilar, Alison J. Peel, Oliver Restif, Tony Schountz, Colin R. Parrish, Emily S. Gurley, James O. Lloyd-Smith, Peter J. Hudson, Vincent J. Munster, y Raina K. Plowright (2021). "Ecology, evolution and spillover of coronavirus from bats". *Nature Reviews Microbiology* 20: 299-314.
- Sachs, D. Jeffrey, *et al.* [+ 39 autores del Lancet COVID-19 Commission] (2022). "The Lancet Commission on lessons for the future from the COVID-19 pandemic". *Lancet* 400: 1224-1280.
- Sánchez-Cordero, Víctor, Francisco Botello, Saúl Castañeda, y Jacqueline Sarmiento (2023). "Zoonosis de importancia en salud pública en México: un enfoque integral". En K. Oyama y F. García-Oliva (Coords.), México: "Ecología, medio ambiente y sustentabilidad" (pp. 163-190). UNAM.
- Sánchez-Larios, Hérica (2023). "Modelos epidemiológicos y COVID-19". En K. Oyama y F. García-Oliva (Coords.), México: "Ecología, medio ambiente y sustentabilidad" (pp. 257-291). UNAM.
- Senapathi, Deepa, Jacobus C. Biesmeijer, Thomas D. Breeze, David Kleijn, Simon G. Potts, y Luisa G. Carvalheiro (2015). "Pollinator conservation – the difference between managing for pollination services and preserving pollinator diversity". *Current Opinion in Insect Science* 12: 93-101.
- Shan, Yuli, Jiamin Ou, Daoping Wang, Zhao Zeng, Shaohui Zhang, Dabo Guan, y Klaus Hubacek (2021). "Impacts of COVID-19 and fiscal stimuli on global emissions and the Paris Agreement". *Nature Climate Change* 11: 200-206.
- Singh, Dhiraj K. *et al.* [+ 61 autores] (2021). "Responses to acute infection with SARS-COV-2 in the lungs of rhesus macaques, baboons and marmosets". *Nature Microbiology* 6: 73-86.
- Sloat, Lindsey L., Steven J. Davis, James S. Gerber, Frances C. Moore, Deepak K. Ray, Pail C. West, y Nathaniel D. Mueller (2020). "Climate adaptation by crop migration". *Nature Communications* 11: 1243.
- Stearns, Stephen C., y Jacob C. Koella (eds.) (2008). *Evolution in health and disease*. UK: Oxford University Press.

- Stern, Nicholas, Imraan G. Patel, y Bob Ward (2021). "COVID-19, climate change, and the environment: a sustainable inclusive, and resilient global recovery". *British Medical Journal* [BMJ]375: n2405.
- Steffen, Will, Åsa Persson, Lisa Deutsch, Jan Zalasiewicz, Mark Williams, Katherine Richardson, Carole Crumley, Paul Crutzen, Carl Folke, Line Gordon, Mario Molina, Veerabhadran Ramanathan, Johan Rockström, Marten Scheffer, Hans Joachim Schellnhuber, y Uno Svedin (2011). "The Anthropocene: from global change to planetary stewardship". *Ambio* 40: 739-761.
- Strassburg, Bernardo B. N. *et al.* [+ 26 autores] (2020). "Global priority areas for ecosystem restoration". *Nature* 586: 724-729.
- Subramanian, Meera (2019). "Humans versus Earth". *Nature* 572: 168-170.
- Suzán, Gerardo, Erika Marcé Santa, Oscar Rico-Chávez, y Rafael Ojeda-Flores (2023). Reflexiones de la pandemia de COVID-19 desde la ecología y *Una Salud*. En K. Oyama y F. García-Oliva (Coords.), México: "Ecología, medio ambiente y sustentabilidad" (pp. 61-82). UNAM.
- Tarakini, Gugulethu, Tongayi Mwedzi, Tatenda Manyuchi, y Tawanda Tarakani (2021). "The role of media during COVID-19 global outbreak: a conservation perspective". *Tropical Conservation Science* 14: 1-13.
- The COVID-19 Host Genetics Initiative (2020). "The COVID-19 Host Genetics Initiative, a global initiative to elucidate the role of host genetic factors in susceptibility and severity of the SARS-COV-2 virus pandemic". *European Journal of Human Genetics* 28: 715-718.
- The One Earth Editorial Team (2022). "Pathways to planetary health". *One Earth* 5 (4): 305-306.
- Tompkins, Daniel M., Scott Carver, Menna E. Jones, Martin Krkosek, y Lee F. Skerratt (2015). "Emerging infectious diseases of wildlife: a critical perspective". *Trends in Parasitology* 31 (4): 149-159.
- United Nations Secretary General (2021). Progress towards the Sustainable Development Goals: report of the secretary-general. [en línea] <https://ustats.un.org/sdgs/files/2021/secretary-general-sdg-report-2021--EN.pdf>

- Walker, Patrick G. T. *et al.* [+ 48 autores] (2020). “The impact of COVID-19 and strategies for mitigation and suppression in low- and middle-income countries”. *Science* 369 (6502): 413-422.
- Wang, Haidong, *et al.* [+ 95 autores] (2022). “Estimating excess mortality due to the COVID-19 pandemic: A systematic analysis of COVID-19-related mortality, 2020-21”. *The Lancet* 399 (10334): 1513-1536.
- Wang, Hongxin, Junlin Shao, Xi Luo, Ziang Chuai, Shengyue Xu, Mingxia Geng, y Zhouyi Gao (2020). “Wildlife consumption ban is insufficient”. *Science* 367 (6485): 10.1126/science.abb6463.
- Wang, Lin-Fa, y Danielle E. Anderson (2019). “Viruses in bats and potential spillover to animals and humans”. *Current Opinion in Virology* 34: 79-89.
- World Health Organization [WHO] (2020). WHO Director-General’s remarks at the media briefing on 2019-nCov on 11 February 2020. <https://www.who.int/dg/speeches/detail/who-director-general-s-remarks-at-the-media-briefing-on-2019-ncov-on-11-february-2020>(WHO, 11 February 2020).
- Wu, Fan *et al.* [+ 18 autores] (2020). “A new coronavirus associated with human respiratory disease in China”. *Nature* 579: 265-278.
- Xia, Wei, Joseph Hughes, David L. Robertson, y Xiaowei Jiang (2021). “How one pandemic led to another: ASFV, the disruption contributing to SARS-cov-2 emergence in Wuhan”. Preprints 2021020590 (doi: 10.20944/preprints202102.0590.v1).
- Xiao, Kangpeng, Junqiong Zhai, Yaoyu Feng, Niu Zhou, Xu Zhang, Jie-Jian Zou, Na Li, Yaqiong Guo, Xiaobing Li, Xuejuan Shen, Zhipeng Zhang, Fanfan Shu, Wanyi Huang, Yu Li, Ziding Zhang, Rui-Ai Chen, Ya-Jiang Wu, Shi-Ming Peng, Mian Huang, Wei-Jun Xie, Qin-Hui Cai, Fang-Hui Hou, Wu Chen, Lihua Xiao, y Yongyi Shen (2020). “Isolation of SARS-COV-2 related coronavirus from Malayan pangolins”. *Nature* 583: 286-289.
- Xiao, Xiao, Chris Newman, Christina D. Buesching, David W. Macdonald, y Zhao-Min Zhou (2021). “Animal sales from Wuhan wet markets immediately prior to the COVID-19 pandemic”. *Scientific Reports* 11: 11898.
- Zeberg, Hugo, y Svante Pääbo (2020). “The major genetic risk factor for severe COVID-19 is inherited from Neanderthals”. *Nature* 587: 610-612.

- Zhang, Shuyuan, Shuyuan Qiao, Jinfang Yu, Jianwei Zeng, Sisi Shan, Long Tian, Jun Lan, Linqi Zhang, y Xinquan Wang (2021). “Bat and pangolin coronavirus spike glycoprotein structures provide insights into SARS-COV-2 evolution”. *Nature Communications* 12: 1607.
- Zhou, Zhao-Min, Rebecca N. Johnson, Chris Newman, Christina D. Buesching, David W. Macdonald, y Youbing Zhou (2015). “Private possession drives illegal wildlife trade in China”. *Frontiers in Ecology and the Environment* 13 (7): 353-354.

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 cov, 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 disciplinarios 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 (PM_{2.5} 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.

Estado global de la degradación de los ecosistemas en la década de la pandemia de COVID-19

3

Felipe García-Oliva

Instituto de Investigaciones en Ecosistemas y Sustentabilidad, UNAM

INTRODUCCIÓN

La pandemia global de COVID-19 representa una de las experiencias más traumáticas para varias generaciones en México. Si bien es cierto que la humanidad ha vivido diferentes pandemias, la que hemos experimentado nos tomó por sorpresa porque no nos imaginamos que se presentara una de estas dimensiones, tanto espaciales como temporales, a pesar de contar con todas las herramientas de salud para prevenir enfermedades. Esta pandemia se presenta en una de las mayores crisis ambientales que ha vivido la humanidad (Intergovernmental Science-Policy Platform on Biodiversity and Ecosystem Services [IPBES], 2018), aunque no es del todo claro que exista una relación directa entre el nivel de degradación de los ecosistemas y la magnitud de una pandemia. Esta posible relación debe analizarse más detenidamente y será necesario realizar estudios más profundos para entender si existe. El presente capítulo hace una descripción de los trabajos recientes que han tratado de estimar y cuantificar los niveles de degradación global de los ecosistemas, entendiéndolo como el contexto ambiental en el que se dio la pandemia COVID-19, y presenta una hipótesis de la posible relación de causa y efecto entre ambos fenómenos.

MEDICIONES DE LA DEGRADACIÓN GLOBAL DE LOS ECOSISTEMAS

Los efectos del manejo antrópico en los ecosistemas han sido tan profundos que se ha propuesto una nueva época geológica conocida como el Antropoceno (Crutzen y Stoermer, 2000; Ellis *et al.*, 2010; Waters *et al.*, 2016). Sin embargo, existen varias definiciones de la “degradación de los ecosistemas”, dependiendo de los tipos de afectación y los métodos utilizados para evaluarla (Tabla 1). Recientemente se publicaron tres reportes que analizan la degradación de los ecosistemas a nivel mundial y que son documentos importantes de consulta: Millennium Ecosystem Assessment (2005), el reporte *Degradación de la Tierra y su Restauración* (IPBES, 2018) y el reporte especial de *Cambio Climático y Tierra* del Panel Intergubernamental del Cambio Climático (IPCC, por sus siglas en inglés) (2019). Para evitar confusiones, nos basaremos en la definición propuesta en el reporte de la Plataforma Intergubernamental Científico-Normativa sobre la Biodiversidad y los Servicios de los Ecosistemas (2018): “la degradación de los ecosistemas es la reducción a largo plazo de la capacidad que éstos tienen para ofrecer servicios ecosistémicos”. Estos últimos se definen como los beneficios que recibe la población humana de los ecosistemas, los cuales se han clasificado en cuatro tipos (Millennium Ecosystem Assessment, 2005):

1. Los servicios de soporte son aquellos que sustentan al resto de los servicios ecosistémicos, como la productividad primaria y secundaria de los ecosistemas y la biodiversidad;
2. los servicios de aprovisionamiento son los productos que un ecosistema produce, como alimentos (de origen vegetal o animal), fibras (madera y textiles) y productos medicinales y cosméticos;
3. los servicios de regulación son los que contribuyen a mantener procesos, como el secuestro de carbono, la regulación del clima, la purificación del agua y el aire, y el mantenimiento de la fertilidad de los suelos; y

Tabla 1
Procesos de degradación de los ecosistemas (IPBES, 2018).

1	Erosión de suelos hídrica y eólica.
2	Pérdida de la fertilidad de los suelos (acidificación, salinización, alcalinización, inundación, reducción de materia orgánica del suelo).
3	Contaminación (atmósfera, suelos y agua).
4	Cambios en el régimen hidrológico (agua superficial y agua subterránea).
5	Deforestación y cambio de cobertura vegetal.
6	Incendios.
7	Impactos del cambio climático global.
8	Pérdida de la biodiversidad.

4. los servicios culturales que son aquellos que están relacionados con aspectos espirituales y estéticos, como paisajes o lugares con un significado religioso.

La clasificación de los servicios de los ecosistemas se formaliza con la Evaluación de los Ecosistemas del Milenio (Millennium Ecosystem Assessment, 2005), que es un reporte sobre la síntesis del estado de los ecosistemas del planeta Tierra con el objetivo de evaluar la situación de la degradación global de los ecosistemas y definir directrices para la toma de decisiones por diferentes sectores de la sociedad.

En las tres últimas décadas, gracias al uso de herramientas como los sensores remotos e imágenes de satélite, se han podido elaborar varias estimaciones de la degradación global de los ecosistemas. Oldeman *et al.* (1990) estimaron que la superficie degradada a nivel mundial fue de 1,216 millones de hectáreas, lo que representa el 22% de la superficie continental; mientras que la Food and Agriculture Organization (FAO, 2002) reporta una superficie global degradada de 6,140 millones de hectáreas, que representa el 66% de la superficie continental. A pesar de estas grandes diferencias, ambas estimaciones coinciden en que Asia y África son los continentes con una mayor superficie degradada. Otras estimaciones globales señalan que entre 10 y 60 millones

de km² se han degradado, lo que representa entre el 8% y 45% de la superficie continental libre de hielos (Gibbs y Salmon, 2015). Asimismo, Bai *et al.* (2015) estimaron que entre el 22% y 24% de la superficie continental libre de hielo tiene algún grado de degradación. Por último, Cherlet *et al.* (2018) estimaron que el 20% de la superficie continental tuvo reducciones en la productividad de la vegetación entre 1999 y 2014 al comparar imágenes de satélite. Estos datos sugieren que un 20% de los ecosistemas a nivel global tienen una menor producción de biomasa vegetal, la cual representa la base de múltiples actividades productivas como agricultura, ganadería y producción forestal. Como conclusión, las estimaciones más optimistas consideran que casi un cuarto de la superficie continental presenta algún grado de degradación.

Estimación de la degradación de procesos específicos

Erosión del suelo

El suelo es un componente fundamental de los ecosistemas terrestres porque ofrece muchos servicios ecosistémicos, como la producción de alimentos, el sostén de los bosques o la producción ganadera (Millenium Ecosystem Assessment, 2005). El suelo es muy vulnerable a la erosión y se considera un recurso no renovable porque su formación puede requerir siglos (Lal, 1998). Por ejemplo, la tasa media de erosión del suelo en campos agrícolas se ha estimado en 18 millones de gramos por hectárea y por año, lo cual es 380 veces mayor a la tasa de formación de suelo, calculada en 0.05 millones de gramos por hectárea y por año (Montgomery, 2007). Por su parte, Borrelli *et al.* (2017) han estimado que el 6.1% de la superficie continental presenta niveles muy severos de erosión (más de 10 mega gramos por hectárea y por año).

La erosión de los suelos conlleva otros procesos de degradación, como la reducción de la fertilidad de los suelos. Pierzynski *et al.* (2017) estimaron a escala mundial que, debido a la erosión, se pierden entre 23 y 42 megatoneladas de nitrógeno y entre 15 y 26 megatoneladas de fósforo del suelo al año. Estas pérdidas tienen como efectos directos una reducción de la produc-

ción de los alimentos. Considerando las tasas promedio actuales de erosión, se espera que la producción agrícola se reduzca en 10.3% para el año 2050, con lo que se perderán 150 millones de hectáreas dedicadas a la producción de granos (Foley *et al.*, 2011). En México se estima que el 53% de la superficie del país está afectada por la erosión hídrica y el 2.4% por la erosión eólica (Comisión Nacional Forestal-Universidad Autónoma de Chapingo [CONAFOR-UACH], 2013). Asimismo, el 1.6% de la superficie nacional (31,152 km²) tiene un grado extremo de erosión (CONAFOR-UACH, 2013), lo que indica que el problema de la degradación del suelo es un problema crítico en México.

Pérdida de la fertilidad del suelo

La pérdida de la fertilidad del suelo se debe a cambios químicos y biológicos producto de las actividades humanas. El pH del suelo es sumamente importante, ya que valores de pH extremos (ácidos o alcalinos) favorecen la reducción de la disponibilidad de los nutrientes en el suelo. Guo *et al.* (2010) reportaron un incremento de la acidez del suelo debido a altos niveles de fertilización con nitrógeno (N) (500 a 4,000 kilogramos de N por hectárea y por año). El incremento del pH del suelo afecta de manera similar a la disponibilidad de nutrientes. Squires y Glenn (2011) estimaron que los suelos en 60 millones de hectáreas a nivel mundial están afectados por el proceso de salinización, resultado principalmente de la producción agrícola con riego.

Contaminación

Las emisiones de gases con nitrógeno (N) y azufre (S) son consideradas como unas de las principales fuentes de contaminantes a escala mundial y están asociadas principalmente con las actividades agrícolas e industriales. Estos gases son de efecto invernadero y han tenido un claro impacto en el cambio climático global (IPCC, 2013). La entrada del nitrógeno atmosférico a los ecosiste-

mas terrestres a escala global ha excedido el valor umbral de $10 \text{ kg N ha}^{-1} \text{ año}^{-1}$, siendo un orden de magnitud mayor a las tasas naturales de deposición de nitrógeno (Bouwman *et al.*, 2002).

La contaminación de los suelos y el agua con nitrógeno es muy alta debido principalmente a su uso en la agricultura. La cantidad de nitrógeno en aguas superficiales debido a la producción global de granos se estima en 35 millones de toneladas por año, de las cuales el 70% proviene de fertilizantes utilizados en la agricultura (Mekonnen y Hoekstra, 2015). Por su parte, Evans *et al.* (2012) reportaron que el 50% de los ríos de Asia tienen altas concentraciones de contaminantes inorgánicos debido a la fertilización de los campos agrícolas. De igual manera, la mayoría de los lagos en Latinoamérica y África presentan altos niveles de nutrientes debido a la fertilización inorgánica utilizada en la agricultura. Por último, McDonald *et al.* (2016) estimaron que el 90% de las aguas superficiales de origen urbano presentan algún nivel de contaminación y reportaron que las aguas de origen urbano incrementaron su concentración de fósforo en 47% y de nitrógeno en 119% durante un periodo de 15 años (de 1990 a 2005). En México, el 31.8% de las cuencas presenta un alto grado de contaminación, principalmente debido al uso de los agroquímicos en las actividades agrícolas (CONAFOR-UACH, 2013).

Cambios en el régimen hidrológico

La degradación de los suelos es el principal factor que reduce la disponibilidad y la calidad del agua para el uso humano y la conservación de biodiversidad acuática (IPBES, 2018). El cambio de uso del suelo modifica la radiación que recibe directamente y, por tanto, incrementa su temperatura, reduciendo la humedad del suelo y el agua contenida en los mantos freáticos (Seneviratne *et al.*, 2010; Wang y Dickinson, 2013; IPCC, 2019).

El agua subterránea también ha sido muy afectada por la extracción por medio de pozos, principalmente para el uso urbano y la agricultura. Las reservas de agua subterránea se han reducido globalmente desde el año 1900, con una mayor tasa de reducción entre 2000 y 2008 (de 145 km^3 por año) (Koni-

kow, 2011). Esta situación es preocupante sobre todo en los ecosistemas áridos y semiáridos, debido a que la tasa de extracción de agua subterránea supera su tasa de recarga natural, como en el caso del desierto de Atacama en Chile y el sistema acuífero de piedra arenicas de Nubia en el noreste de África (Squeo *et al.*, 2006; Mahmud y Watanabe, 2014; Herrera *et al.*, 2018). Se ha estimado que menos del 10% del agua potable está en peligro, pero aproximadamente 2.4 billones de personas viven en zonas con poca disponibilidad de agua potable debido a que su distribución no es homogénea a nivel mundial (Oki y Kanae, 2006; Rockstrom *et al.*, 2007), ya que las zonas áridas cubren el 46.2% de la superficie continental global (Prävãlie, 2016; Koutroulis, 2019). Por lo anterior, el 80% de la población mundial tiene una baja seguridad de acceso al agua potable (Vörösmarty *et al.*, 2010). En México, se reportó en 2010 que el 16.3% de la superficie de los acuíferos están sobreexplotados (CONAFOR-UACH, 2013). Asimismo, el 24% de la superficie del país presenta déficit de agua superficial y el 64.7% tiene algún nivel de degradación hídrica (CONAFOR-UACH, 2013).

Deforestación

Globalmente, el 25% de la cobertura forestal ha desaparecido para otros usos antrópicos y el 30% de la superficie continental es usada para la agricultura (Vitousek *et al.*, 1997; Hurtt *et al.*, 2006). Recientemente, Keenan *et al.* (2015), Sloan y Sayer (2015) y D'Annunzio *et al.* (2017) estimaron que el área forestal mundial se redujo en 3% en 15 años (entre 1990 y 2015), lo cual representa una reducción de 39.6 Mkm² (1990) a 37.2 Mkm² (Keenan *et al.*, 2015). Sin embargo, los bosques tropicales son lo que tienen la mayor tasa de deforestación, la cual se estimó en 55,000 km² año⁻¹ entre el 2010 y el 2015 (IPCC, 2019). Globalmente, los principales factores que afectaron a los bosques entre estos años fueron la deforestación (27%), el manejo forestal (26%), la deforestación por la agricultura de roza-tumba-quema (24%) y los incendios naturales (23%) (Curtis *et al.*, 2018). La frecuencia de los incendios naturales forestales se ha incrementado en la última década (IPCC, 2019), pero lo más preocupante es que se espera que esta frecuencia se incremente y haya incendios más

severos en un 27% para 2050 debido al cambio climático global, sobre todo en bosques que actualmente tienen una baja frecuencia de incendios, como los templados húmedos y los boreales (Abatzoglou y Williams, 2016; Hanes *et al.*, 2019; IPCC, 2019).

En México, el problema de la deforestación es preocupante. Para 2004 se habían perdido 250,000 km² de selva, 155,000 km² de matorrales, 129,000 km² de bosques templados y 83,000 km² de pastizales (CONAFOR-UACH, 2013). Entre 2002 y 2007 se han perdido 1.4 millones de hectáreas de vegetación primaria y 500,000 hectáreas de vegetación secundaria (CONAFOR-UACH, 2013). A pesar de que históricamente los bosques tropicales son los que han sufrido más deforestación, en la actualidad los bosques templados están amenazados por la sustitución por cultivos de diversos productos. Por ejemplo, en la faja productora de aguacates del estado de Michoacán, los bosques de pino-encino han perdido el 7% de su superficie para ser transformados en huertas de aguacate (Arima *et al.*, 2022).

Pérdida de la biodiversidad

Se estima que las tasas actuales de extinción de especies son mil veces mayores a las que había sin actividades humanas (Pimm *et al.*, 2014). Por ejemplo, la lista roja de la Unión Internacional para la Conservación de la Naturaleza en su versión 2017-2 reporta 25,360 especies extintas o en peligro de extinción (International Union for Conservation of Nature, 2017). Asimismo, Ceballos *et al.* (2017) reportan que se han extinguido poblaciones de 177 especies de mamíferos al comparar datos de 1990 y 2015. Otro problema grave es la reducción de la diversidad genética de las poblaciones naturales. Miraldo *et al.* (2016) encontraron que las poblaciones en paisajes con influencia humana presentaron menor diversidad genética que las poblaciones en paisajes naturales. Por último, no todos los taxones están bajo el mismo riesgo de extinción; por ejemplo, Ricketts *et al.* (2005) reportan que los anfibios y las aves son más vulnerables a la extinción. Pero este es también un problema nacional, ya que

la Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad (CONABIO) reporta 127 especies desaparecidas en México, de las cuales el 30% corresponde a peces, 23% a anfibios y 20% a plantas. Asimismo, también se reporta que 56 especies desaparecidas corresponden a especies nativas o restringidas a México, lo que representa el 44% de las especies total desaparecidas en el país (CONABIO, 2008). Aunado a lo anterior, más de 2,600 especies están en riesgo de extinguirse (NOM-059-SEMARNAT-2010).

Interacción entre el cambio climático global y la degradación de los ecosistemas

Además de los factores que han incrementado la degradación global de los ecosistemas, los efectos del cambio climático global inducido por las actividades humanas también han intensificado los efectos de la degradación de los ecosistemas locales. Adicionalmente, la degradación de los ecosistemas también ha incrementado las emisiones de los gases de efecto invernadero, por lo que se ha establecido una retroalimentación positiva entre ambos fenómenos (IPCC, 2019). Se espera que el cambio climático global incremente drásticamente la vulnerabilidad de los ecosistemas áridos a la desertificación debido al aumento global en las tasas de evapotranspiración (Sherwood y Fu, 2014). Estos escenarios son preocupantes porque las acciones para mitigar la degradación de los ecosistemas se deben realizar en diferentes escalas, desde la global hasta las locales. Por ejemplo, las superficies afectadas por sequía se han incrementado a partir del 2006 en México, con lo que hasta 90% de la superficie nacional presentaba algún nivel anormal de sequía en 2012 (Instituto Nacional de Ecología y Cambio Climático, 2012). Desafortunadamente, los modelos de escenarios de cambio climático esperan que México tenga condiciones mayores de sequía, llegando a un escenario de sequía severa para el año 2080 (Prieto-González *et al.*, 2011). Estos escenarios no sólo son predicciones a futuro, ya que existen evidencias que indican que este fenómeno ha ocurrido durante los últimos años en nuestro país (Cuervo-Robayo *et al.*, 2020).

REFLEXIONES SOBRE LA RELACIÓN ENTRE LA PANDEMIA Y LA DEGRADACIÓN DE LOS ECOSISTEMAS

A pesar de que aún no existen datos que confirmen la relación causal entre la degradación global de los ecosistemas y la presencia de pandemias, existe evidencia de que esta relación sí puede ser relevante. A continuación, y a manera de hipótesis, discuto cuáles son los factores derivados de la degradación global de los ecosistemas que pudieron favorecer la pandemia de COVID-19 con la intensidad con que se presentó. Alvarez-Añorve *et al.* (2023) y Sánchez-Cordero *et al.* (2023) (véanse capítulos 5 y 6 del presente libro, respectivamente) mencionan que el incremento de la frecuencia de enfermedades infecciosas transmisibles entre humanos y otras especies de vertebrados (zoonosis) se debe principalmente a que se ha incrementado la probabilidad de contacto entre los humanos, la fauna doméstica y la fauna silvestre debido a la deforestación y, por tanto, la pérdida del hábitat de las especies silvestres.

Hay otros factores que también pueden favorecer la presencia de pandemias. Entre ellos se encuentra la pérdida de la biodiversidad, ya que la reducción de las especies hospederas pudiera favorecer que los virus se vuelvan más generalistas. Por otro lado, los procesos de degradación de los ecosistemas que mencionamos anteriormente, como la erosión de suelos y la contaminación, reducen su productividad primaria, es decir, la cantidad de energía disponible que puede ser utilizada por los organismos en las cadenas tróficas. Aunado a lo anterior, la reducción de la fertilidad de los suelos puede provocar que la calidad nutricional de los alimentos se vea disminuida. Por último, las consecuencias del cambio climático global han modificado la distribución de las especies hospederas y los vectores de las enfermedades zoonóticas, lo que incrementa la probabilidad de contacto entre las especies hospederas y el ser humano. Desafortunadamente, existe una retroalimentación positiva entre la degradación de los ecosistemas y el cambio climático global, ya que los ecosistemas degradados emiten más gases de efecto invernadero, lo que incrementa la intensidad de los cambios climáticos. La magnitud de todos estos procesos de degradación global de los ecosistemas es de niveles preocupantes y nos

permite establecer la hipótesis de que fueron detonantes de la pandemia de COVID-19 y que pueden favorecer la presencia de otras pandemias zoonóticas. Por lo anterior, es importante estudiar la relación entre la degradación global de los ecosistemas y la presencia de pandemias, así como los procesos que pueden favorecer esta relación causal.

CONCLUSIONES

Las evaluaciones de la degradación global de los ecosistemas nos confirman que estamos ante una de las peores crisis ambientales en la historia de la humanidad, ya que más del 20% de la superficie continental presenta algún grado de degradación, hay zonas con altas tasa de erosión de suelos, el 80% de la población humana tiene baja seguridad de acceso al agua potable y se presentan muy altas tasas de pérdida de la biodiversidad. Aunado a todo lo anterior, existe una retroalimentación positiva entre la degradación de los ecosistemas y el cambio climático global, por lo que los escenarios a futuro son pesimistas. Si bien no podemos establecer aún una relación directa entre la degradación global de los ecosistemas y la magnitud de la pandemia, es posible que sea más complicado enfrentar sus consecuencias en un planeta con una crisis ambiental global. Por lo anterior, es necesario realizar análisis más profundos para determinar cuál es la importancia de la degradación global de los ecosistemas en el surgimiento de pandemias globales, como la de COVID-19, y sus consecuencias.

AGRADECIMIENTOS

Agradezco los comentarios y sugerencias de Ken Oyama al presente capítulo. La investigación fue realizada gracias al programa UNAM-DGAPA-PAPITT (IN207721).

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Abatzoglou, John T., y A. Park Williams (2016). "Impact of anthropogenic climate change on wildfire across western US forests". *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 113 (41): 11770-11775.
- Alvarez-Añorve, Mariana Yólotl, Luis Daniel Avila Cabadilla, Daniel Sokani Sánchez Montes, Pablo Colunga Salas, Sandra Álvarez Betancourt, y Julieta Benítez Malvido (2023). "Paisajes antrópicos de México y zoonosis: hacia la construcción de paisajes sostenibles y saludables". En K. Oyama y F. García-Oliva (Coords.), México: "Ecología, medio ambiente y sustentabilidad" (pp. 151-182). UNAM.
- Arima, Eugenio Y., Audrey Denvir, Kenneth R. Young, Antonio González-Rodríguez, y Felipe García-Oliva (2022). "Modelling avocado-driven deforestation in Michoacán, Mexico". *Environmental Research Letters* 17 (3): 034015.
- Bai, Zhanguo G., David L. Dent, Lennart Olsson, Anna Tengberg, Compton J. Tucker, y Genesis T. Yengoh (2015). "A longer, closer, look at land degradation". *Agriculture for Development* 24: 3-9.
- Borrelli, Pasquale, David A. Robinson, Larissa R. Fleischer, Emanuele Lugato, Cristiano Ballabio, Christine Alewell, Katrin Meusburger, Sirio Modugno, Brigitta Schütt, Vito Ferro, Vincenzo Bagarello, Kristof Van Oost, Luca Montanarella, y Panos Panagos (2017). "An assessment of the global impact of 21st century land use change on soil erosion". *Nature Communications* 8 (1): 1-13.
- Bouwman, Alexander F., L.J.M. Boumans, y Niels H. Batjes (2002). "Modeling global annual N₂O and NO emissions from fertilized fields". *Global Biogeochemical Cycles* 16 (4): 1080.
- Ceballos, Gerardo, Paul R. Ehrlich, y Rodolfo Dirzo (2017). "Biological annihilation via the ongoing sixth mass extinction signaled by vertebrate population losses and declines". *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 114 (30): E6089-E6096.

- Cherlet, Michael, J, Hill, Graham Von Maltitz, Stefan Sommer, James Reynolds, y Charles Hutchison (2018). *World Atlas of Desertification*. Publication Office of the European Union, Luxemburg. 3rd edition.
- Comisión Nacional Forestal y Universidad Autónoma Chapingo [CONAFOR-UACH] (2013). *Línea base nacional de degradación de tierras y desertificación*. Informe final [en línea]. Disponible en <<https://www.gob.mx/semarnat/documentos/linea-base-nacional-degradacion-de-tierras-y-desertificacion-parte-1>>
- Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad [CONABIO] (2008). *Capital Natural de México, vol. 1: Conocimiento actual de la biodiversidad*. México: CONABIO.
- Crutzen, Paul J., y Eugene F. Stoermer (2000). "The 'Anthropocene'". *Global Change Newsletter* 41: 17-18.
- Cuervo-Robayo, Angela P., Carolina Ureta, Miguel A. Gómez-Albores, Anny K. Meneses-Mosquera, Oswaldo Téllez-Valdés, y Enrique Martínez-Meyer (2020). "One hundred years of climate change in Mexico". *PLoS One* 15 (7): e0209808.
- Curtis, Philip G., Christy M. Slay, Nancy L. Harris, Alexandra Tyukavina y Matthew C. Hansen (2018). "Classifying drivers of global forest loss". *Science* 361 (6407): 1108-1111.
- D'Annunzio, Rémi, Erik J. Lindquist, y Kenneth G. MacDicken (2017). *Global forest land use change from 1990 to 2010: An update to a global remote sensing survey of Forests*. Food and Agriculture Organization. Rome, Italy. [en línea]. Disponible en <<https://www.fao.org/3/i5098e/i5098e.pdf>>
- Ellis, Erle C., Kees Klein Goldewijk, Stefan Siebert, Deborah Lightman, y Navin Ramankutty (2010). "Anthropogenic transformation of the biomes, 1700 to 2000". *Global Ecology and Biogeography* 19 (5): 589-606.
- Evans, Alexandra V., Munir A. Hanjra, Yunlu Jiang, Manzoor Qadir, y Pay Drechsel (2012). Water pollution in Asia: the urgent need for prevention and monitoring. *Global Water Forum* [en línea]. Disponible en <<https://cgspace.cgiar.org/handle/10568/34647>>

- Food and Agriculture Organization of the United Nations (2002). *Terrastat: Global land resources GIS models and databases for poverty and food insecurity mapping*. Food and Agriculture Organization of the United Nations [en línea]. Disponible en <<http://www.fao.org/geonetwork/srv/en/main.home>>
- Foley, Jonathan A., Navin Ramankutty, Kate A. Brauman, Emily S. Cassidy, James S. Gerber, Matt Johnston, Nathaniel D. Mueller, Christine O'Connell, Deepak K. Ray, Paul C. West, Christian Balzer, Elena M. Bennett, Stephen R. Carpenter, Jason Hill, Chad Monfreda, Stephen Polasky, Johan Rockström, John Sheehan, Stefan Siebert, David Tilman, y David P. M. Zak (2011). "Solutions for a cultivated planet". *Nature* 478 (7369): 337-342.
- Gibbs, Holly K., y J. Megan Salmon-Tumas (2015). "Mapping the world's degraded lands". *Applied Geography* 57: 12-21.
- Guo, J.H., X. J. Liu, Y. Zhang, J. L. Shen, W. X. Han, W. F. Zhang, P. Christie, K. W. T. Goulding, P. M. Vitousek, y F. S. Zhang (2010). "Significant acidification in major Chinese croplands". *Science* 327 (5968): 1008-1010.
- Hanes, Chelene C., Xianli Wang, Piyush Jain, Marc-André Parisien, John M. Little, y Mike D. Flannigan (2019). "Fire-regime changes in Canada over the last half century". *Canadian Journal of Forest Research* 49 (3): 256-269.
- Herrera, Christian, Carolina Camboa, Emilio Custodio, Teresa Jordan, Linda Godfrey, Jorge Jódar, José A. Luque, Jimmy Vargas y Alberto Sáez (2018). "Groundwater origin and recharge in the hyper-arid Cordillera de la Costa, Atacama Desert, northern Chile". *Science of the Total Environment* 624: 114-132.
- Hurt, George C., Steve Frohling, Matthew Fearon, Berrien Moore, Elena Shevliakova, Sergey Malyshev, Stephen W. Pacala y Richard A. Houghton (2006). "The underpinnings of land-use history: Three centuries of global gridded land use transitions, wood-harvest activity, and resulting secondary lands". *Global Change Biology* 12 (7): 1208-1229.
- Instituto Nacional de Ecología y Cambio Climático [INECC] (2012). *México. Quinta comunicación nacional ante la Convención Marco de la Naciones Unidas sobre el Cambio Climático. Secretaría de Medio Ambiente y Recur-*

sof Naturales [en línea]. Disponible en <<https://unfccc.int/resource/docs/natc/mexnc5s.pdf>>.

Intergovernmental Panel on Climate Change [IPCC] (2013). *Climate Change 2013: The Physical Science Basis*. Contribution of Working Group I to the Fifth Assessment Report of the Intergovernmental Panel on Climate Change [en línea]. Disponible en <https://www.ipcc.ch/site/assets/uploads/2018/03/WG1AR5_SummaryVolume_FINAL.pdf>

Intergovernmental Panel on Climate Change [IPCC] (2019). *Climate Change and Land: an IPCC special report on climate change, desertification, land degradation, sustainable land management, food security, and greenhouse gas fluxes in terrestrial ecosystems*. Cambridge University Press. Disponible en <<https://www.ipcc.ch/site/assets/uploads/2019/11/SRCCL-Full-Report-Compiled-191128.pdf>>

Intergovernmental Science-Policy Platform on Biodiversity and Ecosystem Services [IPBES] (2018). *The IPBES assessment report on land degradation and restoration*. Secretariat of the Intergovernmental Science-Policy Platform on Biodiversity and Ecosystem Services [en línea]. Disponible en <<https://jyx.jyu.fi/bitstream/handle/123456789/63998/ipbes%20spm%202018.pdf?sequence=1&isAllowed=y>>

International Union for Conservation of Nature [IUCN] (2017). *The IUCN Red List of Threatened Species* [en línea]. Version 2017-2. Disponible en <<https://www.iucnredlist.org/>>.

Keenan, Rodney J., Gregory A. Reams, Frédéric Achard, Joberto V. de Freitas, Alan Grainer, y Erik Lindquist (2015). “Dynamics of global forest area: Results from the FAO Global Forest Resources Assessment 2015”. *Forest Ecology and Management* 352: 9-20.

Koutroulis, Aristeidis G. (2019). “Dryland changes under different levels of global warming”. *Science of the Total Environment* 655: 482-511.

Konikow, Leonard F. (2011). “Contribution of global groundwater depletion since 1900 to sea-level rise”. *Geophysical Research Letters* 38 (17): 1-5.

Lal, Rattan (1998). “Soil erosion impact on agronomic productivity and environment quality”. *Critical Reviews in Plant Sciences* 17 (4): 319-464.

- Mahmod, Wael Elham, y Kunio Watanabe (2014). “Modified grey model and its application to groundwater flow analysis with limited hydrogeological data: A case study of the Nubian Sandstone, Kharga Oasis, Egypt”. *Environmental Monitoring and Assessment* 186: 1063-1081.
- McDonald, Robert I., Katherine F. Weber, Julie Padowski, Tim Boucher, y Daniel Shemie (2016). “Estimating watershed degradation over the last century and its impact on water-treatment costs for the world’s large cities”. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 113 (32): 9117-9122.
- Mekonnen, Mesfin M., y Arjen Y. Hoekstra (2015). “Global gray water footprint and water pollution levels related to anthropogenic nitrogen loads to fresh water”. *Environmental Science & Technology* 49 (21): 12860-12868.
- Millennium Ecosystem Assessment (2005). *Ecosystems and Human Well-being, vol 1. Current State and Trends: Findings of the Condition and Trends Working Millennium Chapter 22*. In *Ecosystem Assessment Series. Dryland Systems* [en línea]. Disponible en <<https://www.millenniumassessment.org/documents/document.766.aspx.pdf>>.
- Miraldo, Andreia, Sen Li, Michael K. Borregaard, Alexander Florez-Rodriguez, Shyan Gopalakrishnan, Mirnesa Rizvanovic, Shiheng Wang, Carsten Rahbek, Katharine A. Marske, y David Nogues-Bravo (2016). “An Anthropocene map of genetic diversity”. *Science* 353 (6307): 1532-1535.
- Montgomery, David R. (2007). “Soil erosion and agricultural sustainability”. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 104 (33): 13268-13272.
- Oki, Taikan, y Shinjiro Kanae (2006). “Global hydrological cycles and world water resources”. *Science* 31 (5790): 1068-1072.
- Oldeman, L. Roel, R.T.A. Hakkeling, y Wim G. Sombroek (1990). *World map of the status of human-induced soil degradation: an explanatory note. Global Assessment of Soil Degradation (GLASOD)*. Winand Staring Center, International Society for Soil Science, FAO, International Institute for Aerospace Survey and Earth Science [en línea]. Disponible en <https://www.isric.org/sites/default/files/isric_report_1990_07.pdf>.

- Pierzynski, Gary, Lucrezia Caon, y Ronald Vargas (2017). *Threats to Soils: Global Trends and Perspectives*. Global Land Outlook Working Paper 28, United Nations Convention to Combat Desertification.
- Pimm, Stuart L., Clinton N. Jenkins, Robin Abell, Thomas M. Brooks, J. L. Gittleman, L. N. Joppa, Peter H. Raven, C. M. Roberts, y J. O. Sexton (2014). "The biodiversity of species and their rates of extinction, distribution, and protection". *Science* 344, 6187.
- Právělie, R. (2016). "Drylands extent and environmental issues. A global approach". *Earth-Science Review* 161, 259-278.
- Prieto-González, Ricardo, V.E. Cortés-Hernández, y Martín J. Montero-Martínez (2011). "Variability of the standardized precipitation index over Mexico under the A2 climate change scenario". *Atmósfera* 24 (3): 243-250.
- Ricketts, Taylor H., Eric Dinerstein, Tim Boucher, Thomas M. Brooks, Stuart H. M. Butchart, Michael Hoffmann, John F. Lamoreux, John Morrison, Mike Parr, John D. Pilgrim, Ana S. L. Rodrigues, Wes Sechrest, George E. Wallace, Ken Berlin, Jon Bielby, Neil D. Burgess, Don R. Church, Neil Cox, David Knox, Colby Loucks, Gary W. Luck, Lawrence L. Master, Robin Moore, Robin Naidoo, Robert Ridgely, George E. Schatz, Gavin Shrine, Holly Strand, Wes Wetengel, y Eric Wikramanayake (2005). "Pinpointing and preventing imminent extinctions". *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 102 (51): 18497-18501.
- Rockstrom, Johan, Mats Lannerstad, y Malin Falkenmark (2007). "Assessing the water challenge of a new green revolution in developing countries". *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 104 (15): 6253-6260.
- Sánchez-Cordero, Víctor, Francisco Botello, Saúl Castañeda, y Jacqueline Sarmiento (2023). "Zoonosis de importancia en salud pública en México: un enfoque integral". En K. Oyama y F. García-Oliva (Coords.), México: "Ecología, medio ambiente y sustentabilidad" (pp.183-210). UNAM.
- Seneviratne, Sonia I., Thierry Corti, Edouard L. Davin, Martin Hirschi, Eric B. Jaeger, Irene Lehner, Boris Orłowsky, y Adriaan J. Teuling (2010).

- “Investigating soil moisture-climate interactions in a changing climate: A review”. *Earth-Science Review* 99, 125-161.
- Sherwood, Steven, y Qiang Fu (2014). “A drier future?” *Science* 343: 737-739.
- Sloan, Sean, y Jeffrey A. Sayer (2015). “Forest resources assessment of 2015 shows positive global trends but forest loss and degradation persist in poor tropical countries”. *Forest Ecology and Management* 352, 134-145.
- Squeo, Francisco A., Ramon Aravena, Evelyn Aguirre, Alberto Pollastri, Carmen B. Jorquera, y James R. Ehleringer. (2006). “Groundwater dynamics in a coastal aquifer in north-central Chile: Implications for groundwater recharge in an arid ecosystem”. *Journal of Arid Environment* 67, 240-254.
- Squires, Victor R., y Edward P. Glenn (2011). “Salination, Desertification and Soil Erosion”. In *The Role of Food, Agriculture, Forestry and Fisheries in Human Nutrition (Vol. III)*. Encyclopedia of Life Support Systems.
- Vitousek, Peter M., Harold A. Mooney, Jane Lubchenco, y Jerry M. Melillo (1997). “Human domination of Earth’s ecosystems”. *Science* 277 (5325): 494-499.
- Vörösmarty, Charles J., Peter B. McIntyre, Mark O. Gessner, David Dudgeon, Alexander A. Prusevich, Pamela Green, Stanley Glidden, Stuart E. Bunn, Caroline Sullivan, Catherine Reidy Liermann, y Peter M. Davies (2010). “Global threats to human water security and river biodiversity”. *Nature* 467: 555-561.
- Wang, Kaicun y Robert E. Dickinson (2013). “Contribution of solar radiation to decadal temperature variability over land”. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 110 (37): 14877-14882.
- Waters, Colin N., Jan Zalasiewicz, Colin Summerhayes, Anthony D. Barnosky, Clément Poirier, Agnieszka Gałuszka, Alejandro Cearreta, Matt Edgeworth, Erle C. Ellis, Michael Ellis, Catherine Jeandel, Reinhold Leinfelder, J. R. McNeill, Daniel deB. Richter, Will Steffen, James Syvitski, Davor Vidas, Michael Wagreich, Mark Williams, An Zhisheng, Jacques Grinevald, Eric Odada, Naomi Oreskes, y Alexander P. Wolfe (2016). “The Anthropocene is functionally and stratigraphically distinct from the Holocene”. *Science* 351: 6269.

La evolución zoonótica: la compleja interacción entre los virus, el ser humano y su ambiente

4

José A. Campillo Balderas
Facultad de Ciencias, UNAM

INTRODUCCIÓN

Si algo tenemos que aprender de la pandemia por COVID-19 es que la salud ambiental y la humana están íntimamente conectadas. Esta enfermedad es de origen zoonótico, es decir, saltó de animales al ser humano. La viruela, la influenza, el zika, el ébola y el sida son enfermedades virales también zoonóticas que han devastado a la humanidad en distintos periodos de la historia. Estas enfermedades pueden ocasionar daños irreparables en distintos órganos de nuestro cuerpo: piel, pulmones, sistema nervioso central, hígado, intestinos y sangre, lo que puede culminar en la muerte de manera rápida o, peor aún, lenta y dolorosa. Los virus que causan estas enfermedades específicamente en seres humanos tienen su origen en virus preexistentes que infectan a aves, murciélagos, roedores y primates no humanos, entre otros. Para comprender el origen de estas enfermedades zoonóticas, que pueden ser emergentes y reemergentes, debemos abordar el tema de dos maneras. Por un lado, es importante identificar los factores biológicos y ecológicos que determinan la naturaleza de la virosfera (conjunto de todos los virus) que se encuentra en los animales con los que el ser humano inevitablemente interactúa. Asimismo, entender los factores antropogénicos, como la domesticación de animales de granja y de compañía, la explotación de la vida silvestre (como la caza y el consumo de animales exóticos), la agricultura insostenible y el cambio climático, aunados

al incremento y movilidad de la población humana, es esencial para establecer políticas y estrategias sanitarias para la prevención de futuras pandemias.

El enfoque antropocéntrico que se le había dado al estudio de estas enfermedades no era el adecuado, ya que limitaba el conocimiento de la diversidad y distribución de los virus en el ambiente. La nueva estrategia que ha tomado la Organización Mundial de la Salud, *One Health (Una Sola Salud)*, amplía la investigación científica sobre las enfermedades zoonóticas y sus causas, ya que reúne a expertos de distintas disciplinas no sólo del área de salud humana, sino también de salud animal, vegetal y ambiental, a nivel local, regional, nacional y global.

VIRUS “MALOS” Y “BUENOS”

Si no hubiera sido por un virus, ninguno de nosotros habría nacido.

CARL ZIMMER

Divulgador científico del New York Times

Desde el siglo XIII, la palabra *virus* ya tenía una connotación negativa cuando la cita el franciscano Bartholomaeus Anglicus (1203-1272) en su compendio de 19 libros *De proprietatibus rerum (Sobre la propiedad de las cosas)*, aproximadamente en 1240. En el libro 5, *De hominis corpore*, habla sobre las partes del cuerpo, entre ellas, los genitales, a los que se refiere como “órganos vergonzosos” de los que sale el *Virus Sperme* (“la semilla venenosa”). De ahí que el Oxford English Dictionary mencione que *virus* viene del latín *vīrus* que significa “veneno, olor o sabor ofensivo o fluido dañino” (Simpson y Weiner, 1989). A principios del siglo XVIII, el término se usaba como “enfermedad venérea” y, a finales de éste, como “agente que causa una enfermedad infecciosa” (Harper, 2022).

Fue hasta finales de 1800 que al término se le proporcionó una definición más científica como “agente infeccioso submicroscópico”. En 1876, el

químico agrícola alemán Adolf Mayer (1843-1942) fue el primero en descubrir la naturaleza infecciosa de la enfermedad de mosaico de tabaco. En 1892, el botánico ruso Dmitri Ivanovsky (1864-1920) descubrió que la enfermedad en plantas de tabaco era ocasionada por un agente infeccioso extremadamente minúsculo, capaz de atravesar los famosos filtros de Chamberland que mantenían el agua libre de bacterias (Lechevalier, 1972). Más adelante, en 1898, el microbiólogo holandés Martinus Beijerinck (1851-1931), de manera independiente, llegó a la misma conclusión que Ivanovsky. Beijerinck denominó a este agente infeccioso del tabaco como *virus filtrable*, por su naturaleza no bacteriana y su capacidad acuosa para traspasar los filtros de malla fina de aquel entonces; lo llamó también *Contagium vivum fluidum* (Bos, 1999). En 1935 se desacreditó la hipótesis de que los virus actuaban como un líquido infeccioso gracias a que el bioquímico estadounidense Wendell Stanley (1904-1971) evidenció, por medio de la cristalografía de rayos X, la naturaleza particulada del virus del mosaico del tabaco, compuesto por proteínas y RNA (Lustig y Levine, 1992).

Ya en la actualidad, a ese concepto de “agente infeccioso submicroscópico” debemos agregarle “que necesita de una célula de un organismo vivo para poder replicarse”. Los virus infectan cualquier forma de vida, desde las bacterias y arqueas hasta protistas (como las amebas y algas microscópicas), plantas, hongos y animales. Se estima que existen 10^{31} virus en la Tierra, muchos más que estrellas en el universo. Dado que infectan a todos los seres vivos, los virus se encuentran en todos los ecosistemas. La virosfera o diversidad de virus que conocemos actualmente abarca más de 10,000 especies (International Committee on Taxonomy of Viruses [ICTV], 2020), pero seguramente debe haber miles de millones que faltan por descubrir; sólo el equipo del Dr. Matthew Sullivan, un virólogo de la Ohio State University, ha descubierto casi 200,000 nuevas especies de virus en muestras de agua marina en todo el mundo (Gregory *et al.*, 2019). Uno de los virus recientemente descubiertos en 2020 es el *Yaravirus*, un virus “misterioso” que infecta a amebas y que tiene muchos genes totalmente desconocidos para la ciencia (Boratto *et al.*, 2020).

Independientemente del tipo de hospedero al que infecte, una vez dentro de la célula el virus se multiplica rápidamente en miles de copias capaces de infectar a otras células. Un virus se caracteriza porque 1) tiene un genoma de DNA (por ejemplo, el virus de la viruela, el herpes, el papiloma) o de RNA (por ejemplo, SARS-COV-2, el virus de la influenza, el VIH) en el que se encuentra codificada toda la información genética para hacer más virus; 2) presenta una cápside, que es la cubierta que usa para proteger a dicho genoma, y entre las proteínas que la cubren está una que actúa como una llave para entrar a la célula hospedera; 3) en algunos casos cuenta con una envoltura lipídica, que es una doble protección para el material genético; y 4) evoluciona por medio de la selección natural, lo que le permite adaptarse a las condiciones del hospedero (por ejemplo, las variantes delta u ómicron del SARS-COV-2 son más transmisibles que la original) (Figura 1).

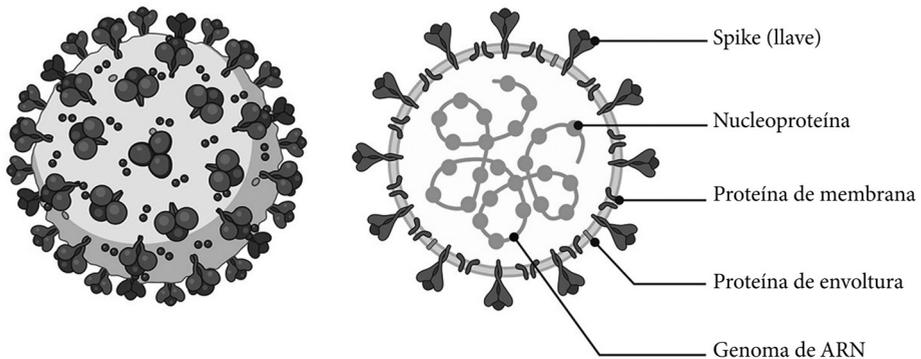


Figura 1. Ejemplo de un virus típico (SARS-COV-2). Los virus tienen un genoma ya sea de ADN o de ARN con genes que codifican para proteínas con funciones que intervienen en la replicación del virus y en la estructura de la cápside. En este caso, el virus SARS-COV-2 tiene una proteína llamada spike que, como una “llave”, se adapta a una “cerradura celular” llamada receptor que se encuentra principalmente en el tracto respiratorio. Imagen: Biorender.

Una de las cosas más interesantes de la virosfera es que no todos los virus son patogénicos, es decir, que causen alguna enfermedad o la muerte en sus hospederos. En varias entrevistas a la Dra. Marilyn Roossinck, viróloga de la Pennsylvania State University, menciona que sólo el 1% de los virus pueden causar enfermedades en los seres vivos (entre ellos, el ser humano); el resto son virus que conviven de manera armoniosa con sus hospederos en los diferentes sistemas ecológicos, desde la protección a las plantas de la sequía hasta su influencia en los ciclos biogeoquímicos a nivel global. Por ejemplo, en nuestro interior se vive una guerra microbiológica constante en la que muchos microorganismos pelean por nutrientes y espacio en el tracto digestivo. El campo de batalla está inmerso en un material gelatinoso llamado mucosa, que sirve como una barrera física contra las bacterias que son patogénicas. Al mismo tiempo, como soldados moleculares distribuidos en toda esta mucosa, se encuentran los bacteriófagos, que son virus que infectan y matan a bacterias, como *Salmonella* o *Escherichia*, que pueden ocasionar enfermedades gastrointestinales serias (Barr *et al.*, 2013). Es decir, el enemigo de mi enemigo es mi amigo. Los bacteriófagos y la mucosa funcionan como parte de nuestro sistema inmunitario para evadir este tipo de microorganismos. De hecho, debido a que muchas bacterias patógenas tienen resistencia a un sinnúmero de antibióticos, se ha tratado de usar bacteriófagos genéticamente modificados como terapia (Devlin, 2019).

Otros ejemplos de virus benéficos son aquellos que tienen un gran impacto en la salud vegetal. Existe un pasto que sobrevive a las altas temperaturas del famoso Parque Nacional de Yellowstone, en Estados Unidos; como una especie de muñeca rusa (matrioshka), esta planta es colonizada por un hongo que, a su vez, es infectado por un virus de RNA y juntos son necesarios para tolerar las temperaturas de más de 50 °C cerca de los géiseres (Márquez *et al.*, 2007). Por otro lado, los virus también pueden afectar al clima; tal es el impacto que pueden tener sobre los ecosistemas marinos que pueden alterar el ciclo biogeoquímico del carbono y los nutrientes en la superficie de los océanos y, de manera indirecta, alterar el clima de toda la Tierra. Existen bacterias que pueden hacer fotosíntesis en los océanos, llamadas cianobacterias. Al igual que las plantas y las algas, las cianobacterias requieren de dióxido de

carbono para hacer su propio alimento en forma de glucosa. Globalmente, pueden utilizar hasta el 50% del dióxido de carbono de la atmósfera terrestre. Así como cualquier ser vivo, las cianobacterias también son infectadas por unos virus llamados cianófagos. Éstos contienen genes fotosintéticos que bloquean la capacidad de estas bacterias para fijar el carbono, y de esta manera utilizar la energía solar para la producción de sus propios componentes. Esto equivale a que el 10% del dióxido de carbono que no llega a ser utilizado por las cianobacterias se concentra en la atmósfera y puede ocasionar un aumento en el calentamiento global (McDonald, 2016). A tal grado llega la “benevolencia” viral que hay virus que pueden llegar a fusionar sus genes con nuestros genomas y permiten nuestra sobrevivencia; por ejemplo, los retrovirus endógenos, unos parientes lejanos del VIH. Hace millones de años sus genes se insertaron de manera permanente en el genoma de los mamíferos y uno de ellos es el gen que codifica una proteína llamada sincitina, que es esencial para el establecimiento de la placenta. Prácticamente, estos retrovirus fueron cruciales para guiar la evolución y la permanencia de un grupo tan vasto como los mamíferos (Lavialle *et al.*, 2013).

De acuerdo con estos ejemplos, aparte de los virus patogénicos existen otros que pueden convivir de manera armoniosa con sus hospederos. Este tipo de interacciones biológicas o simbiosis, llamadas mutualismos, en las que ambos resultan beneficiados, ayudan a mejorar su aptitud biológica; es decir, la capacidad para reproducirse y adaptarse a nuevos ambientes de manera exitosa. Así que no todos los virus tienen una mala reputación; muchos de ellos son esenciales y benéficos para la evolución de todos los seres vivos.

QUIEN NO CONOCE LA HISTORIA DE LAS PANDEMIAS ESTÁ CONDENADO A REPETIRLA

Un virus es un trozo de ácido nucleico rodeado de malas noticias.

SIR PETER MEDAWAR (1915-1987)

Premio Nobel de Medicina, 1960

Ciertamente hay una pequeña fracción de virus “malos”, unos 200 aproximadamente, que han escogido al ser humano como su hospedero. La historia nos los recuerda mediante las trágicas epidemias que ha sufrido la humanidad (Tabla 1).

Las grandes civilizaciones antiguas, como la china y la egipcia, dejaron evidencia de las desgracias ocasionadas por algunas enfermedades virales, como la polio. En la estela egipcia de la dinastía XVIII del Antiguo Egipto (1500 antes de nuestra era, a.n.e.) está representado al sacerdote Ruma con una pierna atrofiada y el síndrome de “pie caído” (Figura 2), signos ocasionados probablemente por la infección del virus de la polio (Galassi *et al.*, 2017). Asimismo, los estudios en la momia de Ramsés V, el cuarto faraón de la dinastía XX (reinado de 1150-1145 a.n.e.), indican la presencia de lesiones pustulares en todo el cuerpo y, por lo tanto, la Organización Mundial de la Salud lo propuso como la primera víctima del virus de la viruela desde 1157 a.n.e. (Hopkins, 1980).

En la *Ilíada*, de Homero (siglo VIII a.n.e.), se describe a Héctor, el hijo del rey Príamo y el mejor guerrero de Troya, como a alguien con espíritu de *Lyssa*, es decir, con ataques de ira y frenesí. De ahí el nombre de *Lyssavirus*, el virus neurotrópico que provoca la rabia en los mamíferos (Rohde, 2020). La Grecia antigua contaba con el arquitecto e ingeniero romano Marcus Vitruvius Pollio (80-15 a.n.e.) quien no sólo realizó diseños arquitectónicos basados en su fuerza y belleza, sino también en su utilidad, con modificaciones para permitir el flujo de aire en sus edificios o para construir una ciudad en un punto

Tabla 1
 Algunas epidemias y pandemias más notables causadas por virus

Periodo	Enfermedad viral	Virus causal (genoma)	Número de casos	Número de muertes	Tasa de letalidad estimada ^a	Lugar	Referencias
2019-presente ^b	Pandemia del COVID-19	SARS-COV-2 (RNA)	505 millones	6.2 - 19 millones ^c	0.02	Mundial	(WHO 2020; Mallapaty, 2021)
2015-2016	Epidemia de zika	ZIKV (RNA)	1.5 millones	51	0.00003	Mundial, principalmente en Brasil	(Cardona-Ospina <i>et al.</i> , 2019; CDC, NCEZID, DHCPP, VSPB, 2019; Faye <i>et al.</i> , 2014)
2013-2016	Epidemia de ébola	<i>Zaire ebolavirus</i> (RNA)	28,652	11,325	0.4	Mundial, principalmente en Guinea, Liberia y Sierra Leona	(CDC, 2020, 2021b)
2013-2015	Epidemia de chikungunya	CHIKV (DNA)	355,617	194	0.0005	Varios países de América	(CIDRAP, 2014; PAHO, 2015)
2012-presente	Epidemia del síndrome respiratorio del Medio Oriente	MERS-COV (RNA)	2,585	890	0.3	Mundial, principalmente en Arabia Saudita	(WHO, 2022)

2009-2010	Pandemia del virus de influenza porcino	Virus de influenza A subtipo H1N1 (RNA)	700-1,400 millones	151,000 - 575,000	0.3	Mundial	(Kelly <i>et al.</i> , 2011; Dawood <i>et al.</i> , 2012)
2002-2004	Epidemia del SARS	SARS-COV-1 (RNA)	8,096	774	0.1	Mundial, principalmente en China y Hong Kong	(WHO, 2003)
1986-presente	Epidemia de la fiebre amarilla	Virus de la fiebre amarilla (RNA)	600 millones	680 000 - 6.5 millones	0.4 en el 2013 ^d	África, Centroamérica y Sudamérica	(De Cock <i>et al.</i> , 1988; Jácome <i>et al.</i> , 2019; WHO, 2019, 2013)
1981-presente	Pandemia de VIH/sida	Virus de inmunodeficiencia humana 1 (RNA)	55.9-110 millones	27.2 - 47.8 millones	0.5 en el 2020 ^d	Mundial	(UNAIDS, 2021)
1977-1979	Pandemia de la gripe rusa	Virus de influenza A subtipo H1N1 (RNA)	?	700,000	-	Mundial	(Michaelis <i>et al.</i> , 2009)
1968-1970	Pandemia de la influenza de Hong Kong	Virus de influenza A subtipo H3N2 (RNA)	500 millones	1 - 4 millones ^e	0.005	Mundial	(WHO, 2011)
1957-1958	Pandemia de la influenza asiática	Virus de influenza A subtipo H2N2 (RNA)	500 millones	1 - 4 millones ^e	0.005	Mundial	(WHO, 2011)

1918-1920	Pandemia de la gripe española	Virus de influenza A subtipo H1N1 (RNA)	500-1,000 millones	17 - 100 millones ^d	0.08	Mundial	(WHO, 2011)
1889-1890	Pandemia de la influenza rusa o la influenza asiática	Virus de influenza A subtipo H1N1 (RNA)	300-900 millones	1 millón ^e	0.002	Mundial	(Valleron <i>et al.</i> , 2010)
1875	Epidemia de sarampión de Fiji	Virus del sarampión (RNA)	?	40,000	-	Fiji	(Niknamian y Zaminpira, 2020)
1870-1875	Epidemia de la viruela europea	Virus de la viruela (DNA)	?	500,000	-	Europa	(Jorland, 2011)
1519-1520	Epidemia de la viruela	Virus de la viruela (DNA)	?	5 - 8 millones ^h	-	Imperio Azteca	(Zambardino, 1980; Acuna-Soto <i>et al.</i> , 2002; Barton, 2018)
735-737	Epidemia de la viruela	Virus de la viruela (DNA)	?	1 millón ⁱ	-	Japón	(LePan <i>et al.</i> , 2020)

165-180	Pandemia de la peste Antonina o plaga de Galeno	Possiblemente el virus de la viruela (DNA)	?	5 - 10 millones ^f	-	Imperio Romano	(Mark, 2020)
429-436 a.n.e.	Epidemia de la plaga de Atenas	Possiblemente algún virus causante de la fiebre hemorrágica (RNA)	?	75,000 - 100,000	-	Egipto, Etiopía, Grecia y Libia	(Mark, 2020)

^a La tasa de letalidad es la proporción del número de muertes por la enfermedad entre el número de casos en un periodo y área determinados. Entre más se acerque a 1, indica que la severidad de la enfermedad es mayor.

^b 14 de abril de 2022.

^c Las muertes estimadas por COVID-19 son tres veces más altas que las oficiales de acuerdo con Wang *et al.* (2022) y (COVID-19 Excess Mortality Collaborators 2022). Esto también significa que se ha perdido el 0.1% de la población actual.

^d La fiebre amarilla y el HIV/sida son enfermedades que se identificaron desde los años ochenta y, por lo tanto, el tamaño de la población a nivel mundial va cambiando. Ésta fue la razón por la cual, sólo se consideró la tasa de letalidad del 2013 y 2020, respectivamente.

^e Considerando la población mundial de esos años (Worldometer, 2022), se perdió el 0.1% de ésta en ambas pandemias de influenza.

^f Se perdió entre el 1% y el 5.4% de la población mundial en 1918.

^g Se perdió el 0.07% de la población mundial en 1890.

^h Se perdió entre el 1% y 2% de la población mundial de 1520 y entre el 23% y 37% de la población indígena del Imperio Azteca.

ⁱ Se perdió el 1% de la población mundial del 737 y el 33% de la población japonesa de aquel momento.

^j Se perdió entre el 3% y 6% de la población mundial del 180 y entre el 25% y 33% de la población del Imperio Romano.

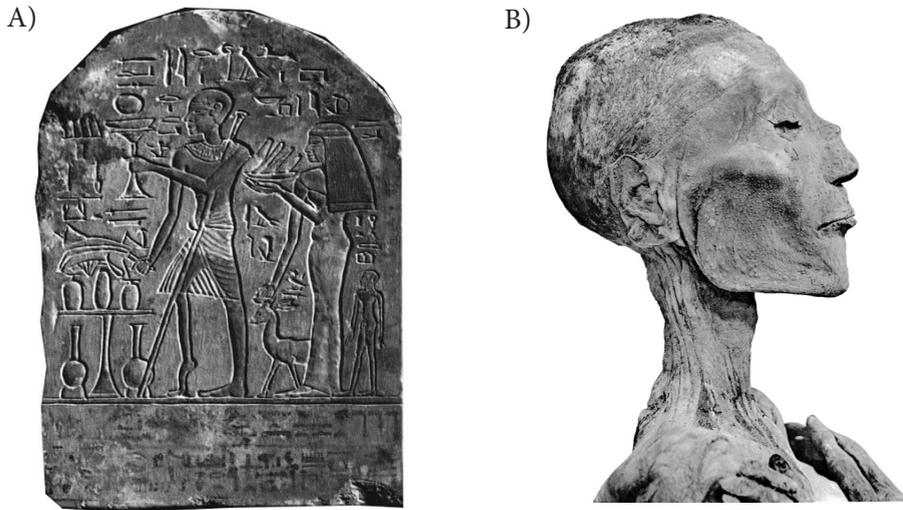


Figura 2. (A) Estela egipcia de la dinastía VIII (1403-1365 a.n.e.) que retrata a un sacerdote con la pierna atrofiada, un signo característico de la poliomiélitis. (B) Cabeza de la momia del faraón Ramsés V en la que se aprecian las marcas dejadas por la viruela (Elliot Smith, bajo la licencia CC Public Domain Mark 1.0).

elevado y no cerca de un pantano. Es decir, Vitruvius tenía un gran conocimiento empírico con base en la teoría obsoleta del miasma (emanaciones de materia orgánica fétida o, como diríamos en México, el “mal aire”) sobre cómo las enfermedades, como el cólera, la influenza y la peste negra, se dispersaban, sin pensar obviamente en los patrones de distribución de los virus y otros patógenos, dadas las características ambientales de la zona:

Para las ciudades fortificadas se observarán los siguientes principios generales. Primero viene la elección de un sitio muy saludable. Tal sitio será alto, ni neblinoso ni helado, y en un clima ni caliente ni frío, sino templado; más allá, sin marismas en los alrededores. Cuando las brisas de la mañana soplan hacia el pueblo al amanecer, pueden traer consigo la niebla mezclada con el aliento venenoso de las criaturas de los pantanos para ser arrastrado a los cuerpos de los habitantes, por lo que el sitio será insalubre. Asimismo, si la ciudad está en la

costa expuesta hacia Sur u Oeste no será saludable porque, en verano, el cielo del Sur se calienta al amanecer y es sofocante al mediodía; mientras que una exposición hacia el Oeste se vuelve tibio después del amanecer, hace calor al mediodía y resplandece al anochecer. (Vitruvius, 1914: 17)

Sus diseños fueron la base para el estilo de la arquitectura romana antigua y tanta fue su fama que, en honor a su trabajo, en 1490 Leonardo da Vinci lo representó en su famoso dibujo el *Hombre de Vitruvio* o *Estudio de las proporciones ideales del cuerpo humano*. Suena increíble que los antiguos griegos y romanos desarrollaran el conocimiento sobre la dispersión de las enfermedades en el ambiente. De alguna manera podríamos retomarlos para repensar el diseño de nuestras ciudades y edificios en la actualidad y así evitar la propagación de enfermedades. Por ejemplo, el padre de la medicina, el griego Hipócrates (460-370 a.n.e.), en su tratado *Sobre los aires, las aguas y los lugares*, también describe detalladamente la influencia del clima y la geografía en la aparición de enfermedades en ciertas estaciones del año.

El constante movimiento humano por la conquista de nuevos territorios, la búsqueda de alimento y el tráfico de esclavos entre distintos continentes permitió la expansión de la viruela a nivel mundial. La primera pandemia que impactó al Imperio Romano, descrita por el médico y filósofo Galeno (129-216), fue la peste antonina (165-180). Esto se debió a que los soldados romanos, más que un botín de victoria después de una guerra en el Cercano Oriente, llevaron la viruela al imperio. La pandemia no sólo acabó con la vida del coemperador Lucius Verus (130-169), hijo adoptivo de su antecesor Antoninus Pius y cuyo nombre familiar se relacionó con la plaga, sino que también fue un punto de quiebre para la *Pax Romana*, el periodo que se caracterizó por la prosperidad, estabilidad política y expansión territorial de uno de los más grandes imperios de las grandes civilizaciones (Tabla 1) (Mark, 2020). En agosto del 735 se tiene registrado el caso de un pescador japonés de la ciudad de Dazaifu que contrajo la viruela después de haber quedado varado en la península de Corea. La viruela se propagó rápidamente hasta el 737, lo que provocó un colapso económico casi irreversible con la pérdida de una tercera parte de la población japonesa (LePan *et al.*, 2020). Lo interesante es que, a par-



Figura 3. (A) Ilustración en acuarela sobre la viruela en el manuscrito de dos volúmenes Toshin seiyo (“Lo esencial de la viruela”), ca. 1720 (Wellcome Library, digital collection). Bajo la licencia (B) El samurái arquero Minamoto no Tametomo derrota al demonio de la viruela, 1890 (Tsukioka Yoshitoshi, bajo la licencia CC Public Domain Mark 1.0) Creative Commons CC BY 4.0).

tir de este suceso, el apoyo hacia el budismo fue desmedido para la protección de brotes futuros; incluso el arte se vio afectado por esta epidemia (Figura 3).

El virus de la viruela también atravesó el océano Atlántico en carabelas hacia América. La llegada de los españoles con esclavos africanos, probablemente infectados con el virus, en 1519 ya anunciaba la caída del Imperio Azteca. Ni Ehécatl, dios azteca del viento, pudo evitar que el aerosol, en este caso, gotitas con virus suspendidas en el aire, se diseminara rápidamente entre los aztecas muriendo “por montones, como chinches”, dijera el misionero franciscano Toribio Motolinia. Para 1521, la epidemia acabó con casi la tercera parte de la población indígena (McCaa, 1995). Es de notar que durante la Colonia, en 1779, el médico y matemático José Bartolache (1739-1790) hizo un esfuerzo por erradicar la viruela casi 20 años antes de que Edward Jenner

desarrollara la primera vacuna contra una enfermedad; su libro lleva el interesante título *Instrucción que puede servir para que se cure a los enfermos de las viruelas epidémicas que ahora se padecen en México*.

Si al comenzar á sentirse heridos de este mal, hubiere basca, (como es regular) ayúdense con beber agua tibia con sal, y unas plumas, provocando el vómito: y en ese mismo día se limpiará el vientre con una ó dos lavativas de agua de malvas, endulzada con un poco de miel prieta, de la mas ruin que hubiere. [sic] (Bartolache, 1779)

Bartolache no sólo tradujo a Newton al náhuatl, sino que ofreció excelentes recomendaciones en su periódico médico *El Mercurio Volante* sobre la ventilación de espacios cerrados, como las iglesias, y la construcción de cementerios fuera de la ciudad, que hoy en día persisten (y a las que tristemente no se hace mucho caso). Claro que, por otro lado, el doctor estaba convencido de que la viruela no era una enfermedad, sino una forma natural para remediar “el desequilibrio de los humores” (bilis negra, bilis amarilla, flema y sangre). Otro de quien debemos retomar sus enseñanzas es el médico español Francisco Javier de Balmis, a quien se le conoce por su expedición a América, en particular a México, y a las Filipinas para aplicar la vacuna contra la viruela en 1803, la cual se le considera como la primera campaña de vacunación internacional en la historia y el evento más importante en la historia de la medicina (Bürgen, 2021). Y no es para menos, ya que hacer una campaña de vacunación requiere de una logística extraordinaria, desde la garantía de la seguridad y eficacia de las vacunas hasta la formación profesional de los vacunadores, algo que no se puede tomar a la ligera. De hecho, el Ministerio de Defensa español homenajeó al doctor con la Operación Balmis, un despliegue militar para vacunar contra el COVID-19 (Villarejo, 2020).

Desde que los europeos empezaron a explorar metodológicamente la ruta oceánica de África e India en el siglo xv, se toparon con brotes de la fiebre amarilla (enfermedad viral que se transmite por mosquitos y que puede dañar el hígado y ocasionar ictericia o coloración amarillenta de la piel y mucosas). Esta

enfermedad incluso terminó con la vida de una tripulación completa en los barcos europeos (Flint *et al.*, 2020). Esto dio pie a leyendas como el barco fantasma *El holandés errante*, que fuera fuente de inspiración para el diseño del barco que comandaba el capitán ficticio Davy Jones en la película *Los piratas del Caribe*, y para el personaje del mismo nombre en la caricatura *Bob Esponja*. La fiebre amarilla fue el primer virus humano identificado en 1881 por Carlos Finlay (1833-1915), un médico cubano, quien determinó que se transmitía por mosquitos (Chiong, 1989). Esta aportación a la ciencia médica fue muy importante porque el control de las poblaciones de mosquitos es una manera determinante para controlar ésta y otras enfermedades, como el dengue, zika y chikungunya.

Finalmente, es un poco triste saber que hay pocos monumentos conmemorativos en el mundo dedicados a las muertes por la influenza de 1918, la segunda pandemia más mortal de la humanidad después de la peste negra (ocasionada por la bacteria *Yersinia pestis*). La pandemia de la influenza de 1918 fue provocada por el virus de la influenza subtipo H1N1, un virus de RNA que llegó a infectar entre 500 y 1,000 millones de personas, de las cuales una quinta parte murió. Los síntomas son los que ya conocemos: fluido nasal, dolor de cabeza y garganta, y mucha fiebre. La principal causa de muerte eran las complicaciones por una neumonía bacteriana (Figura 4A). Se propagó como la pólvora debido al hacinamiento de los soldados y las malas condiciones de salubridad durante la Primera Guerra Mundial. La libertad de prensa en España, al ser un país neutral, fue el primero en publicar sobre la situación, lo que dio la falsa impresión de haber sido el epicentro de la pandemia (Stephens y Levine, 2022). Una de las principales lecciones derivadas de esta pandemia y la cual se puede aplicar a estos tiempos de COVID-19 es la confiabilidad de la ciencia para determinar cómo se transmite la enfermedad (no se sabía que el agente causal era un virus de influenza, ya que éste se aisló hasta 1933). Ambos virus, influenza y SARS-CoV-2, son respiratorios y se transmiten al respirar, toser, estornudar y hablar, ya que viajan por el aire en pequeñas gotitas llamadas aerosoles. Una vez identificado el mecanismo de transmisión, se deben establecer y acatar políticas sanitarias (Figura 4B). Usar cubrebocas, aplicar la sana distancia, toser y estornudar de etiqueta, ventilar los espacios

y evitar los lugares con muchas personas, eran medidas que funcionaban en aquel entonces y funcionan ahora (Figura 4C). En nuestro país, con la convicción y firmeza de alguien que sabe de ciencia, el médico y delegado sanitario del Departamento de Salubridad General de la República (equivalente a la actual Secretaría de Salud), Guillermo Cerqueda, dio instrucciones precisas para combatir la enfermedad desde Tamaulipas, uno de los primeros estados afectados (Villa, 2020) (Figura 4D).

Otra de las enseñanzas de la pandemia por influenza es que la reducción de casos no es señal de la reducción de la letalidad, del final de nuevas variantes, ni de la suspensión de nuevas olas pandémicas. Para mediados de 1918, poco después de la primera ola y cuando finalmente se creía que se habían calmado las aguas, la gente ya estaba cansada de seguir las medidas de prevención, estar confinada en casa, no estar en contacto físico con otras personas, escuchar constantemente las noticias aterradoras... ¿se le hace familiar? Esto resultó en que la población hiciera caso omiso de los controles de seguridad. La segunda ola fue un tremendo “trancazo”, como, por cierto, también se le conoció a la pandemia en México. En esta segunda ola, seis de cada diez mexicanos morían por esta enfermedad en medio de la inestabilidad política y social del periodo posrevolucionario. De hecho, en muchas ciudades de Estados Unidos, como Detroit y Kansas, las muertes de la cuarta ola superaron a las de la segunda a finales de 1920, debido a una nueva variante, a pesar de la inmunidad que ya se tenía por las infecciones previas (Figura 4E). Debemos recordar que el virus de la influenza y el SARS-COV-2 tienen genomas de RNA. Si bien la tasa de mutación del SARS-COV-2 es diez veces menor que el virus de la influenza (Tao *et al.*, 2021), está la posibilidad de que haya futuras variantes que puedan ser más transmisibles, más virulentas, y puedan evadir el sistema inmunitario a pesar de estar vacunados. Y si uno es incrédulo, hay que echarle un vistazo de nuevo a la historia. Hubo más pandemias por influenza en 1957, 1968 y 2009, con más de 500 millones de infectados y más de 1 millón de muertes en cada una. Es decir, así como el virus de la influenza, el SARS-COV-2 llegó para quedarse y durará muchos años todavía. La gran ventaja que tenemos, en comparación con la influenza de 1918, es el desarrollo tecnológico para el diseño

inmediato de tratamientos contra COVID-19. En los casi tres años que van de la pandemia de COVID-19, contamos con 12 vacunas aprobadas y casi 120 que están en protocolos clínicos en desarrollo (Zimmer *et al.*, 2020). Además, más del 60% de la población mundial está completamente vacunada y la variante dominante ómicron es menos virulenta. Aun así, no podemos alardear con datos estadísticos, fingir que todo está bien y cansarnos de tomar precauciones. Las enseñanzas de la pandemia por influenza de 1918 son claras: no ceder el control al virus. Como sociedad y como individuos, debemos continuar con las medidas de prevención: lavado de manos, cubrebocas, ventilación, distanciamiento social y, por supuesto, la aplicación y desarrollo de vacunas y antivirales. De otra forma, estaremos condenados a repetir la historia.

A)



B)

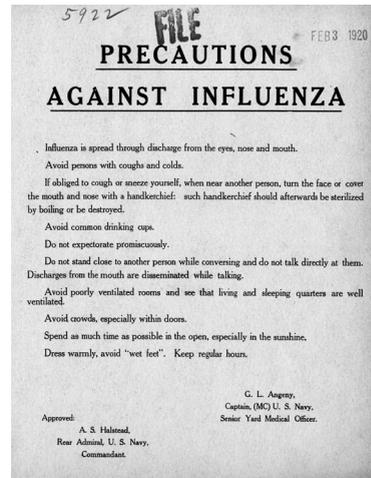


Figura 4. Imágenes de la pandemia por la influenza de 1918. (A) Autorretrato con la influenza española, 1919, por Edvard Munch, en el Museo Nacional de Arte, Arquitectura y Diseño en Oslo, Noruega (Nasjonalmuseet, bajo la licencia CC Public Domain Mark 1.0). (B) Cartel con las precauciones contra la influenza, 1920 (Department of the Navy/ National Archives Identifier 6861947).

ZOONOSIS: LA SALUD DEL AMBIENTE ES LA SALUD HUMANA

El siglo XXI está pagando el precio por lo que pasó en el siglo XX.

DENNIS CARROLL

Líder del Proyecto del Viroma Global

Cuando uno observa las escenas de arado del Antiguo Egipto que están plasmadas en la cámara funeraria del artesano Sennedjem, aproximadamente del 1200 a.n.e., o la escultura de Camazotz, el dios murciélago de distintas culturas, como la maya y azteca, del 500 a.n.e., no se puede negar la estrecha relación que tenemos los humanos con los animales domésticos y silvestres. La agricultura y la ganadería fueron actividades clave para el surgimiento de la civilización humana sedentaria, que permitieron a las personas vivir en grandes concentraciones en un lugar determinado. Las ovejas fueron domesticadas en Mesopotamia hace

A)



B)

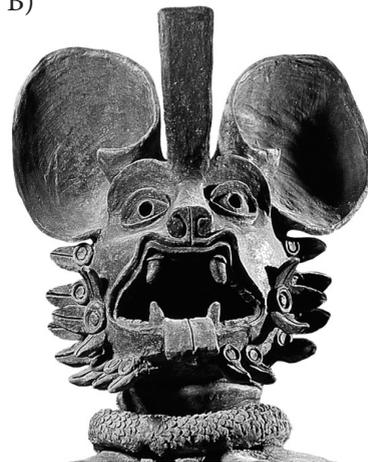


Figura 5. (A) Arado en la cámara funeraria de Sennedjem de 1200 a.n.e. (The Yorck Project, bajo la licencia CC Public Domain Mark 1.0). (B) Escultura de barro de Camazotz, dios murciélago maya (Marco Antonio Pacheco/Museo del Templo Mayor, Ciudad de México).

12,000 años (Oppenheim y Hartman, 1945), el ganado fue domesticado de los uros salvajes en lo que es ahora Turquía y Pakistán (McTavish *et al.*, 2013) y los cerdos en Eurasia hace unos 10,500 años (Larson *et al.*, 2007).

Es increíble cómo coinciden estos estudios sobre los periodos de domesticación de animales mamíferos con el surgimiento de virus altamente patógenos, como los del sarampión y la viruela. Éstos tuvieron que haberse desarrollado en asentamientos humanos con alta densidad poblacional para poder propagarse, hace más de 10,000 años (Riedel, 2005). Inclusive, algunos virus, como el de la hepatitis B, pudieron haber infectado a poblaciones de cazadores y recolectores antes de la expansión de la agricultura en el continente europeo hace 12,000-20,000 años (Kocher *et al.*, 2021). Por ejemplo, el virus de la viruela y el grupo al cual pertenece, los *Orthopoxvirus*, son virus de DNA que tienen como hospederos al ser humano y otros mamíferos, como vacas, monos, mapaches, camellos, roedores y zorrillos, entre otros. Así como el SARS-COV-2, los *Orthopoxvirus* tienen una llave especializada para encajar en los receptores celulares que tenemos los mamíferos en la superficie de células sanguíneas, llamadas dendríticas y linfocitos (Liu *et al.*, 2008). Como los mamíferos somos parientes evolutivos, nuestros receptores son muy parecidos entre sí (Carter *et al.*, 2005) y, por lo tanto, es muy fácil que los virus que originalmente infectan a estos animales “brinquen” a nosotros. A esto se le conoce como zoonosis y así como pudo haber jugado un papel importante en el origen de la viruela, también pudo ser el origen de otras enfermedades emergentes y reemergentes, como la influenza, la rabia, la fiebre amarilla, el dengue, el zika, el ébola, el chikungunya, el sida y, por supuesto, la COVID-19. El virus de la viruela está totalmente adaptado a las células humanas de forma específica y está relacionado evolutivamente con otros *Orthopoxvirus* que infectan a roedores, vacas y camellos; es decir, comparten un ancestro en común. Nos parecemos mucho a nuestros hermanos porque nuestra genética es muy similar, ya que compartimos ancestros en común, nuestros padres. Es muy probable que, en su etapa inicial, el ancestro del virus de la viruela (“los padres”) pudo haber infectado a una gama diversa de hospederos mamíferos, como vacas, roedores y camellos, hace miles de años. El virus ancestral

evolució hasta adaptarse posteriormente al ser humano por este evento de transmisión interespecie o zoonosis entre las vacas y los humanos hace miles de años (Babkin y Babkina, 2015). La adaptación de este nuevo virus a nuestras células mediante el contacto entre seres humanos y otros mamíferos y su ambiente, el incremento dramático de las poblaciones humanas, los fenómenos migratorios y el desarrollo tecnológico para facilitar el transporte de un lugar a otro permitieron la diseminación del virus de la viruela (y de todos los virus humanos) alrededor del mundo y en distintas etapas históricas de la humanidad.

Hay que insistir: para entender el presente se tiene que conocer el pasado. El caso de la viruela y la manera en la que se adaptó al ser humano se observa a través de la historia. Y es que la forma en la que las personas se han abastecido de alimentos, comercializado los animales y alterado su ambiente natural repercute precisamente en cómo pueden surgir enfermedades infecciosas y el riesgo de que se conviertan en epidemias y pandemias. Por ello, es importante entender cómo se originan y propagan desde una perspectiva evolutiva y ecológica, y sobre todo determinar aquellos factores antropogénicos que desencadenan estas enfermedades de origen zoonótico. Un simple cambio en la naturaleza, como la invasión de nuevos territorios donde viven animales silvestres, puede tener un efecto dominó al cambiar el comportamiento de estos animales y sus virus y la manera en que éstos contagian a nuevos hospederos (Figura 6).

Factores biológicos y ecológicos de las enfermedades zoonóticas virales

Uno de los factores biológicos que más llama la atención de los virus que causan enfermedades emergentes y reemergentes es su genoma, ya que todos, a excepción del virus de la viruela, son de RNA. A diferencia de los virus de DNA, como el de la viruela y el papilomavirus, los de RNA se caracterizan por su gran diversidad biológica y su capacidad para adaptarse a nuevos ambientes celulares en los que está implícita la diversidad de hospederos y ecosistemas. La fuente de su diversidad genética yace en su capacidad para mutar rápida-



Figura 6. Meme de una cría de civeta (anónimo). Las civetas de palma fueron vendidas como carne exótica en los mercados locales de la provincia china de Yunnan y transmitieron el SARS-COV-1 de los murciélagos a los humanos en la pandemia de 2002-2003.

mente. Ésta es la razón por la cual es complicado diseñar vacunas, como en el caso del virus de la influenza y el VIH. La responsable de que se cometan muchos errores al replicar el genoma es una proteína que tienen todos estos virus, llamada RNA polimerasa. Es como aquella persona que a la hora de escribir comete errores gramaticales imperdonables, indignos de ver; pero en el caso de los virus, aunque la palabra esté mal escrita, en muchos de los casos aún se puede entender el mensaje. En la gramática biomolecular esto significa que estos genes mutados pueden codificar nuevas proteínas que, junto con la selección natural, le permiten al virus adaptarse a nuevos ambientes del hospedero. Tal es el caso del gen de la proteína *spike* en variantes como alfa, delta y ómicron, que le han permitido al virus transmitirse de una manera más rápida que la variante original (Mallapaty, 2022). Otro factor biológico importante que interviene en la evolución de algunos virus de RNA es la recombinación genética. Cuando dos virus o variantes virales infectan la misma célula pueden intercambiar información genética. Así como el famoso licuado de mi abuela

llamado “guasamaya” (guayaba, sandía, mango y papaya) consiguió un nuevo sabor, los virus al recombinarse pueden generar un nuevo virus que nuestro sistema inmunitario es incapaz de reconocer. Los coronavirus son los maestros de la recombinación a la hora de replicarse (Su *et al.*, 2016).

Otro de los factores biológicos por considerar es la gran variedad de mecanismos de transmisión que tienen los virus de RNA para infectar diversas células hospederas. Por ejemplo, muchos virus, entre los que se incluyen los coronavirus, la influenza y la viruela, se transmiten por aire mediante aerosoles emanados por la acción de estornudar y toser (Tabla 2). Otros se transmiten por el contacto con fluidos corporales, como es el caso del VIH (sangre, semen, fluido vaginal) y el ebolavirus (sangre, saliva, mucosa, vómito, heces, lágrimas, sudor, leche, orina y semen). Algunos otros utilizan agentes que transportan y transmiten el agente patógeno de un organismo a otro, llamados vectores, como los mosquitos. Tal es el caso de los arbovirus, una clasificación informal que viene del acrónimo en inglés *arthropod-borne virus* (virus de la fiebre amarilla, dengue, zika, chikungunya). Hay otros que pueden tener otras vías de transmisión, como por fomites (objetos inertes contaminados por algún patógeno, como la ropa), o por la ruta oral-fecal (en el caso del SARS-COV-2, se han encontrado en muestras de excremento y en aguas residuales) (Deng *et al.*, 2022).

Tampoco debemos perder de vista los aspectos ecológicos del hospedero (Figura 7). El 58% de las enfermedades en seres humanos son de origen zoonótico, lo que representa el 75% de todas las enfermedades emergentes (Woolhouse y Gowtage-Sequeria, 2005), y la mayoría pueden transmitirse de forma indirecta usando vectores como los mosquitos (CDC, 2021a). La gran mayoría de los portadores de virus zoonóticos son los animales domésticos (vacas, cerdos, aves de corral, roedores, perros, gatos y animales silvestres domesticados) debido al contacto directo con los humanos, mientras que la zoonosis es rara en especies silvestres (Johnson *et al.*, 2020). El 80% de los virus zoonóticos pueden infectar a más de un hospedero y, de manera ocasional, al ser humano (Cleaveland *et al.*, 2001).

Hay tres tipos de enfermedades zoonóticas en seres humanos: las pandémicas, las epidémicas y las desatendidas. Las enfermedades zoonóticas pandémicas son las que afectan y causan muerte a un gran número de personas en todo el mundo y pueden durar años, como el caso del ébola, el zika, el sida y, por supuesto, la COVID-19 (Tabla 1). Las epidémicas están restringidas a una región geográfica más pequeña, pero pueden afectar a un gran número de personas. Generalmente emergen de manera irregular y están relacionadas con aspectos climáticos, como el fenómeno de El Niño. Por ejemplo, la emer-

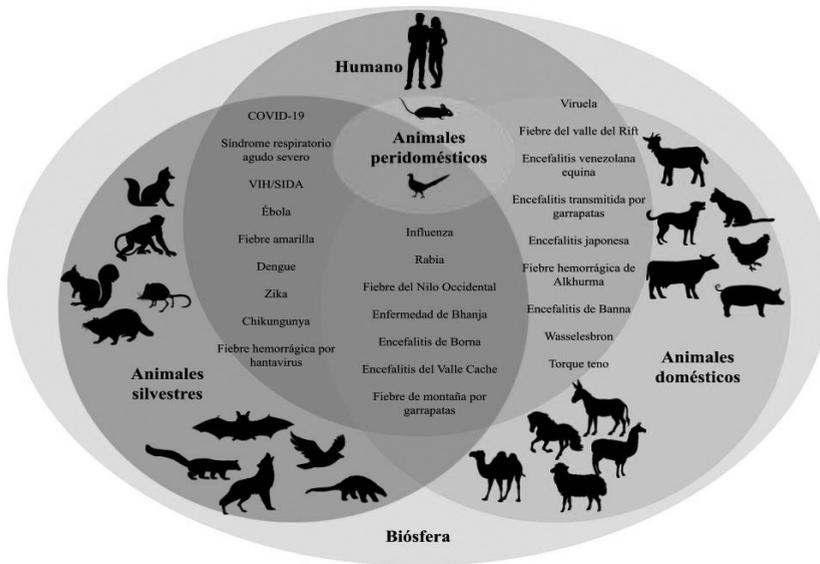


Figura 7. Ejemplos de enfermedades por virus zoonóticos que afectan al ser humano. La mayoría es transmitida por animales domésticos, como caballos, cerdos, perros, gatos, vacas, ovejas, cabras, camellos, llamas, alpacas y burros. Hay enfermedades que son muy específicas de animales salvajes y humanos, como algunas fiebres hemorrágicas, o que tienen un origen en los primeros, como la COVID-19. Otras enfermedades humanas, como algunas encefalitis virales, también se presentan en animales de granja. Existen enfermedades tan complejas que sus agentes causales tienen múltiples hospederos, como animales domésticos, silvestres y el ser humano. Imagen modificada y actualizada de Government Accountability Office (GAO, 2011).

Tabla 2
Algunos virus humanos que han provocado las principales epidemias y pandemias en la historia.

Enfermedad	Virus Genoma Familia	Mecanismos de transmisión	Año y lugar de aparición	Hospedero animal	Origen y causas
COVID-19	SARS-COV-2 RNA Coronaviridae	Aerosoles suspendidos y gotas en el aire al respirar, toser, hablar y estornudar.	2019 Wuhan (China)	Reservorio natural ^a : murciélagos (?). Hospedero intermediario ^b : mamíferos pequeños, como el pangolín (?), muestreados al sur de China y Laos en 2021.	Origen zoonótico Es posible que el virus sea producto de una recombinación genética entre coronavirus de murciélagos de la herradura y los de pangolines o algún otro hospedero mamífero aún no detectado. Puede deberse a la invasión de cuevas, en regiones tropicales de Asia, por parte de los agricultores para usar el guano de murciélagos como fuente de nitrógeno para sus cultivos (Holmes <i>et al.</i> , 2021).
Síndrome respiratorio del Medio Oriente	MERS-COV RNA Coronaviridae	Aerosoles suspendidos y gotas en el aire al respirar, toser, hablar y estornudar.	2012 Arabia Saudita	Reservorio natural: murciélagos (?). Hospedero intermediario: camellos y dromedarios.	Origen zoonótico Probablemente su origen está en murciélagos de la especie <i>Nycteris</i> y <i>Pipistrellus</i> que lo transmitieron a camellos de Omán y de ahí al ser humano o fue una transmisión directa de camellos a humanos. El consumo de carne y leche de camello pudo haber sido la causa de su transmisión a humanos (Corman <i>et al.</i> , 2014).

Síndrome respiratorio agudo severo	SARS-COV-1 RNA Coronaviridae	Aerosoles suspendidos y gotas en el aire al respirar, toser, hablar y estornudar.	2002 Guangdong (China)	Reservorio natural: murciélagos de la herradura (?) Hospedero intermediario: civetas de palmera enmascarada, mapaches (?), tejones y gatos domésticos.	Origen zoonótico. Probablemente se originó a partir de coronavirus de murciélagos de herradura que brincó a civetas y de ahí al ser humano. La causa fue posiblemente por el contacto directo con animales en una industria de alimentos (Xu <i>et al.</i> , 2004).
Influenza de 1918	Virus de la influenza (subtipo H1N1) RNA Orthomyxoviridae	Aerosol y gotas por aire.	1918 Kansas (?) y Nueva York (?) (Estados Unidos)	Reservorio natural: aves acuáticas silvestres (?). Hospedero intermediario: cerdos (?).	Origen zoonótico. Aparentemente linajes de virus de influenza humana y cerdo comparten un ancestro en común con linajes de ave desde 1907 (?) en estudios evolutivos con la proteína hemaglutinina. Quizá el origen fue debido al contacto directo del personal laboral en granjas (Reid <i>et al.</i> , 1999).
Viruela	Variolavirus DNA Poxviridae	Aerosoles suspendidos y gotas en el aire al respirar, toser, hablar y estornudar. Fomites.	Hace 3,000 o 4,000 años África Oriental	Reservorio natural: vacas. Hospedero intermediario: ninguno o camellos (?).	Origen zoonótico. Ancestros tipo viruela bovina dieron origen al virus de la viruela humana quizá por la introducción de camellos a África y los cambios concurrentes del clima (Babkin y Babkina, 2015).

VIH/sida	Virus de inmunodeficiencia humana RNA Retroviridae	Fluidos corporales (sangre, semen y leche).	1920 Kinshasa (República Democrática del Congo)	Reservorio natural: chimpancé (VIH-1), mangabey tiznado (VIH-2). Hospedero intermediario: ninguno.	Origen zoonótico El virus se originó a partir del virus de la inmunodeficiencia del simio que infecta a primates no humanos en África Occidental. Quizá por malas prácticas al cazar (alguna mordida) o consumir la carne del chimpancé y entrar en contacto directo con la sangre infectada (Faria <i>et al.</i> , 2014).
Fiebre hemorrágica de ebola	Ebolavirus RNA Filoviridae	Fluidos corporales (sangre, saliva, mucosa, vómito, heces, lágrimas, sudor, leche, orina y semen).	1976 Sudán del Sur, República Democrática del Congo	Reservorio natural: murciélagos frugívoros africanos de la familia Pteropodidae (?). Hospedero intermediario: primates no humanos y roedores. Hospederos casuales: Perros y cerdos.	Origen zoonótico Contacto directo con fauna silvestre como chimpancés y gorilas y duikers (una especie de antílope) debido a la deforestación de su hábitat (Saéz <i>et al.</i> , 2015).
Fiebre amarilla	Virus de la fiebre amarilla (YFV) RNA Flaviviridae	Fomites. Picadura de mosquitos hembras del género <i>Aedes</i> spp.	Hace 5,000 años África Central y Oriental Hace 300-400 años América	Reservorio natural: primates no humanos. Hospedero intermediario (vector): mosquitos (<i>Aedes aegypti</i> , <i>A. albopictus</i> y <i>A. africanus</i>).	Origen zoonótico. Transmisión durante el ciclo selvático (en la jungla o bosque) de mosquitos a primates no humanos. En los primeros asentamientos humanos, se desarrolla el ciclo antropogénico o urbano (Weiss y Sankaran, 2022).

Fiebre del zika	Zika virus (ZIKV)	Picadura de mosquitos hembras del género <i>Aedes</i> spp.	1947 en monos <i>Rhesus</i> en el bosque Zika (Uganda)	Reservorio natural: monos. Hospedero intermediario (vector): mosquitos (<i>Aedes aegypti</i> , <i>A. africanus</i> , <i>A. apicoargenteus</i> , <i>A. luteocephalus</i> , <i>A. albopictus</i> , <i>A. vittatus</i> , <i>A. furcifex</i> , <i>A. hensilli</i> y <i>A. polynesiensis</i>).	Origen zoonótico. Quizá por eventos de recombinación a partir de flavivirus ancestrales con ciclos enzooticos (infección en animales no humanos). Los tres linajes del ZIKV comparten un ancestro en común con linajes de Uganda alrededor del año 1920 (Faye <i>et al.</i> , 2014).
	RNA	Contacto sexual.	1948 en vectores como los mosquitos <i>Aedes africanus</i> en la misma zona		
	Flaviviridae	Transfusión sanguínea			
		Transmisión vertical (madre a hijo)			
Dengue	Virus del dengue (DENV)	Picadura de mosquitos hembras del género <i>Aedes</i> spp.	Registros desde el año 200 en China	Reservorio natural: primates no humanos → humanos. Hospedero intermediario (vector): mosquitos (<i>Aedes aegypti</i> , <i>A. albopictus</i> , <i>A. polynesiensis</i> y <i>A. scutellaris</i>).	Origen zoonótico. Los cuatro serotipos del DENV tienen un origen zoonótico independiente a partir de primates no humanos durante su ciclo selvático en el Sudeste de Asia y en el África Occidental (Vasilakis <i>et al.</i> , 2011).
	RNA	Transfusión sanguínea.			
	Flaviviridae	Contacto sexual (inusual).			
		Transmisión vertical.			

Chikungunya	Virus chikungunya (CHIKV)	Picadura de mosquitos hembras del género <i>Aedes</i> spp.	1953, aunque quizá desde finales de 1700	Reservorio natural: monos, aves y roedores → humanos (zoonosis)	Origen zoonótico
	RNA				Los tres genotipos (África Occidental, África Oriental-Central-Sur y Asia) se originaron en aquéllos que infectan a monos en ciclos selváticos independientes (Ng y Hapuarachchi, 2010)
	Togaviridae	Transfusión sanguínea.	Tanzania (África Oriental)	Hospedero intermedio (vector); Mosquitos	
		Transmisión vertical (inusual).		(<i>Aedes aegypti</i> , <i>A. albopictus</i> , <i>A. africanus</i> , <i>A. furcifer</i> y <i>A. luteocephalus</i>).	

^a El reservorio natural es el hospedero por el cual un virus naturalmente permanece y se replica, y es fuente de virus zoonóticos que pueden infectar a otros hospederos susceptibles. Generalmente el reservorio no desarrolla la enfermedad. Por ejemplo, los reservorios naturales de virus muy parecidos al SARS-CoV-2 son posiblemente los murciélagos, quienes no se enferman de COVID-19.

^b El hospedero intermedio (también llamado secundario) es aquel que resguarda al virus derivado del reservorio natural y le permite ser un paso intermedio entre este último y el hospedero definitivo, como el ser humano.

^c Antropozoonosis se refiere a que el hospedero humano puede transmitir sus virus a animales no humanos.

gencia de la fiebre del Valle del Rift afecta al ganado y a los humanos y provoca fiebre, dolor muscular y de cabeza. Ésta se transmite por el contacto de sangre contaminada, aerosol, leche cruda y, sobre todo, por mosquitos, cuyo ciclo de vida se ve afectado por la intensidad de las lluvias, la humedad en el ambiente y el sobrecrecimiento de la vegetación, propicios para un brote. Finalmente, las enfermedades zoonóticas desatendidas son locales y son ocasionadas por lo general por animales domésticos o peridomésticos, como las ratas, y se limitan a poblaciones de escasos recursos que dependen totalmente del ganado. Algunas se transmiten por vía alimentaria, como la rabia y la enfermedad hemorrágica de Lassa (Grace *et al.*, 2017). Con todos estos estudios pareciera que hay parámetros predictores de enfermedades zoonóticas emergentes en los que convergen la demografía, el ambiente y, por supuesto, los factores biológicos de los hospederos y virus. Se han hecho modelos estadísticos para determinar la relación que hay entre la distribución de los ecosistemas tropicales, las tierras de cultivo y ganado, la alta densidad de la población en una cierta región geográfica y la diversidad de mamíferos existentes en la zona, entre otros factores (Allen *et al.*, 2017) (Figura 8).

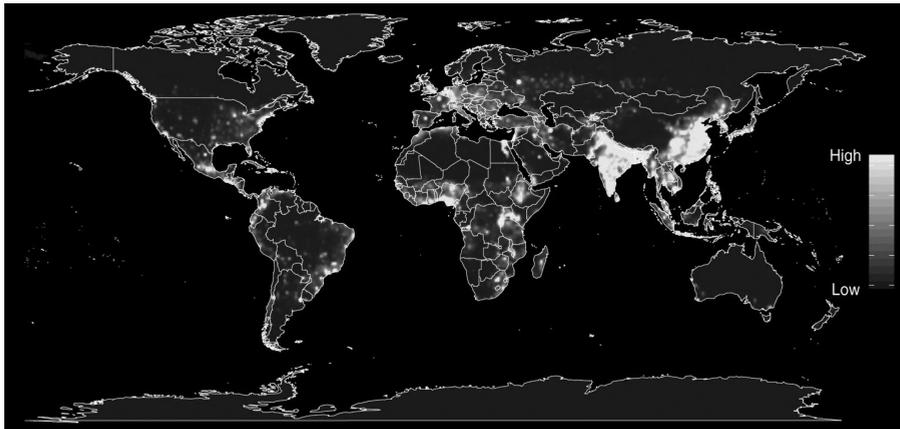


Figura 8. Mapa predictivo de las posibles zoonosis en el mundo. Entre más clara sea la zona geográfica, mayor será la probabilidad de que aparezcan enfermedades zoonóticas. En este mapa, el fenómeno se presenta sobre todo en los bosques tropicales de países en desarrollo (Allen *et al.*, 2017).

Factores antropogénicos de las enfermedades zoonóticas virales

Uno de los factores humanos desencadenantes de la emergencia de enfermedades zoonóticas lo vimos a finales del 2019 en China. El Mercado Mayorista de Mariscos de Huanan, donde se identificaron oficialmente los primeros casos de COVID-19, evidenció algo terrible (Huang *et al.*, 2020). Abierto en junio de 2002 y clausurado en enero de 2020, el mercado tenía toda la energía y esencia cultural e histórica que uno puede ver también en locales mexicanos como la Central de Abastos de la Ciudad de México: diversidad gastronómica, gritos, olores, sabores, colores... en fin. Diría Pablo Neruda: “fui de mercado en mercado por años enteros porque México está en sus mercados”. Sin embargo, también está el lado oscuro: falta de salubridad, demasiada gente, negocios turbios, pero sobre todo la explotación y venta indiscriminada de fauna silvestre, también llamada *ye wei* en chino. Aves como cuervos acollardos, tórtolas moteadas, minás crestados, faisanes; reptiles como víboras ratoneras, serpientes taiwanesas, cobras chinas, cocodrilos siameses; mamíferos como comadreja siberianas, ardillas de Pallas, marmotas, mapaches y tejones asiáticos, ratas de bambú, liebres chinas, erizos de Amur, civetas de palma enmascaradas, puercoespines malayos, ardillas voladoras, zorros rojos, jabalíes, nutrias, visones. Había de todo, como la versión mexicana del Mercado de San Juan de la Ciudad de México. Los pobres animales padecían malas condiciones higiénicas, de malnutrición y de espacio. Eran las condiciones perfectas para “torear” a los virus zoonóticos y demás parásitos que portan estos increíbles animales. Curiosamente no vendían ni pangolines ni murciélagos (Xiao *et al.*, 2021). El mercado es atractivo por los sabores de la carne de caza, como símbolo de posición social, para uso recreativo o de investigación, o simplemente para la medicina tradicional. Y es que la historia es la protagonista de este escrito: el origen de los otros dos coronavirus pandémicos, el SARS-COV-1 en 2002 y el MERS-COV en 2012, también fue zoonótico. El primero se aisló de las civetas de palma (*Paguma* sp.), de los mapaches asiáticos (*Nyctereuteus* sp.), de los tejones turones (*Melogale* spp.) y de los gatos domésticos en Guangdong, también en China. De acuerdo con análisis evolutivos, hay una alta probabilidad de que los coronavirus de estos animales y el SARS-COV-1 compartan un ancestro en

común con los coronavirus de murciélagos y que, por lo tanto, ahí yacía el origen de este síndrome que llegó a matar a más de 800 personas en el mundo (Li *et al.*, 2005). El otro primo hermano evolutivo del SARS-COV-2, el MERS-COV, se aisló de camellos dromedarios y, otra vez, estos coronavirus se parecían mucho a los de murciélagos africanos (Corman *et al.*, 2014). Aparentemente, los virus parecidos al SARS-COV-1 y MERS-COV que tienen los murciélagos han estado presentes por decenas de años y, por el proceso de selección natural, algunas de estas poblaciones se han ido adaptando a las células de estos reservorios mamíferos y después a las humanas.

El aumento en la explotación de estas especies va aunado al creciente consumo de proteína animal (aves de corral, ganado vacuno, cerdos, cabras y borregos, gansos, camellos, caballos, patos y, sobre todo, animales de caza) en muchos países pobres y en desarrollo. De manera general, el consumo de carne, leche y huevos se ha incrementado en los últimos 50 años (Ritchie y Roser, 2017). Esto significa otro problema, porque para mantener todo eso debe haber una intensificación agrícola e industrial de la ganadería de manera insostenible. Esto hace que los animales estén hacinados y vulnerables a contraer alguna infección, y le exige más al ambiente al necesitar más recursos naturales no sólo para la industria ganadera, sino también para la urbanización rápida, que generalmente está mal organizada. A mayor número de personas, mayor consumo de alimentos, mayor comercio legal e ilegal de fauna doméstica y silvestre, mayor transporte de ésta de manera global, mayor número de cadenas de suministro mal reguladas por comodidad y menor costo; todos fenómenos que, en conjunto, puede promover los eventos zoonóticos. Eso aunado a que, gracias a la tecnología de transporte, ahora los virus zoonóticos pueden viajar (como diría el Dr. Antonio Lazcano, miembro de El Colegio Nacional) ya no en carabelas, como lo hizo alguna vez el virus de la viruela, sino en aviones Boeing 767.

Sin embargo, el mayor problema del origen de enfermedades zoonóticas que se avecina como un tsunami es el efecto del cambio climático. Enfermedades zoonóticas por arbovirus que dependen de la distribución de vectores, y enfermedades respiratorias como la influenza y quizá la COVID-19, son sen-

sibles a cambios en el clima, como ya vimos en la Figura 8. Los cambios en los patrones de distribución climática y el calentamiento global han ido al alza y no necesariamente por causas naturales. El incremento de las emisiones de gases de efecto invernadero y las altas concentraciones de dióxido de carbono y metano en la atmósfera por la quema de combustibles fósiles son las principales causas, aunque también están muy presentes los procesos industriales, las prácticas agrícolas y la pérdida irreversible de nuestros bosques. Las consecuencias serán devastadoras porque, además del evidente impacto ambiental, impulsarán futuras pandemias. Se espera que más de 15,000 virus puedan tener la capacidad de saltar al ser humano en los próximos 50 años (Gilbert, 2022); por ahora están “durmiendo” en las entrañas de los mamíferos silvestres, a la espera de que su reservorio cambie de comportamiento. Creo que sobra decir que al calentar el planeta y devastar a diestra y siniestra ecosistemas completos, muchas especies animales, como los mosquitos y los mamíferos silvestres, se verán forzados a migrar para encontrar nuevas condiciones ambientales favorables. ¡Y no se irán solos! Llevarán consigo viejos y nuevos enemigos microscópicos del ser humano. La cosa no sólo va a estar más caliente, sino más patógena. Ni siquiera en el mejor escenario vamos a poder revertir la situación como ya lo dijo Gregory Albery, un ecólogo de la Georgetown University, ya que los ecólogos usualmente tienen una visión integral de la situación ambiental de nuestro planeta. Como lo indica la Figura 8, lo más seguro es que la situación empiece a empeorar en regiones geográficas como las zonas tropicales de África Central y Occidental, el sur de Asia y parte de Centroamérica y Suramérica. Sin embargo, eso no quiere decir que sólo ahí se limitará la enfermedad. Los virus no conocen de límites políticos y esos lugares sólo serán los epicentros de la catástrofe. La pregunta no es cómo evitarla, porque ya está aquí, sino cómo sobrellevarla.

Como biólogo evolucionista, confío innegablemente en la ciencia y por eso creo que los gobiernos y la sociedad tienen que invertir en ella. El monitoreo constante de nuevos brotes epidémicos, el diseño y rediseño de vacunas, el desarrollo de nuevos antivirales y el refinamiento de pruebas de diagnóstico tendrán que estar a la orden del día. Evidentemente, tendremos que buscar nuevas formas para regular estrictamente el comercio de la fauna silvestre,

promover la conservación de sus hábitats, mejorar la calidad y sostenibilidad de la producción industrial de alimentos cárnicos, fomentar la agricultura sostenible, planificar la familia y aumentar la calidad de la infraestructura y de los servicios de salud para todos, sin privilegio de clase.

ENFOQUE DE *UNA SOLA SALUD* PARA LA PREVENCIÓN DE ENFERMEDADES ZONÓTICAS

Creo que la historia ha hecho mella en la Organización Mundial de la Salud al establecer el enfoque de *Una Sola Salud* como la estrategia más eficiente para gestionar y prevenir las enfermedades derivadas por virus zoonóticos, como es el caso del SARS-COV-2. Debemos examinar lo aprendido en las epidemias y pandemias anteriores por medio del esfuerzo colaborativo, multisectorial y transdisciplinario de diversas disciplinas, como la medicina, la biología, la veterinaria, la ecología y la bioética, entre otras. Asimismo, este enfoque debe llevarse a cabo a nivel local, regional, nacional y global, con el objetivo de reconocer y mejorar la relación simbiótica que hay entre los humanos, los animales y el ambiente.

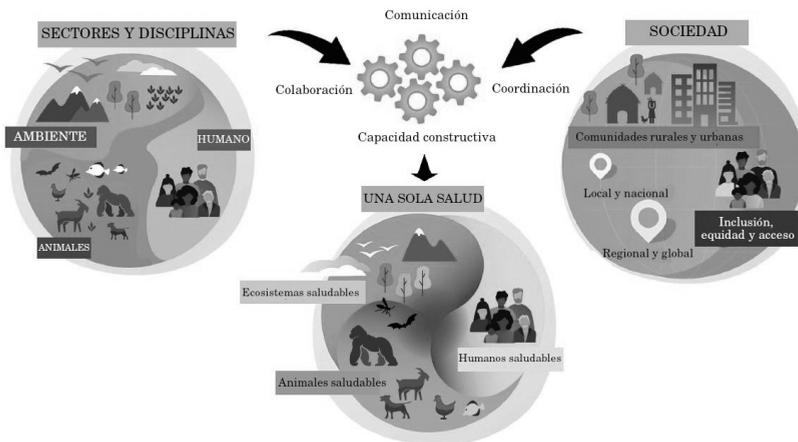


Figura 9. Enfoque de *Una Sola Salud* para prevenir zoonosis emergentes. Imagen modificada de WHO (2021).

La Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura (FAO, por sus siglas en inglés), la Oficina Internacional de Epizootias (OIE), el Programa de las Naciones Unidas para el Medio Ambiente (PNUMA) y la Organización Mundial de la Salud dieron la definición operacional de este enfoque, formulada por el Cuadro de Expertos de Alto Nivel para el Enfoque de *Una Sola Salud* (OHHLER, por sus siglas en inglés) (WHO, 2021):

«Una sola salud» es un enfoque unificador integrado que procura equilibrar y optimizar de manera sostenible la salud de las personas, los animales y los ecosistemas.

El enfoque reconoce que la salud de las personas, los animales domésticos y salvajes, las plantas y el medio ambiente en general (incluidos los ecosistemas) están estrechamente relacionados y son interdependientes.

Este enfoque interpela a múltiples sectores, disciplinas y comunidades en diversos niveles de la sociedad, con miras a trabajar conjuntamente para promover el bienestar y neutralizar las amenazas para la salud y los ecosistemas y, al mismo tiempo, hacer frente a la colectiva necesidad de agua potable, energía y aire, alimentos sanos y nutritivos; tomar medidas relativas al cambio climático; y contribuir al desarrollo sostenible.

Es de aplaudirse este enfoque, porque las zoonosis son enfermedades complejas que deben entenderse en un contexto integral, en el que se observan las relaciones simbióticas entre los seres vivos, el humano y su ambiente. Los virus zoonóticos infectan a los animales en ciertas condiciones ambientales y se transmiten al ser humano, quien, a la vez, realiza actividades como la explotación y el consumo de animales silvestres, la degradación de los ecosistemas y la sobreproducción de la industria ganadera. Para que este enfoque sea efectivo, Margaret Foster Riley, profesora de leyes de la Virginia University, propone los siguientes puntos (Foster, 2021):

- Desarrollar la vigilancia y el modelado ecológico de las enfermedades zoonóticas.

- Establecer protocolos de seguridad y regulación de los mercados alimentarios para reducir el consumo de carne de animales silvestres (y yo diría que también de animales domésticos) y limitar la invasión de sus ecosistemas, ya que de esta forma se disminuye la exposición a enfermedades zoonóticas.
- Mejorar los sistemas de vigilancia y detección de patógenos en los animales domésticos y silvestres.
- Establecer programas educativos sobre la relación ecológica que el ser humano tiene con la enfermedad.
- Mejorar los sistemas de información para la rápida difusión de los brotes zoonóticos a nivel nacional, regional y mundial.
- Planificar proactivamente protocolos para la contención, el diagnóstico, la terapia y la vacunación, con el entendimiento de que países con altos ingresos dependen de la capacidad que tienen los países con bajos recursos para contener los brotes de enfermedades zoonóticas.
- Proporcionar apoyo financiero para llevar a cabo este enfoque.
- Comprender que los factores biológicos y antropogénicos en los que se desarrollan las enfermedades zoonóticas es esencial para poder fundamentar estrategias y respuestas políticas eficaces, como el enfoque de *Una Sola Salud*, para prevenir el surgimiento de este tipo de enfermedades emergentes y reemergentes. Debe ser un esfuerzo de todos: los gobiernos, el sector privado y los ciudadanos que, con pensamiento crítico y cultura científica, enfrentemos este desafío mundial e histórico contextualizado en el problema del cambio climático y la pérdida de la biodiversidad.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Acuna-Soto, Rodolfo, David W. Stahle, Malcolm K. Cleaveland, y Matthew D. Therrell (2002). "Megadrought and megadeath in 16th century Mexico". *Emerging Infectious Diseases* 8 (4): 360-362.

- Allen, Toph, Kris A. Murray, Carlos Zambrana-Torrel, Stephen S. Morse, Carlo Rondinini, Moreno Di Marco, Nathan Breit, Kevin J. Olival, y Peter Daszak (2017). “Global hotspots and correlates of emerging zoonotic diseases.” *Nature Communications* 8 (1): 1124.
- Almudena, Saéz Marí, Sabrina Weiss, Kathrin Nowak, Vincent Lapeyre, Fee Zimmermann, Ariane Düx, Hjalmar S. Kühl, Moussa Kaba, Sebastien Regnaut, Kevin Merkel, Andreas Sachse, Ulla Thiesen, Lili Villányi, Christophe Boesch, Piotr W Dabrowski, Aleksandar Radoni, Andreas Nitsche, Siv Aina J. Leendertz², Stefan Pettersson, Stephan Becker, Verena Krähling, Emmanuel Couacy-Hymann, Chantal Akoua-Koffi, Natalie Weber, Lars Schaade, Jakob Fahr, Matthias Borchert, Jan F. Gogarten, Sébastien Calvignac-Spencer, y Fabian H. Leendertz (2015). “Investigating the zoonotic origin of the west African ebola epidemic.” *EMBO Molecular Medicine* 7 (1): 17-23.
- Babkin, Igor V., e Irina N. Babkina (2015). “The origin of the variola virus.” *Viruses* 7 (3): 1100-1112.
- Barr, Jeremy J., Rita Auro, Mike Furlan, Katrine L. Whiteson, Marcella L. Erb, Joe Pogliano, Aleksandr Stotland, Roland Wolkowicz, Andrew S. Cutting, Kelly S. Dorana, Peter Salamonc, Merry Youled, y Forest Rohwera (2013). “Bacteriophage adhering to mucus provide a non-host-derived immunity”. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 110 (26): 10771-10776.
- Bartolache, José (1779). “Instrucción que puede servir para que se cure á los enfermos de las viruelas epidémicas: que ahora se padecen en México, desde fines del estio, en el año corriente de 1779 —digital collections— National Library of Medicine”. National Library of Medicine 1779.
- Barton, Marc (2018). *Smallpox and the Conquest of Mexico. Past Medical History* [en línea]. Disponible en: <<https://www.pastmedicalhistory.co.uk/smallpox-and-the-conquest-of-mexico/>> (consulta: 21 de abril de 2022).
- Boratto, Paulo V. M., Grazielle P. Oliveira, Talita B. Machado, Ana Cláudia S. P. Andrade, Jean-Pierre Baudoin, Thomas Klose, Frederik Schulz, Saïd Azzab, Philippe Decloquement, Eric Chabrièreb, Philippe Colsonb, Anthony Levasseurb, Bernard La Scolab, y Jónatas S. Abrahão (2020). “Yaravirus:

- A novel 80-nm virus infecting”. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 117 (28): 16579-16586.
- Bos, L. (1999). “Beijerinck’s work on tobacco mosaic virus: historical context and legacy”. *Philosophical Transactions of the Royal Society of London. Series B, Biological Sciences* 354 (1383): 675-685.
- Burgen, Stephen (2021). Exhibition tells story of Spanish children used as vaccine ‘fridges’ in 1803. *The Guardian* [en línea]. Disponible en: <<http://www.theguardian.com/world/2021/jul/27/spanish-museum-celebrates-pioneer-who-took-smallpox-vaccine-to-colonies>> (consulta: 2 de mayo de 2022).
- Cardona-Ospina, Jaime A., Valentina Henao-SanMartin, Wilmer F. Acevedo-Mendoza, Katherinn Melissa Nasner-Posso, Dayron F. Martínez-Pulgarín, Abril Restrepo-López, Valentina Valencia-Gallego, Matthew H. Collins, y Alfonso J. Rodriguez-Morales (2019). “Fatal zika virus infection in the Americas: A systematic review”. *International Journal of Infectious Diseases* 88: 49-59.
- Carter, Gemma C., Mansun Law, Michael Hollinshead, y Geoffrey L. Smith (2005). “Entry of the vaccinia virus intracellular mature virion and its interactions with glycosaminoglycans”. *The Journal of General Virology* 86: 1279-1290.
- Centers for Disease Control and Prevention [CDC]. (2020). 2014-2016 ebola outbreak in West Africa. Centers for Disease Control and Prevention [en línea]. Disponible en: <<https://www.cdc.gov/vhf/ebola/history/2014-2016-outbreak/index.html>> (consulta: 17 de marzo de 2022).
- Centers for Disease Control and Prevention [CDC]. (2021a). About the division of vector-borne diseases. Centers for Disease Control and Prevention [en línea]. Disponible en: <<https://www.cdc.gov/ncepid/dvbd/about.html>> (consulta: 3 de mayo de 2022).
- Centers for Disease Control and Prevention [CDC]. (2021b). Ebola virus disease distribution map: cases of ebola virus disease in Africa since 1976. [en línea]. Disponible en: <<https://www.cdc.gov/vhf/ebola/history/distribution-map.html>> (consulta: 21 de abril de 2022).

- Centers for Disease Control and Prevention, National Center for Emerging and Zoonotic Infectious Diseases, Division of High Consequence Pathogens and Pathology y Viral Special Pathogens Branch [CDC, NCEZID, DHCPP, vSPB] (2019). Zika virus. Centers for Disease Control and Prevention [en línea]. Disponible en: <<https://www.cdc.gov/zika/about/overview.html>> (consulta: 21 de abril de 2022).
- Chiong, M. A. (1989). “Dr. Carlos Finlay and yellow fever”. *CMAJ: Canadian Medical Association Journal = Journal de l'Association Medicale Canadienne* 141 (11): 1126.
- Center for Infectious Disease Research and Policy [CIDRAP] (2014). Chikungunya outbreak exceeds 355,000 cases [en línea]. Disponible en: <<https://www.cidrap.umn.edu/news-perspective/2014/07/chikungunya-outbreak-exceeds-355000-cases>> (consulta: 2 de mayo de 2022).
- Cleaveland, Sarah, M. Karen Laurenson, y Louise H. Taylor (2001). “Diseases of humans and their domestic mammals: pathogen characteristics, host range and the risk of emergence”. *Philosophical Transactions of the Royal Society of London. Series B, Biological Sciences* 356 (1411): 991-999.
- Corman, Victor Max, Ndapewa Laudika Ithete, Leigh Rosanne Richards, M. Corrie Schoeman, Wolfgang Preiser, Christian Drosten, y Jan Felix Drexler (2014). “Rooting the phylogenetic tree of middle east respiratory syndrome coronavirus by characterization of a conspecific virus from an African bat”. *Journal of Virology* 88 (19): 11297-11303.
- Dawood, Fatimah S., A. Danielle Iuliano, Carrie Reed, Martin I. Meltzer, David K. Shay, Po-Yung Cheng, Don Bandaranayake, Robert F. Breiman, W. Abdullah Brooks, Philippe Buchy, Daniel R. Feikin, Karen B. Fowler, Aubree Gordon, Nguyen Tran Hien, Peter Horby, Q. Sue Huang, Mark A. Katz, Anand Krishnan, Renu Lal, Joel M. Montgomery, Kåre Mølbak, Richard Pebody, Anne M. Presanis, Hugo Razuri, Anneke Steens, Yeny O. Tinoco, Jacco Wallinga, Hongjie Yu, Sirenda Vong, Joseph Bresee, y Marc-Alain Widdowson (2012). “Estimated global mortality associated with the first 12 months of 2009 pandemic influenza A H1N1 virus circulation: a modelling study”. *The Lancet Infectious Diseases* 12 (9): 687-695.

- De Cock, Kevin M., Abdulsalami Salam Nasidi, J. Enriquez, Robert B. Craven, B. C. Okafor, Thomas P. Monath, P. M. Tukei, Paul Lichfield, Akinyele Fabiyi, Charlers Ravaonjanahary, y Sorungbe, A.O.O. (1988). "Epidemic yellow fever in eastern Nigeria, 1986". *The Lancet* 1 (8586): 630-633.
- Deng, Yu, Xiaoqing Xu, Xiawan Zheng, Jiahui Ding, Shuxian Li, Ho-Kwong Chui, Tsz-Kin Wong, Leo L. M. Poon, y Tong Zhang (2022). "Use of sewage surveillance for COVID-19 to guide public health response: A case study in Hong Kong". *The Science of the Total Environment* 821: 153250.
- Devlin, Hannah (2019). *Teenager recovers from near death in world-first GM virus treatment*. *The Guardian* [en línea]. Disponible en: <<http://www.theguardian.com/science/2019/may/08/teenager-recovers-from-near-death-in-world-first-gm-virus-treatment>> (consulta: 30 de abril de 2022).
- Faria, Nuno R., Andrew Rambaut, Marc A. Suchard, Guy Baele, Trevor Bedford, Melissa J. Ward, Andrew J. Tatem, João D. Sousa, Nimalan Arinaminpathy, Jacques Pépin, David Posada, Martine Peeters, Oliver G. Pybus, y Philippe Lemey (2014). "HIV Epidemiology. The early spread and epidemic ignition of HIV-1 in human populations". *Science* 346 (6205): 56-61.
- Faye, Oumar, Caio C. M. Freire, Atila Iamarino, Ousmane Faye, Juliana Velasco C. de Oliveira, Mawlouth Diallo, Paolo M. A. Zanotto, y Amadou Alpha Sall (2014). "Molecular evolution of zika virus during its emergence in the 20th century". *PLoS Neglected Tropical Diseases* 8 (1).
- Flint, Jane, Vincent R. Racaniello, Glenn F. Rall, Theodora Hatzioannou, y Anna Marie Skalka (2020). *Principles of virology, Multi-Volume*. ASM Press.
- Foster, Margaret (2021). *One health pandemic prevention and mitigation: The role of FDA*. Food and Drug Law Institute (FDLI) [en línea]. Disponible en: <<https://www.fdpi.org/2021/10/one-health-pandemic-prevention-and-mitigation-the-role-of-fda/>> (consulta: 4 de mayo de 2022).
- Galassi, Francesco M., Michael E. Habicht, y Frank J. Rühli (2017). "Poliomyelitis in ancient Egypt?". *Neurological Sciences* 38 (2): 375.
- Government Accountability Office [GAO]. (2011). *Biosurveillance: Nonfederal capabilities should be considered in creating a national biosurveillance strategy*. United States Government Accountability Office [en línea]. Dis-

- ponible en: <<https://www.gao.gov/products/gao-12-55>> (consulta: 3 de mayo de 2022).
- Gilbert, Natasha (2022). “Climate change will force new animal encounters - and boost viral outbreaks”. *Nature* [en línea]. Disponible en: <<https://doi.org/10.1038/d41586-022-01198-w>>.
- Grace, Delia, Johanna Lindahl, Francis Wanyoike, Bernard Bett, Tom Randolph, y Karl M. Rich (2017). “Poor livestock keepers: Ecosystem-poverty-health interactions”. *Philosophical Transactions of the Royal Society of London. Series B, Biological Sciences* 372 (1725).
- Gregory, Ann C., Ahmed A. Zayed, Nádia Conceição-Neto, Ben Temperton, Ben Bolduc, Adriana Alberti, Mathieu Ardyna, Ksenia Arkhipova, Margaux Carmichael, Corinne Cruaud, Céline Dimier, Guillermo Domínguez-Huerta, Joannie Ferland, Stefanie Kandels, Yunxiao Liu, Claudie Marec, Stéphane Pesant, Marc Picheral, Sergey Pisarev, Julie Poulain, Jean-Éric Tremblay, y Dean Vik (2019). “Marine DNA viral macro- and microdiversity from pole to pole”. *Cell* 177 (5): 1109-23.e14.
- Harper, D. (2022). *Virus | Etymology, origin and meaning*. [en línea]. Disponible en: <https://www.etymonline.com/word/virus>.
- Holmes, Edward C., Stephen A. Goldstein, Angela L. Rasmussen, David L. Robertson, Alexander Crits-Christoph, Joel O. Wertheim, Simon J. Anthony, Wendy S. Barclay, Maciej F. Boni, Peter C. Doherty, Jeremy Farrar, Jemma L. Geoghegan, Xiaowei Jiang, Julian L. Leibowitz, Stuart J. D. Neil, Tim Skern, Susan R. Weiss, Michael Worobey, Kristian G. Andersen, Robert F. Garry, y Andrew Rambaut (2021). “The origins of SARS-COV-2: A critical review”. *Cell* 184 (19): 4848-4856.
- Hopkins, Donald R. (1980). “Ramses V: Earliest known victim?” *World Health*; 1980 May pp. 22-26.
- Huang, Chaolin, Yeming Wang, Xingwang Li, Lili Ren, Jianping Zhao, Yi Hu, Li Zhang, Guohui Fan, Jiuyang Xu, Xiaoying Gu, Zhenshun Cheng, Ting Yu, Jiaan Xia, Yuan Wei, Wenjuan Wu, Xuelei Xie, Wen Yin, Hui Li, Min Liu, Yan Xiao, Hong Gao, Li Guo, Jungang Xie, Guangfa Wang, Rongmeng Jiang, Zhancheng Gao, Qi Jin, Jianwei Wang, y Bin Cao (2020). “Clinical

- features of patients infected with 2019 novel coronavirus in Wuhan, China”. *The Lancet* 395 (10223): 497-506.
- International Committee on Taxonomy of Viruses [ICTV] (2020). *Virus taxonomy: 2019 Release*. International Committee on Taxonomy of Viruses [en línea]. Disponible en: <<https://talk.ictvonline.org/taxonomy/>> (consulta: 29 de marzo de 2022).
- Jácome, Rodrigo, R. Carrasco-Hernández, José Alberto Campillo-Balderas, Yolanda López-Vidal, Antonio Lazcano, Richard P. Wenzel, y Samuel Ponce de León (2019). “A yellow flag on the horizon: The looming threat of yellow fever to North America”. *International Journal of Infectious Diseases* 87: 143-150.
- Johnson, Christine K., Peta L. Hitchens, Pranav S. Pandit, Julie Rushmore, Tierra Smiley Evans, Cristin C. W. Young, y Megan M. Doyle (2020). “Global shifts in mammalian population trends reveal key predictors of virus spillover risk”. *Proceedings of Biological Sciences / The Royal Society* 287 (1924): 20192736.
- Joint United Nations Programme on HIV and AIDS (junio de 2021). Global HIV & AIDS Statistics — Fact Sheet.[en línea]. Disponible en: <<https://www.unaids.org/en/resources/fact-sheet>>.
- Jorland, Gérard (2011). “La variole et la guerre de 1870”. *Les Tribunes de la santé* 33 (4): 25.
- Kelly, Heath, Heidi A. Peck, Karen L. Laurie, Peng Wu, Hiroshi Nishiura, y Benjamin J. Cowling (2011). “The age-specific cumulative incidence of infection with pandemic influenza H1N1 2009 was similar in various countries prior to vaccination”. *PLoS One* 6 (8): e21828.
- Kocher, Arthur, *et al.* (+177autores) (2021). “Ten millennia of hepatitis b virus evolution.” *Science* 374 (6564): 182-188.
- Larson, Greger, Umberto Albarella, Keith Dobney, Peter Rowley-Conwy, Jörg Schibler, Anne Tresset, Jean-Denis Vigne, Ceiridwen J. Edwards, Angela Schlumbaum, Alexandru Dinu, Adrian Ba˘la˘csescu, Gaynor Dolman, Antonio Tagliacozzo, Ninna Manaseryan, Preston Miracle, Louise Van Wijngaarden-Bakker, Marco Masseti, Daniel G. Bradley, y Alan Cooper (2007). “Ancient DNA, pig domestication, and the spread of the Neolithic

- into Europe”. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 104 (39): 15276-15281.
- Lavialle, Christian, Guillaume Cornelis, Anne Dupressoir, Cécile Esnault, Odile Heidmann, Cécile Vernochet, y Thierry Heidmann (2013). “Paleovirology of ‘syncytins’, retroviral env genes exapted for a role in placentation”. *Philosophical Transactions of the Royal Society of London. Series B, Biological Sciences* 368 (1626): 20120507.
- Lechevalier, H. (1972). “Dmitri Iosifovich Ivanovski (1864-1920)”. *Bacteriological Reviews* 36 (2): 135-145.
- LePan, Nicholas, Mark Belan, y Omri Wallach (2020). *Visualizing the history of pandemics* [en línea]. Disponible en: <<https://www.visualcapitalist.com/history-of-pandemics-deadliest/>> (consulta: 21 de abril de 2022).
- Li, Wendong, Zhengli Shi, Meng Yu, Wuze Ren, Craig Smith, Jonathan H. Epstein, Hanzhong Wang, Gary Crameri, Zhihong Hu, Huajun Zhang, Jianhong Zhang, Jennifer McEachern, Hume Field, Peter Daszak, Bryan T. Eaton, Shuyi Zhang, y Lin-Fa Wang (2005). “Bats are natural reservoirs of SARS-like coronaviruses”. *Science* 310 (5748): 676-679.
- Liu, Luzheng, Rahul Chavan, y Mark B. Feinberg (2008). “Dendritic cells are preferentially targeted among hematolymphocytes by modified vaccinia virus ankara and play a key role in the induction of virus-specific *t* cell responses *in vivo*”. *BMC Immunology* 9 (1): 1-14.
- Lustig, Alice, y Arnold J. Levine (1992). “One hundred years of virology”. *Journal of Virology* 66 (8): 4629-4631.
- Mallapaty, Smriti (2021). “Closest known relatives of virus behind COVID-19 found in Laos”. *Nature* 597 (7878): 603.
- Mallapaty, Smriti (2022). *COVID-19: How omicron overtook delta in three charts*. Nature Publishing Group UK [en línea]. Disponible en: <<https://doi.org/10.1038/d41586-022-00632-3>> (consulta: 03 de mayo de 2022).
- Mark, Joshua J. (2020). *Reactions to plague in the ancient & medieval world*. World History Encyclopedia [en línea]. Disponible en: <<https://www.worldhistory.org/article/1534/reactions-to-plague-in-the-ancient-medieval-world/>> (consulta: 21 de abril de 2022).

- Márquez, Luis M., Regina S. Redman, Russell J. Rodriguez, y Marilyn J. Roossinck (2007). "A virus in a fungus in a plant: Three-way symbiosis required for thermal tolerance". *Science* 315 (5811): 513-515.
- McCaa, Robert (1995). "Spanish and nahuatl views on smallpox and demographic catastrophe in Mexico". *The Journal of Interdisciplinary History* 25 (3): 397.
- McDonald, Jessica (2016). "Ocean viruses may have impact on earth's climate". *Science* [en línea]. Disponible en: <<https://doi.org/10.1126/science.aag0620>>.
- McTavish, Emily Jane, Jared E. Decker, Robert D. Schnabel, Jeremy F. Taylor, y David M. Hillis (2013). "New world cattle show ancestry from multiple independent domestication events". *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 110 (15): E13981406.
- Michaelis, Martin, Hans Wilhem Doerr, y Jindrich Cinatl Jr. (2009). "Novel swine-origin influenza a virus in humans: Another pandemic knocking at the door". *Medical Microbiology and Immunology* 198 (3): 175-183.
- Ng, Lee Ching, y Hapuarachchige C. Hapuarachchi (2010). "Tracing the path of chikungunya virus—evolution and adaptation". *Infection, Genetics and Evolution* 10 (7): 876-885.
- Niknamian, Soroush, y Zaminpira, Somayeh (2020). "The historical/evolutionary cause and possible treatment of pandemic COVID-19 (SARS-COV-2, 2019-CORONA VIRUS): world-war III: The blackout of the modern world by neglected small infectious agent". *Alternative Complementary & Integrative Medicine* 6 (2): 1-21.
- Oppenheim, A. Leo, y Louis F. Hartman (1945). "The domestic animals of ancient Mesopotamia according to the XIIIth tablet of the series HAR.ra = ḥubullû". *Journal of Near Eastern Studies*.
- Pan American Health Organization [PAHO] (2015). Number of reported cases of chikungunya fever in the americas, by country or territory 2013-2014. Pan American Health Organization [en línea]. Disponible en: <<https://www.paho.org/hq/dmdocuments/2015/2015-may-15-cha-CHIKV-cumulative-cases.pdf>> (consulta: 19 de abril de 2022).

- Reid, Ann. H., Thomas G. Fanning, Johan V. Hultin, y Jeffery K. Taubenberger (1999). "Origin and evolution of the 1918 'Spanish' influenza virus hemagglutinin gene". *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 96 (4): 1651-1656.
- Riedel, Stefan (2005). "Edward Jenner and the history of smallpox and vaccination". *Proceedings* 18 (1): 21-25.
- Ritchie, Hannah, y Max Roser (2017). *Meat and dairy production*. Our World in Data [en línea]. Disponible en: <<https://ourworldindata.org/meat-production>> (consulta: 3 de mayo de 2022).
- Rohde, Rodney E. (2020). "Common myths and legends of rabies". In *Rabies*, 69-78.
- Simpson, John, y Edmund S. Weiner (1989). *The Oxford English Dictionary*. Clarendon Press.
- Stephens, Dustin, y Mike Levine (2022). *Lessons from the 1918 Spanish flu epidemic*. *CBS News* [en línea]. Disponible en: <<https://www.cbsnews.com/news/lessons-from-the-1918-spanish-flu-epidemic/>> (consulta: 6 de mayo de 2022).
- Su, Shuo, Gary Wong, Weifeng Shi, Jun Liu, Alexander C. K. Lai, Jiyong Zhou, Wenjun Liu, Yuhai Bi, y George F. Gao (2016). "Epidemiology, genetic recombination, and pathogenesis of coronaviruses". *Trends in Microbiology* 24 (6): 490-502.
- Tao, Kaiming, Philip L. Tzou, Janin Nouhin, Ravindra K. Gupta, Tulio de Oliveira, Sergei L. Kosakovsky Pond, Daniela Fera, y Robert W. Shafer (2021). "The biological and clinical significance of emerging SARS-COV-2 variants". *Nature Reviews Genetics* 22 (12): 757.
- UNAIDS. (2021). *Global HIV & AIDS Statistics - Fact Sheet*. UNAIDS [en línea]. Disponible en: <<https://www.unaids.org/en/resources/fact-sheet>> (consulta: 21 de abril de 2022).
- Valleron, Alain-Jacques, Anne Cori, Sophie Valtat, Sofia Meurisse, Fabrice Carrat, y Pierre-Yves Boëlle (2010). "Transmissibility and geographic spread of the 1889 influenza pandemic." *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 107 (19): 8778-8781.

- Vasilakis, Nikos, Jane Cardoso, Kathryn A. Hanley, Edward C. Holmes, y Scott C. Weaver (2011). “Fever from the forest: Prospects for the continued emergence of sylvatic dengue virus and its impact on public health.” *Nature Reviews Microbiology* 9 (7): 532-541.
- Villa, Elisa (2020). “Lo que aprendimos de la Influenza Española”. El Universal [en línea]. Disponible en: <<https://www.eluniversal.com.mx/opinion/mochilazo-en-el-tiempo/lo-que-aprendimos-de-la-influenza-espanola>> (consulta: 2 de mayo de 2022).
- Villarejo, Esteban (2020). “Operación Balmis: honor a la expedición militar que salvó a miles de niños en América y Filipinas.” ABC.es [en línea]. Disponible en: <https://www.abc.es/espana/abci-operacion-balmis-honor-expedicion-militar-salvo-miles-ninos-america-y-filipinas-202003170227_noticia.html> (consulta: 2 de mayo de 2022).
- Vitruvius (1914). “Chapter IV the site of a city.” In *Ten Books on Architecture*, translated by Morris Hicky Morgan, 17-23. Cambridge: Oxford University Press.
- Weiss, Robin A., y Neeraja Sankaran (2022). “Emergence of epidemic diseases: Zoonoses and other origins.” *Faculty Reviews* 2.
- World Health Organization [WHO] (2003). “Summary of probable SARS cases with onset of illness from 1 november 2002 to 31 july 2003.” World Health Organization [en línea]. Disponible en: <<https://www.who.int/publications/m/item/summary-of-probable-sars-cases-with-onset-of-illness-from-1-november-2002-to-31-july-2003>> (consulta: 22 de abril de 2022).
- World Health Organization [WHO] (2011). Implementation of the international health regulations (2005). Report of the review committee on the functioning of the international health regulations (2005) in relation to pandemic (H1N1) 2009. [en línea]. Disponible en: <https://apps.who.int/gb/ebwha/pdf_files/WHA64/A64_10-en.pdf> (consulta: 18 de abril de 2022).
- World Health Organization [WHO] (2013). Yellow fever vaccination booster not needed. [en línea]. Disponible en: <<https://www.who.int/news/item/17->

- 05-2013-yellow-fever-vaccination-booster-not-needed> (consulta: 17 de abril de 2022).
- World Health Organization [WHO] (2019). Yellow fever. [en línea]. Disponible en: <<https://www.who.int/en/news-room/fact-sheets/detail/yellow-fever>> (consulta: 22 de abril de 2022).
- World Health Organization [WHO] (2020). WHO Director-general's opening remarks at the media briefing on COVID-19 - 11 march 2020." [en línea]. Disponible en: <<https://www.who.int/director-general/speeches/detail/who-director-general-s-opening-remarks-at-the-media-briefing-on-covid-19-11-march-2020>> (consulta: 19 de abril de 2022).
- World Health Organization [WHO] (2021). Tripartite and UNEP support OHHLEP's definition of 'one health. World Health Organization [en línea]. Disponible en: <<https://www.who.int/news/item/01-12-2021-tripartite-and-unep-support-ohhlep-s-definition-of-one-health>> (consulta: 4 de mayo de 2022).
- World Health Organization [WHO] (2022). MERS Situation Update | February 2022. [en línea]. Disponible en: <<https://applications.emro.who.int/docs/WHOEMCSR502E-eng.pdf?ua=1>> (consulta: 22 de abril de 2022).
- Woolhouse, Mark E. J., y Sonya Gowtage-Sequeria (2005). "Host range and emerging and reemerging pathogens." *Emerging Infectious Diseases* 11 (12): 1842-1847.
- Worldometer (2022). World population by year. Worldometer [en línea]. Disponible en: <<https://www.worldometers.info/world-population/world-population-by-year/>> (consulta: 6 de abril de 2022).
- Xiao, Xiao, Chris Newman, Christina D. Buesching, David W. Macdonald, y Zhao-Min Zhou (2021). "Animal sales from Wuhan wet markets immediately prior to the COVID-19 pandemic." *Scientific Reports* 11 (1): 11898.
- Xu, Rui-Heng, Jian-Feng He, Meiron R. Evans, Guo-Wen Peng, Hume E. Field, De-Wen Yu, Chin-Kei Lee, Hui-Min Luo, Wei-Sheng Lin, Peng Lin, Ling-Hui Li, Wen-Jia Liang, Jin-Yan Lin, y Alan Schnur (2004). "Epidemiologic clues to SARS origin in China." *Emerging Infectious Diseases* 10 (6): 1030-1037.

- Zambardino, Rudolph A. (1980). "Mexico's population in the sixteenth century: Demographic anomaly or mathematical illusion?" *The Journal of Interdisciplinary History* 11 (1): 1.
- Zimmer, Carl, Jonathan Corum, Sui-Lee Wee, y Matthew Kristoffersen (2020). "Coronavirus vaccine tracker". *The New York Times* [en línea]. Disponible en: <<https://www.nytimes.com/interactive/2020/science/coronavirus-vaccine-tracker.html>> (consulta: 2 de mayo de 2022).

Paisajes antropogénicos de México y zoonosis: hacia la construcción de paisajes sostenibles y saludables

5

Mariana Y. Alvarez-Añorve
Luis Daniel Avila-Cabadilla

Escuela Nacional de Estudios Superiores, Unidad Mérida, UNAM
Daniel Sokani Sánchez-Montes

Facultad de Ciencias Biológicas y Agropecuarias,
Universidad Veracruzana

Pablo Colunga-Salas

Instituto de Biotecnología y Ecología Aplicada,
Universidad Veracruzana

Sandra Álvarez-Betancourt

Escuela Nacional de Estudios Superiores, Unidad Mérida, UNAM
Julieta Benítez-Malvido

Instituto de Investigaciones en Ecosistemas y Sustentabilidad, UNAM

INTRODUCCIÓN

Zoonosis y su relación con el cambio de uso de suelo

Las enfermedades infecciosas han representado históricamente un severo problema para la salud pública humana y el desarrollo económico y social a nivel global. Actualmente se calcula que entre el 60% y el 80% de las infecciones emergentes que ocurren son zoonosis, es decir, son causadas por microorganismos que pueden transmitirse de animales vertebrados al hombre, y la mayoría de ellas (aproximadamente un 70%) proviene de la fauna silvestre. Estas

enfermedades son causadas por patógenos (bacterias, virus, parásitos y hongos) que “saltan”, es decir, se transmiten de los animales a las poblaciones humanas, hecho que involucra la interacción entre los animales silvestres, los animales domésticos y los humanos. Los patógenos circulan generalmente en comunidades de especies que fungen como hospederos que los mantienen, donde una especie de hospedero puede ser infectada por múltiples especies de patógenos, estableciéndose así complejas redes de interacciones que conectan a múltiples especies y permiten el salto de patógenos entre ellas (Zhang *et al.*, 2022). Las zoonosis pueden tener efectos devastadores, muestra de ello son aquellas causadas por patógenos como *Borrelia burgdorferi* (enfermedad de Lyme), Ebo-lavirus, VIH, NIV (virus Nipah), SARS-COV, H1N1, MERS-COV y SARS-COV-2.

A escala global, las zoonosis han emergido en mayor medida en las regiones tropicales debido a la combinación de las siguientes condiciones: tienen una alta riqueza de vertebrados, sus ecosistemas han sido severamente perturbados a consecuencia del cambio de uso de suelo y en ellas los asentamientos humanos presentan una alta densidad (Allen *et al.*, 2017). La mayor diversidad de especies en las regiones tropicales y, específicamente, de especies de mamíferos con los que estamos emparentados o tenemos una estrecha relación debido al uso que les damos o al espacio que compartimos (por ejemplo, mamíferos de los órdenes Primates, Artiodactyla, Rodentia, Carnivora y Chiroptera), determina que exista una mayor diversidad de patógenos a partir de los cuales se puede originar una zoonosis. No obstante, el riesgo de emergencia de una zoonosis está determinado en gran medida por los cambios que experimentan los ecosistemas naturales a causa del cambio de uso del suelo ocasionado por actividades como la ganadería, la agricultura, la silvicultura, la minería y el desarrollo urbano e industrial, que causan rápidas y extensas modificaciones de los ecosistemas y alteran sus atributos en diferentes niveles de organización, que van desde el nivel comunitario (composición, riqueza y diversidad taxonómica, funcional y filogenética), poblacional (diversidad genética y abundancia de las especies), hasta el individual (el estado fisiológico y la efectividad de la respuesta inmune). Esto, en sinergia con otros cambios globales como los del sistema climático, puede incrementar la incidencia y

prevalencia de ciertos patógenos y la tasa de contacto, entre individuos de la misma especie o de especies diferentes, promoviendo la emergencia de enfermedades zoonóticas.

El cambio de uso del suelo puede traer como consecuencias: a) una reducción en la diversidad de especies silvestres; b) el establecimiento de especies invasoras portadoras de patógenos (mamíferos de los órdenes Artiodactyla, Carnivora y Rodentia, aves de los órdenes Anseriformes, Gruiformes, Pelecaniformes, Phoenicopteriformes, Suliformes, Galliformes y Passeriformes e insectos del orden Diptera); c) la relajación de los mecanismos naturales de control de poblaciones debido a la pérdida de depredadores; d) una homogenización de la biota; e) el incremento en la abundancia de especies generalistas y sinantrópicas (adaptadas a las actividades humanas) que son reservorios (roedores, aves, murciélagos, zorros, mapaches) y vectores de patógenos y parásitos (mosquitos, chinches, garrapatas, pulgas); f) la pérdida de la conectividad del paisaje y, con ello, de la capacidad de desplazamiento de las especies; g) el hacinamiento de las especies en los remanentes de hábitat; h) la reducción de la diversidad genética de las poblaciones; i) la presencia de contaminantes como insecticidas, pesticidas o metales pesados, que afectan la función inmunológica de las especies; j) la generación de parches de recursos, como residuos de alimentos y hatos ganaderos susceptibles a ser empleados por especies hospederas y vectores; k) el incremento en la diversidad y densidad de ecotonos (interfase entre diferentes tipos de coberturas); l) el incremento en las poblaciones humanas; y m) el desarrollo de actividades como la cacería y el tráfico de fauna, todo lo cual puede incrementar el riesgo de zoonosis (Hassell *et al.*, 2017; Zhang *et al.*, 2022).

De forma general, se han propuesto dos hipótesis no excluyentes de mecanismos mediante los cuales el cambio de uso de suelo favorece la emergencia de enfermedades zoonóticas. La primera de ellas, conocida como la hipótesis de la perturbación, está referida a la alteración de la dinámica de los patógenos en las poblaciones y comunidades de especies hospederas, mientras que la segunda, hipótesis del conjunto de patógenos, al contacto entre las poblaciones humanas y de animales domésticos con patógenos a los cuales no se habían

expuesto anteriormente. La medida en que cada uno de estos mecanismos predomine sobre el otro va a depender de la naturaleza del cambio de uso de suelo y de los cambios específicos que se susciten en los sistemas ecológicos.

El cambio de uso de suelo puede alterar desde los atributos de la vegetación (composición y diversidad de plantas, complejidad estructural), que define las características biofísicas del hábitat inmediato en el que se desarrollan los animales, hasta los atributos del paisaje circundante (la composición de coberturas del suelo y su arreglo espacial). Todo esto determina, a su vez, cambios sustanciales en las condiciones ambientales (microclima), la disponibilidad y distribución espacial de los recursos (refugio y alimentos), la abundancia y distribución espacial de los organismos y la tasa de contacto entre las especies silvestres, los animales domésticos y los humanos. Los cambios en la vegetación y el paisaje pueden ocasionar la pérdida de especies y, con ellas, de sus patógenos y parásitos, lo que disminuye la diversidad de éstos. No obstante, aun en este escenario la explosión demográfica de unas pocas especies generalistas y sinantrópicas puede traer consigo un incremento en la prevalencia de sus parásitos y patógenos, lo cual puede incrementar el riesgo de una zoonosis. De hecho, se ha comprobado que la preservación de la biodiversidad local, incluyendo a las especies con requerimientos ecológicos especializados y que son menos efectivas como reservorios de patógenos, no sólo garantiza procesos ecológicos claves para el funcionamiento de los ecosistemas, sino que favorece una reducción en la prevalencia de patógenos con potencial zoonótico (hipótesis de la dilución) (Civitello *et al.*, 2015). La preservación de la diversidad biológica propia de los ecosistemas también juega un papel importante al limitar la entrada y el establecimiento de especies invasoras, muchas de las cuales son hospederas de uno o más patógenos causantes de zoonosis (por ejemplo, el 35.6 % de los animales invasores) y pueden presentar en promedio hasta 5.9 patógenos zoonóticos por especie (Zhang *et al.*, 2022).

Cabe resaltar que las características ecológicas de las especies que conforman las complejas redes de interacciones a través de las cuales se mueven los patógenos juegan un papel determinante en el riesgo de emergencia de enfermedades zoonóticas. Algunas de estas características incluyen el tamaño cor-

poral de los hospederos, su ámbito hogareño, el tamaño y número de camadas por año, su sistema de apareamiento, el nivel de la respuesta inmune, su tipo de refugio, el grado de socialización, los comportamientos migratorios y las estrategias y el hábitat de forrajeo, por mencionar algunas. No obstante, para la mayor parte de las especies de mamíferos a nivel global y específicamente en México no contamos con información detallada acerca de estas características. Aún persisten importantes sesgos en el conocimiento ecológico, el cual se ha generado en mayor medida para un número reducido de especies y en un número reducido de localidades. Lo anterior justifica el gran énfasis que debe hacerse en generar conocimiento ecológico básico de la historia natural de las especies, el cual constituye una base imprescindible para la generación de modelos ecológicos epidemiológicos robustos que permitan predecir las regiones con mayor riesgo de emergencia de enfermedades zoonóticas.

Entre los grupos de animales más relevantes como reservorios (hospederos de mantenimiento) de patógenos zoonóticos se encuentran los roedores y murciélagos, los cuales agrupan al mayor número de especies de mamíferos en México y a nivel global. Estos grupos de especies son reservorios de más de 200 patógenos zoonóticos conocidos, lo que puede deberse en gran medida a sus características de historia de vida y a su capacidad de respuesta a los disturbios antrópicos. Entre los atributos que se relacionan con la alta diversidad de patógenos zoonóticos se encuentran: (i) los hábitos coloniales que favorecen una alta tasa de contacto intraespecífico y transmisión de patógenos; (ii) la ocurrencia de varios eventos reproductivos a lo largo del año que están asociados con variaciones en la respuesta inmune y, por tanto, con infecciones en determinados periodos; (iii) la masa corporal, ya que una mayor masa corporal favorece una mayor diversidad de patógenos; (iv) la alta longevidad de algunas especies que permite el aumento en el periodo infeccioso de patógenos que causan enfermedades crónicas, como los virus; y (v) el alto nivel de simpatria (coexistencia con otras especies del mismo grupo), lo que favorece, sobre todo en el caso de los murciélagos, la transmisión interespecífica de patógenos (Luis *et al.*, 2013). Aunado a ello, varias de estas especies son sinantrópicas (por ejemplo, roedores) o se ven favorecidas por un cierto grado de disturbio antró-

pico (por ejemplo, murciélagos hematófagos y frugívoros), lo cual incrementa la tasa de contacto entre estas especies silvestres, las domésticas y los humanos, incrementándose así el riesgo de un evento zoonótico.

Asimismo, es importante considerar las actividades humanas que están asociadas con el cambio de uso de suelo y el riesgo de zoonosis. Entre éstas se encuentran las prácticas agrícolas, silvícolas y ganaderas, incluyendo la ganadería de traspatio; la caza y el uso de perros para realizarla; y el manejo y movimiento de animales y productos de origen animal, incluyendo la venta y el tráfico ilegal de fauna. Todo esto puede representar un contacto más estrecho entre la fauna silvestre, incluyendo especies vectores, como garrapatas, pulgas, mosquitos y flebotominos, los animales domésticos y los humanos (Alberca *et al.*, 2020; Nicholson *et al.*, 2020; Sgroi *et al.*, 2022). Es importante considerar también que una vez que el cambio de uso de suelo y las actividades humanas relacionadas han facilitado el evento zoonótico, su diseminación se va a ver favorecida por la acción conjunta de factores asociados con la urbanización, como el crecimiento acelerado de las poblaciones humanas, la expansión de la mancha urbana, los viajes y el comercio nacional e internacional. En muchos casos, los actores involucrados en las actividades que generan un alto riesgo de eventos zoonóticos no tienen conocimiento de que pueden estar expuestos, escenario que se agrava porque estas actividades se llevan a cabo en muchos casos en áreas rurales con acceso limitado a servicios médicos y veterinarios que permitan diagnosticar adecuadamente las enfermedades. Es por esto que son en extremo necesarios los programas de capacitación en medidas sanitarias y de bioseguridad para las personas involucradas en estas actividades y a la sociedad en general, para disminuir el riesgo de una zoonosis.

ACTIVIDADES ANTROPOGÉNICAS ASOCIADAS CON LA EMERGENCIA DE ZONOSIS

En todo el mundo, la emergencia de patógenos zoonóticos parece estar acelerándose por varias razones conforme las poblaciones humanas siguen cre-

ciendo mundialmente, lo que favorece el contacto estrecho con un número cada vez mayor de personas y animales silvestres, de compañía (mascotas) y de producción. El adelanto tecnológico de medios de transporte ha permitido circunnavegar el globo en menos del periodo de incubación de la mayoría de los agentes infecciosos, permitiéndoles evadir los periodos de cuarentena, además de que los cambios ecológicos y ambientales provocados por la actividad humana han favorecido la dispersión de hospederos, vectores y los agentes zoonóticos que portan (Jenkins *et al.*, 1989; Murphy, 1998; Sattenspiel, 2000; Coker *et al.*, 2011; Rupasinghe *et al.*, 2022). Adicionalmente, la alteración de las condiciones ambientales por el cambio de uso de suelo y la deforestación originan presiones de selección que afectan a los agentes infecciosos y retan al sistema inmune de los nuevos hospederos potencialmente susceptibles (Sattenspiel, 2000; Cutler *et al.*, 2010; Coker *et al.*, 2011; Rupasinghe *et al.*, 2022).

Dos de las actividades humanas que más han favorecido la emergencia de zoonosis son la ganadería y la agricultura (Pearson *et al.*, 2005; Woolhouse y Gowtage-Sequeria, 2005; Greger, 2007; Rushton, 2009; Cocker *et al.*, 2011). En el caso de la ganadería, durante el siglo XIX, a medida que las poblaciones humanas crecieron se observó, principalmente en Europa, una amplificación en el impacto de las enfermedades zoonóticas, hasta entonces definidas sólo como enfermedades infecciosas, lo cual fue controlado mediante la creación de servicios veterinarios e inversión en investigación y en sistemas educativos, generando beneficios no sólo en la producción ganadera sino en la salud humana (Rushton, 2009). Este primer auge de la ganadería generó grandes problemas zoonóticos, como la tuberculosis bovina y la brucelosis, que quedaron desatendidas en la población humana y causaron una gran morbilidad y mortalidad aun cuando fueron ampliamente controladas en ambientes pecuarios (Boschioli *et al.*, 2001; Fisher, 2007; Cocker *et al.*, 2011).

Posteriormente, en la década de 1980, en la conocida segunda revolución ganadera, originada por la expansión de sistemas de producción porcina y avícola intensiva (De Haan *et al.*, 2001; Cocker *et al.*, 2011), aumentó la disponibilidad de antibióticos y antiparasitarios para prevenir enfermedades y permitir condiciones subóptimas para mantener densidades altas de animales en criade-

ros. Sin embargo, se presentó otro aumento en enfermedades zoonóticas, como fue el caso de la influenza aviar, además de la aparición de resistencia a los antimicrobianos (Pearson *et al.*, 2005; Greger, 2007; Coker *et al.*, 2011). Finalmente fue a partir de la década de 1990 cuando comenzó el incremento exponencial de zoonosis en la población humana debido, principalmente, al contacto entre la fauna silvestre con animales de producción y humanos, provocado por la transformación a gran escala de ambientes silvestres en zonas ganaderas (Slingenbergh *et al.*, 2004; Cutler *et al.*, 2010; Coker *et al.*, 2011; Gong *et al.*, 2021).

Adicionalmente, el almacenamiento inadecuado de alimento para ganado ha tenido efectos explosivos en el incremento de poblaciones de roedores sinantrópicos, como los miembros del género *Rattus* y *Mus musculus*. En Estados Unidos se evidenció a inicios de la década de 1920 que el incremento en los casos de tifo murino causado por *Rickettsia typhi* se presentaban principalmente en regiones pecuarias en la costa oeste del país, así como en estados limítrofes con México. Esto llevó a una intensa campaña de eliminación de roedores con la intención de disminuir la incidencia de esta patología febril, que causaba incapacidad laboral en los trabajadores del campo, lo cual tenía repercusiones económicas importantes (Azad *et al.*, 1997; Anstead *et al.*, 2020a; 2020b).

En el caso de la agricultura, a medida que las comunidades humanas que se dedicaban a esta actividad se asentaron y crecieron en áreas fijas, se favoreció su exposición a sus propios desechos, así como a reservorios de patógenos como roedores domésticos, que lograron establecerse en ambientes cercanos a las viviendas (Armelagos *et al.*, 2005; Pearson *et al.*, 2005; Greger, 2007). Un claro ejemplo del impacto de la producción intensiva de monocultivos en el incremento de la incidencia de agentes transmitidos por la presencia de roedores fue, y sigue siendo, la leptospirosis. Esta es una zoonosis bacteriana ampliamente distribuida en el mundo, causada por 25 especies de bacterias espiroquetas con extremos en gancho pertenecientes al género *Leptospira*, las cuales habitan ambientes pantanosos y se encuentran asociadas con alrededor de 160 especies de mamíferos silvestres y domésticos. En el sureste asiático, principalmente Tailandia, Camboya y Laos, el cultivo de arroz como producto básico para la alimentación es también la principal fuente de

riesgo para la transmisión comunitaria de leptospirosis. A medida que se incrementan las áreas destinadas para el cultivo de estos cereales también se generan condiciones para que algunas especies de roedores se vean favorecidas, desplazando a otros miembros de la comunidad de roedores nativa, en un fenómeno denominado ratonización. Esto conlleva a un incremento en la densidad poblacional de algunas especies de los géneros *Rattus* y *Mus*, las cuales son reservorios amplificadores de diversas especies de *Leptospira*, entre las que destacan *L. interrogans* y *L. borgpetersenii* (Ivanova *et al.*, 2012; Cosson *et al.*, 2014). El personal dedicado a la cosecha de los granos de arroz entra en contacto con agua contaminada con orina de estos roedores, razón por la cual los casos de leptospirosis se han incrementado de manera acelerada, así como las defunciones por una complicación denominada como el síndrome de Weill. Se estima que anualmente se producen cerca de 500,000 casos nuevos de leptospirosis, la mayoría en los tres países asiáticos mencionados (Victoriano *et al.*, 2009; Cosson *et al.*, 2014). En México se tiene el registro de al menos cinco especies de *Leptospira* que infectan a diversas especies de artiodáctilos (venados, bóvidos, pecaríes, cabras, etc.), carnívoros, murciélagos y roedores en 14 estados del país.

Otra de las grandes consecuencias del asentamiento humano y la transformación de áreas selváticas en monocultivos es la expansión de la malaria o paludismo, zoonosis causada por protozoarios del género *Plasmodium* (Hume *et al.*, 2003; Basurko *et al.*, 2013; Zohdy *et al.*, 2016). Se cree que la diseminación de estos protozoarios fue originada ante la diversificación, especiación y propagación de sus vectores (mosquitos hematófagos del género *Anopheles*), lo cual se asocia con el aumento del área agrícola (Greger, 2007). Por otro lado, *Yersinia pestis*, agente de la zoonosis que involucra a ratas negras (*Rattus rattus*), a la pulga de la peste (*Xenopsylla cheopis*) y al humano, mejor conocida como peste bubónica, peste neumónica o peste septicémica, se ha identificado como una clona de elevada virulencia del bacilo relativamente benigno *Yersinia pseudotuberculosis*. Este origen se estima que ocurrió hace 1,500-2,000 años atrás, lo que coincide con uno de los grandes auges de la agricultura (Achtman *et al.*, 1999). Otro claro ejemplo del efecto que tiene

el incremento desmedido de la mancha urbana son las zonas marginadas que se han expandido a ecosistemas nativos, perturbando las interacciones entre garrapatas blandas y roedores. Así, en el continente Africano, los asentamientos humanos brindan cobijo a especies nativas de roedores de las familias Ctenodactylidae, Dipodidae, Muridae, Nesomyidae y Sciuridae, que son la fuente nutricional de las garrapatas *Ornithodoros sonrai*, las cuales también se alimentan de los pobladores humanos y les transmiten *Borrelia crocidurae*, causante de fiebre recurrente (Trape *et al.*, 2013; Jakab *et al.*, 2022).

Es de esperarse que, dado que las actividades agrícolas y ganaderas continúan intensificándose a nivel global conforme crece la demanda debido al aumento poblacional, de continuar con los mismos hábitos y el mismo modelo de expansión agropecuaria que ha predominado hasta ahora, estamos condenados a éstas y nuevas enfermedades, epidemias y pandemias, con todas sus implicaciones. Cambiar nuestros hábitos, nuestro modo de producir, nuestra relación con los ecosistemas naturales y la biodiversidad, garantizando al máximo su protección y una sana distancia de nosotros y nuestras especies domésticas es la única forma de cambiar ese destino.

CAMBIO DE USO DE SUELO EN MÉXICO Y SU RELACIÓN CON ENFERMEDADES ZONÓTICAS

En México, como en la mayoría del planeta, el aumento exponencial de la población y las presiones humanas sobre los recursos naturales han mermado la capacidad de resistencia, resiliencia y la salud de los ecosistemas, y han acelerado la disminución de sus superficies originales, comprometiendo su permanencia a corto y mediano plazo, amenazando así a la salud humana (Leija y Mendoza, 2021).

La deforestación ha sido la principal causa de la pérdida de la cubierta arbórea en el mundo (más de 68.4 millones de hectáreas de bosques primarios a nivel mundial durante el periodo de 2002 a 2021, según Global Forest Watch) y actualmente Latinoamérica tiene el potencial más grande para la expansión

agrícola a nivel global (Furumo y Aide, 2017), con todo lo que eso implica en términos de cambio de uso de suelo y riesgo de enfermedades. En México, en particular, el 83% de la deforestación ha ocurrido en los bosques tropicales, bosques templados y matorrales, siendo los bosques tropicales y los bosques de montaña los más vulnerables; además, los bosques tropicales secos en particular, se encuentran entre los más vulnerables debido a que se encuentran entre los menos considerados en términos de conservación (Koleff *et al.*, 2009; Prieto-Torres *et al.*, 2016; 2018).

Más del 70% de la deforestación se ha debido a la expansión de la ganadería y agricultura de riego y, a partir de 2002, se detectó incluso un incremento en la tasa de deforestación de los bosques primarios. A causa de esto, los bosques tropicales perennifolios, por ejemplo, podrían perder hasta el 46% de su cobertura en el país en comparación con su extensión en 1993 (Mendoza-Ponce *et al.*, 2018; 2019). Mas aún, la deforestación tiende a ser mayor en áreas más biodiversas (Mas *et al.*, 2010), por lo que representa la amenaza más seria no sólo a la conservación de la biodiversidad en México sino a nuestra salud humana y agropecuaria, ya que este tipo de alteraciones están vinculadas con los brotes de enfermedades (Montes de Oca *et al.*, 2022). Por lo tanto, en nuestros bosques tropicales, el origen de nuevas enfermedades y el aumento en la prevalencia de las enfermedades endémicas tienden a incrementarse.

En los bosques tropicales transformados, la modificación de los grupos de especies presentes establece nuevos reservorios de enfermedades o crea huéspedes intermedios para las infecciones humanas. Además, la introducción de especies domésticas que sirven como alimento a la fauna silvestre (como el ganado), afecta su dieta directamente a través de diferencias en la calidad nutricional y la exposición a nuevos patógenos y antibióticos, o indirectamente al alterar su microbioma. Por ejemplo, el riesgo de rabia en humanos puede incrementarse por el cambio de uso de suelo debido a la extirpación de la fauna salvaje por caza o deforestación, lo que aumenta la frecuencia con la que los murciélagos vampiros se alimentan de humanos o del ganado introducido (Streicker y Allgeier, 2016). Algo similar podría ocurrir con el riesgo de

enfermedades transmitidas por moscos, garrapatas, chinches, pulgas y otros organismos similares. Estos escenarios de riesgo son considerados como una amenaza de salud pública y veterinaria en toda América (Kuzmin *et al.*, 2012).

En el estado de Yucatán, por ejemplo, se ha reportado que el cambio de uso de suelo no sólo permite la persistencia de las especies de moscas de la arena (flebotominos) que transmiten la leishmaniasis a los humanos, sino que favorecen su dominancia. Ésta es una enfermedad causada por un microorganismo (*Leishmania*) transmitido por las moscas de la arena, que en los humanos produce desde úlceras cutáneas hasta lesiones fatales, en las cuales se presenta inflamación grave del hígado y el bazo. Es una enfermedad zoonótica que afecta tanto a perros como a humanos. El aumento de la dominancia de la mosca de la arena en las áreas perturbadas incrementa el riesgo de que ocupen viviendas humanas donde encuentren no sólo refugio sino también una fuente de alimentación suficiente, tanto en humanos como en sus animales domésticos (proceso de domiciliación), lo cual puede conducir a cambios en los patrones de transmisión de la leishmaniasis (Montes de Oca *et al.*, 2022). Estos fenómenos son preocupantes porque los bosques del sureste son los más expuestos a la deforestación con tasas más altas que el promedio nacional (Mendoza-Ponce *et al.*, 2018). En la península de Yucatán, la pérdida de bosques nativos se ha incrementado desde el 2005, en mayor medida en las propiedades privadas y federales que han sido adquiridas legal o ilegalmente en comparación con los ejidos. En el estado de Campeche, la propiedad privada perteneciente a los menonitas es la que ha experimentado la mayor pérdida de cobertura boscosa debido al modelo de producción agroindustrial de este grupo social. Esto significa que las políticas y los programas de gobierno para conservar el bosque en la región, que contemplan principalmente a los ejidos, necesitan también considerar la expansión de la propiedad privada (por ejemplo, desarrollos turísticos, desarrollos agroindustriales, desarrollos urbanos y granjas porcícolas) dentro de terrenos federales y trabajar de forma más cercana con los dueños de estas propiedades (Ellis *et al.*, 2017).

La deforestación debido a la creciente producción de palma de aceite es también otro motivo de preocupación en el sur de México (por ejemplo,

en Chiapas), ya que se está expandiendo en estos paisajes de bosque tropical húmedo y México es un importante consumidor de este producto, y el principal importador de aceite de palma en la región (Furumo y Aide, 2017). Adicionalmente, en la cuenca del Grijalva-Usumacinta se calcula que del 36% al 50% de los bosques tropicales podrían ser deforestados para el 2030, dependiendo de cómo se establezcan las medidas de conservación, las estrategias para reformar los sistemas agrícolas, las políticas forestales, las políticas de tenencia de la tierra y el manejo de riesgos (Kolb y Galicia, 2018). En cuanto a los bosques de manglar, éstos también han sufrido grandes pérdidas, principalmente en Tabasco y Tamaulipas, a causa de los cultivos, la cría de animales y la construcción de infraestructura (Valderrama *et al.*, 2014). Los bosques tropicales del sur de México son los sitios con el mayor potencial zoonótico en el país, por ser ecosistemas muy diversos con una alta densidad poblacional, en donde se maximiza el contacto entre humanos, sus especies domésticas y la fauna salvaje.

En cuanto a los bosques templados y montanos, los parches de bosque primario también están en proceso de aislamiento conforme se acrecienta la dominancia de los bosques secundarios debido al desarrollo de áreas rurales, así como a prácticas y políticas de uso de suelo inapropiadas. En estos bosques, los incendios son pobremente prevenidos y controlados, y son causados muchas veces por una acumulación de biomasa resultante de un manejo inapropiado. La mayor recurrencia de sequías también juega un rol importante al producir condiciones apropiadas para incendios, plagas y enfermedades. En el norte de México, en particular, los bosques templados han experimentado una reducción en su productividad y han estado sujetos a un continuo proceso de degradación debido a la tala ilegal (Legarreta-Miranda *et al.*, 2021). En la cuenca del Grijalva-Usumacinta se calcula que del 60% al 73% de los bosques templados podrían ser deforestados para el 2030 (Kolb y Galicia, 2018). Mientras tanto, los bosques montanos están altamente amenazados no sólo por las actividades antrópicas sino también por el cambio climático que limita grandemente su distribución original, y existen evidencias de que su degradación está vinculada con una mayor prevalencia de patógenos en las especies que fungen como vectores. Por ejemplo, estudios realizados en mos-

quitos indican que éstos presentan el patógeno de la malaria aviar y además se alimentan de humanos, murciélagos y animales domésticos en las zonas urbanas y periurbanas de los bosques montanos (Abella-Medrano *et al.*, 2018). Para las aves mismas, la prevalencia del parásito es mayor en las zonas urbanas que en los bosques bien conservados, por lo que un incremento en la transformación de los bosques montanos puede aumentar la frecuencia y severidad de las infecciones para las aves y otros grupos de fauna silvestre y doméstica, amplificando el riesgo de zoonosis (Hernández-Lara *et al.*, 2017).

En otros ecosistemas y regiones del país, la demanda nacional e internacional de productos agrícolas también es un importante detonante del cambio de uso del suelo, así como de la degradación y pérdida del hábitat. Además, el incremento de pastizales (asociado con el incremento en el consumo de carne), aunque ocurre en mayor medida en el bosque tropical húmedo (Veracruz, Chiapas, Yucatán), es un problema creciente en toda la nación (Bonilla-Moheno *et al.*, 2020). Cabe señalar que las actividades antrópicas no son las únicas causantes de la deforestación; también lo son las políticas incongruentes, inefectivas o insuficientes de conservación (Kolb y Galicia, 2018). En todo el país, las decisiones sobre el manejo colectivo de los bosques, la mayoría de los cuales pertenecen a particulares o ejidos, están a menudo sujetas a cambios arbitrarios debido al cambio de las autoridades locales, lo que dificulta de manera importante el manejo sustentable de estos ecosistemas (Legarreta-Miranda *et al.*, 2021). Nuevamente, al igual que en los bosques tropicales, el estado actual de la mayoría de los bosques templados y montanos es adverso para preservar la biodiversidad y el funcionamiento de estos ecosistemas, lo cual resulta propicio para la emergencia de enfermedades.

ZOONOSIS TRANSMITIDAS POR VECTORES EN MÉXICO

Un grupo particular de enfermedades que afectan a poblaciones humanas vulnerables en regiones tropicales de Latinoamérica son las enfermedades transmitidas por animales invertebrados hematófagos, conocidos como vectores,

que incluyen a grupos de especies como piojos, pulgas, chinches y garrapatas. Dentro de este grupo desatendido de artrópodos, las enfermedades transmitidas por garrapatas son las que resaltan en importancia, pues su incidencia en la población humana ha ido en aumento en varios lugares de Latinoamérica, provocando la emergencia de enfermedades.

A nivel mundial se reconoce la existencia de alrededor de 950 especies de garrapatas pertenecientes a cuatro familias, entre las cuales destacan Ixodidae (garrapatas duras que tienen una placa en el dorso que les limita su crecimiento al alimentarse) y Argasidae (garrapatas blandas o que carecen de la placa rígida, lo que les permite engullir mayor cantidad de sangre). Múltiples especies de garrapatas han sido incriminadas con la transmisión de agentes virales (por ejemplo, virus de Crimea-Congo o algunos virus causantes de encefalitis), parasitarios (por ejemplo, *Babesia* y filarias) y bacterianos (por ejemplo, *Rickettsia* y *Borrelia*).

En particular, los patógenos transmitidos por vectores causantes del síndrome febril hemorrágico agudo resultan un reto para la clínica debido a la poca especificidad del cuadro clínico y a la falta de herramientas para su diagnóstico diferencial en laboratorios convencionales. Dentro de estas patologías encontramos la bartonelosis, borreliosis, leptospirosis y rickettsiosis, que son causantes de fiebre, dolor de cabeza y muscular; estas infecciones pueden agravarse y llegar a causar fallas respiratorias, renales y neuronales que pueden provocar la muerte en más del 30% de los casos. Estas enfermedades están asociadas con la presencia de fauna silvestre, en particular con mamíferos, de los que resalta el orden Rodentia (ratas, ratones, puercoespines, ardillas, castores, tuzas, jerbos y capibaras). Este orden de mamíferos se diversificó durante el Eoceno y su éxito evolutivo radica en tres factores clave: el desarrollo de especializaciones únicas para su estilo de vida, la reducción del tamaño corporal y el desarrollo de un par de incisivos en forma de cincel que les permiten alimentarse de casi cualquier recurso nutricional (Vaughan *et al.*, 2000; Wilson y Reeder, 2005). Aunado a ello, el grupo presenta una elevada tasa reproductiva (Vaughan *et al.*, 2000). Todas estas características determinaron no sólo

la diversificación del grupo, sino también el establecimiento de una serie de asociaciones con otros organismos, como los patógenos.

Los roedores pueden albergar una gran variedad de ectoparásitos, es decir, parásitos que colonizan sitios como el interior y la superficie de la piel y el pelo (Hopla *et al.*, 1994), debido a su espeso pelaje y a sus hábitos gregarios y nidícolas que permiten el desarrollo y transmisión de insectos (piojos, pulgas, chinches y larvas de dípteros) y ácaros (garrapatas) (Harwood y James, 1987; Krantz y Walter, 2009). Estos organismos, a su vez, transmiten una gran cantidad de agentes potencialmente patógenos, como bacterias de los géneros *Bartonella*, *Borrelia* y *Rickettsia*. Estos microorganismos tienen ciclos de vida complejos, con múltiples hospederos y vectores que pueden entrar en contacto con poblaciones humanas y generar brotes con una elevada mortalidad, sobre todo en ambientes que favorezcan su persistencia. En México, estos agentes han sido poco estudiados, con reportes aislados de humanos, vectores o de fauna infectada. De hecho, a pesar de que desde inicios del siglo xx se reconoce la existencia de al menos 14 especies de rickettsias y seis de borrelias en garrapatas (algunas de ellas causantes de rickettsiosis y fiebres recurrentes), es escaso el conocimiento relacionado con su ecoepidemiología en zonas tropicales.

Para el patógeno del género *Bartonella* se han detectado cinco especies (*B. grahamii*, *B. hanselae*, *B. quintana*, *B. vinsonii* y *B. washoensis*) asociadas principalmente con pulgas y piojos de roedores y carnívoros medianos del norte del país. De igual manera, se han encontrado en roedores, piojos y humanos en la Ciudad de México, San Luis Potosí y la península de Yucatán (Alcántara *et al.*, 2009; Vega-López *et al.*, 2010; Rubio *et al.*, 2014; Fernández-González *et al.*, 2016; Sánchez-Montes *et al.*, 2016; Schulte Fischeidick *et al.*, 2016; López-Pérez *et al.*, 2017).

En particular, el estudio de las borreliosis (infecciones parecidas a la enfermedad de Lyme) en México es muy reciente, con un primer trabajo en el cual se confirmaron tres casos clínicos (Arroyave y Tamez-González, 1994) y un primer caso confirmado por biología molecular en el estado de Veracruz (Colunga-Salas *et al.*, 2021a). En el caso de la fauna silvestre, se ha registrado

este tipo de patógenos asociados con garrapatas en los estados de Nuevo León y Tamaulipas (Gordillo-Pérez *et al.*, 2009). Por otro lado, los únicos reportes de hospederos son el venado cola blanca (*Odocoileus virginianus*) en el noreste del país, el murciélago cola peluda canoso (*Lasiurus cinereus*), el murciélago hondureño de hombros amarillos (*Sturnira parvidens*), ambos en el centro del país (Martínez *et al.* 1999; Colunga-Salas *et al.* 2021b), y en roedores cricétidos en dos regiones de la cuenca del río Atoyac, en los estados de Guerrero y el Estado de México (Colunga-Salas *et al.* 2021b).

Para el género *Rickettsia*, en México se han reportado cinco especies causantes de enfermedades en los seres humanos y transmitidas por diversas especies de pulgas, piojos y garrapatas: el agente de la viruela rickettsial (*R. akari*), los dos miembros del grupo de los tifos (*R. prowazekii* y *R. typhi*) y dos agentes del grupo de las fiebres manchadas (*R. felis* y *R. rickettsii*) (Labruna *et al.*, 2011; Sánchez-Montes *et al.*, 2021). Aun con los escasos estudios de *Rickettsia* spp. en mamíferos silvestres y sus ectoparásitos que se han realizado en el país hasta la fecha, este patógeno se ha encontrado asociado principalmente con 13 especies de roedores pertenecientes a las familias Cricetidae y Muridae, en las que se han detectado infecciones por tres distintas rickettsias (*R. felis*, *R. rickettsii* y *R. typhi*) (Sánchez-Montes *et al.*, 2021). En los últimos años, también se han incrementado los reportes de fiebre recurrente y maculosa causada por *Rickettsia parkeri* en los estados de Sonora y Yucatán, respectivamente. Se postula también que el cambio climático tiene un fuerte impacto en las garrapatas al modificar su fenología y modificar su distribución geográfica.

MEDIDAS PARA MINIMIZAR LA PREVALENCIA DE ZONOSIS

Ante los escenarios antes descritos, para mitigar el riesgo de emergencia de enfermedades en los diferentes ecosistemas y paisajes del país, requerimos, en primera instancia, modificaciones profundas y urgentes en las políticas que regulan el cambio de uso de suelo, la conservación de la biodiversidad y la

forma en la que ordenamos o manejamos el paisaje, con especial cuidado en los sistemas más biodiversos. Como se mencionó anteriormente, estas políticas deben contemplar todo tipo de tenencia de la tierra: ejidos, terrenos federales, propiedad privada, etc. Hasta ahora, la mayor parte del control de las zoonosis ha estado enfocado en un conjunto de medidas que se implementan con posterioridad a la emergencia de salud, como el confinamiento y la vacunación. Sin embargo, la mayor parte de los esfuerzos deben dirigirse hacia la implementación de programas de prevención, monitoreo y control temprano de patógenos en los ecosistemas donde es más probable su emergencia, lo cual permitiría contener rápidamente a los patógenos y limitar su dispersión y los consecuentes impactos económicos y de salud.

A nivel de paisaje, mantener su conectividad juega un papel clave en la conservación de la biodiversidad y el mantenimiento de las funciones ecológicas. Por ejemplo, en la península de Yucatán, Williams *et al.* (2017) encontraron que la combinación de agricultura de alto rendimiento concentrada en ciertas zonas y la conservación del hábitat en grandes extensiones de tierra (*land sparing*), permitiría poblaciones más grandes de la mayoría de las especies y mayores almacenes de carbono que un uso de más baja intensidad pero extendido en el territorio (*land sharing*) u otras estrategias intermedias. Si esta estrategia de *land sparing* se combina además con la reducción en la demanda de carne, esto disminuiría la presión sobre las poblaciones silvestres y en los almacenes de carbonos regionales, al tiempo que haría la tierra más adecuada para la restauración. Entonces, permitir una mayor extensión, una mayor biodiversidad y funcionalidad del hábitat en las zonas no utilizadas o protegidas probablemente mitigaría el riesgo de zoonosis en nuestros paisajes tropicales. Adicionalmente, la delimitación y vigilancia activa de áreas de riesgo que reduzcan el contacto entre humanos y fauna silvestre permitirá disminuir tanto la transmisión de enfermedades ya existentes como el surgimiento de nuevas zoonosis, minimizando también grandes pérdidas de diversidad; todo esto con miras a construir paisajes más sostenibles y saludables en los diferentes escenarios nacionales.

Para generar este tipo de estrategias y acciones se requieren estudios ecológicos detallados de cómo las actividades humanas afectan la distribu-

ción, abundancia y salud de las diferentes especies en los paisajes antropogénicos, más que sólo considerar métricas gruesas, como el número de especies que se encuentra en un lugar. Dado que hasta ahora gran parte de los estudios acerca de la emergencia de zoonosis se han llevado a cabo a escala global y regional, con muy pocos estudios que evalúen localmente la relación entre la perturbación de los ecosistemas por disturbios antrópicos y la emergencia de enfermedades, es urgente la realización de estudios con un enfoque local que contemplen las combinaciones únicas de factores ambientales y especies que definen a nuestros ecosistemas particulares. Esto permitirá conocer los mecanismos que subyacen a la emergencia de enfermedades y conformar modelos ecoepidemiológicos robustos en nuestro contexto actual de cambio de uso del suelo. Se requiere, asimismo, profundizar en el funcionamiento de los hábitats antropogénicos que serán comunes en el futuro cercano, como zonas urbanas y periurbanas, con énfasis en su presencia en zonas tropicales, para entender cómo se pueden alterar las interacciones hospedero-parásito y convertir a los patógenos de la vida silvestre en un problema de salud pública (Abella-Medrano *et al.*, 2015). Además, es necesario poner atención en el entendimiento del paisaje antropogénico en las fronteras, donde hay migraciones humanas cada vez más grandes y activas, como en las fronteras norte y sur de México (Esteve-Gassent *et al.*, 2014).

Por otra parte, a pesar de que el estudio de las interacciones patógeno-hospederos ha sido ampliamente abordado por ecólogos, zoólogos, parasitólogos y otros científicos dedicados a diversas ramas de la biología, son pocos los trabajos antropológicos sobre enfermedades zoonóticas. La mayoría de los estudios antropológicos en epidemiología siguen los trabajos de Frederick Dunn, uno de los primeros en mencionar la importancia de la inclusión de observaciones detalladas del comportamiento humano, desde el punto de vista psicológico, social, socioeconómico y cultural, en los estudios epidemiológicos y en el control de enfermedades (Dunn, 1979; Sattenspiel, 2000). Una de las enfermedades que Dunn (1979) incluyó fue la tripanosomiasis americana o enfermedad de Chagas, enfermedad zoonótica causada por el protozoario *Trypanosoma cruzi*. Con respecto a esta zoonosis, el autor hace hincapié en que su control debe abordarse

principalmente a través de la educación y el mejoramiento de la vivienda, con énfasis en la mejora de las viviendas tradicionales existentes, empleando medios económicos y sencillos para evitar que las chinches, los vectores de este protozoo, se establezcan, lo cual ayuda a su control. Algo notorio es que, a pesar que este trabajo tiene más de 40 años, los métodos sugeridos siguen siendo parte de los planes estratégicos para el control de la enfermedad de Chagas en varios países latinoamericanos (Secretaría de Salud, 2003; Organización Panamericana de la Salud [OPS] y Organización Mundial de la Salud [OMS], 2010; Centro Nacional de Programas Preventivos y Control de Enfermedades [CENAPRECE], 2013; Instituto Nacional de Salud, 2022). Este ejemplo representa un avance en la planificación de la investigación y el control de enfermedades zoonóticas: en primer lugar, por la perspectiva transdisciplinaria al incorporar ciencia básica y de frontera con aspectos sociales y económicos; y, en segundo lugar, por el énfasis en la responsabilidad del control de esta zoonosis en las comunidades humanas (Dunn, 1979; Sattenspiel, 2000; OPS y OMS, 2010).

En este sentido, a nivel local o personal, las principales acciones que se pueden implementar para disminuir el riesgo de infección por agentes zoonóticos son, claramente, evitar el contacto y manipulación innecesaria de fauna silvestre. Aunque es bien conocido que existe fauna sinantrópica en la gran mayoría de los ambientes antropizados, sin olvidar la gran biodiversidad en ambientes rurales, es importante tener en cuenta que el manejo inadecuado puede favorecer el intercambio de agentes patógenos que originalmente están restringidos a una especie (Artois *et al.*, 2011; Magouras *et al.*, 2020; Colunga-Salas y Hernández-Canchola, 2021). Cuando es inevitable exponerse al contacto con la fauna silvestre, debe usarse equipo de protección personal contra los vectores o animales que funjan como reservorios de patógenos, como vestimenta de manga larga, guantes y mascarillas.

En el caso de los vectores, es indispensable tomar medidas para la eliminación de criaderos, como disminuir los almacenes de agua estancada sin tapa en el caso de los mosquitos, y en la medida de lo posible tener piso firme y revestimiento en paredes. En el caso de las garrapatas, para mitigar la emergencia y reemergencia de enfermedades transmitidas por ellas es recomendable: i) realizar estudios para su monitoreo y control; ii) emplear racionalmente

los ixodicidas y realizar la rotación de potreros; iii) limitar la convivencia entre diferentes especies de animales de producción y compañía; iv) implementar técnicas de diagnóstico diferenciales para identificar los patógenos y utilizar guías médicas para abordar estas patologías en humanos; y v) desarrollar e implementar programas de educación para la salud (por ejemplo, promover el uso de ropa clara al momento de trabajar en zonas con garrapatas para facilitar su detección y remoción). En general, en todos los escenarios es necesaria la educación sanitaria basada en la comunidad, para asegurar que las medidas, una vez que comiencen, continúen y puedan ser evaluadas o, en su caso, replanteadas, para poder cuantificar su éxito.

Finalmente, es importante señalar que, aunque la mayor parte de la atención se ha centrado en la relación entre el cambio de uso de suelo y la emergencia de enfermedades zoonóticas, este cambio favorece también las zooantroposis (el salto de patógenos propios de los humanos hacia la fauna silvestre), lo cual ocasiona importantes pérdidas de la diversidad biológica y, con ello, de los procesos ecológicos y los servicios ecosistémicos, retroalimentando el riesgo de nuevas zoonosis. Así, las políticas y los esfuerzos de investigación no deben centrarse únicamente en las enfermedades que impactan la salud humana, sino también en las que impactan a la vida silvestre, con la cual tenemos un alto grado de interdependencia.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Abella-Medrano, Carlos Antonio, Sergio Ibáñez-Bernal, Ian MacGregor-Fors, y Diego Santiago-Alarcón (2015). "Spatiotemporal variation of mosquito diversity (Diptera: Culicidae) at places with different land-use types within a neotropical montane cloud forest matrix". *Parasites & Vectors* 8 (1): 1-11.
- Abella-Medrano, Carlos Antonio, Sergio Ibáñez-Bernal, Pilar Carbó-Ramírez, y Diego Santiago-Alarcón (2018). "Blood-meal preferences and avian malaria detection in mosquitoes (Diptera: Culicidae) captured at different land use types within a neotropical montane cloud forest matrix". *Parasitology International* 67 (3): 313-320.

- Achtman, Mark, Kerstin Zurt, Giovanna Morelli, Gabriela Torrea, Annie Guyoule, y Elisabeth Carniel (1999). “*Yersinia pestis*, the cause of plague, is a recently emerged clone of *Yersinia pseudotuberculosis*”. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 96 (24): 14043-14048.
- Alberca, Vilma, Daphne León, y Néstor Falcón (2020). “Tenencia de animales de traspatio y evaluación de conocimientos y prácticas asociadas a exposición a agentes zoonóticos en La Coipa, Cajamarca, Perú”. *Revista de Investigaciones Veterinarias del Perú* 31 (3).
- Alcantara, Virginia, Jean-Marc Rolain, A. G. Eduardo, M. J. Raul, y D. Raoult (2009). “Molecular detection of *Bartonella quintana* in human body lice from Mexico City”. *Clinical Microbiology and Infection* 15: 93-94.
- Allen, Toph, Kris A. Murray, Carlos Zambrana-Torrel, Stephen S. Morse, Carlo Rondinini, Di Marco Moreno, Nathan Breit, Kevin J. Olival, y Peter Daszak (2017). “Global hotspots and correlates of emerging zoonotic diseases”. *Nature Communications* 8 (1): 1124.
- Anstead, Gregory M. (2020a). “History, rats, fleas, and opossums: The ascendancy of flea-borne typhus in the United States, 1910-1944”. *Tropical Medicine and Infectious Disease* 5 (1): 37.
- Anstead, Gregory M. (2020b). “History, rats, fleas, and opossums. II. The decline and resurgence of flea-borne typhus in the United States, 1945-2019”. *Tropical Medicine and Infectious Disease* 6 (1): 2.
- Armelagos, George J., Peter J. Brown, y Bethany Turner (2005). “Evolutionary, historical and political economic perspectives on health and disease”. *Social Science & Medicine* 61 (1): 755-765.
- Arroyave, Carlos M., y Roberto Tamez González (1994). “Enfermedad de Lyme: Informe de dos casos”. *Boletín Médico del Hospital Infantil de México* 117-121.
- Artois, Marc, Jean Blancou, O. Dupeyrou, y Emmanuelle Gilot-Fromont (2011). “Sustainable control of zoonotic pathogens in wildlife: how to be fair to wild animals?”. *Revue Scientifique et Technique* 30 (3): 733-743.

- Azad, Abdu F., Sinisa Radulovic, Jackie A. Higgins, Bruce H. Noden, y Jody M. Troyer (1997). "Flea-borne rickettsioses: ecologic considerations". *Emerging Infectious Diseases* 3 (3): 319-327.
- Basurko, Célia, Christophe Demattei, René Han-Sze, Claire Grenier, Michel Joubert, Mathieu Nacher, y Bernard Carme (2013). "Deforestation, agriculture and farm jobs: a good recipe for *Plasmodium vivax* in French Guiana". *Malaria Journal* 12 (1): 1-6.
- Bonilla-Moheno, Martha, y Aide T. Mitchell (2020). "Beyond deforestation: Land cover transitions in Mexico". *Agricultural Systems* 178: 102734.
- Boschioli, Maria Laura, Vincent Foulongne, y David O'Callaghan (2001). "Brucellosis: a worldwide zoonosis". *Current Opinion in Microbiology* 4: 58-64.
- Centro Nacional de Programas Preventivos y Control de Enfermedades [CENAPRECE] (2013). *Prevención y control de la enfermedad de Chagas 2013-2018*. Gobierno de los Estados Unidos Mexicanos [en línea]. Disponible en: http://www.cenaprece.salud.gob.mx/descargas/pdf/PAE_Preencion-ControlEnfermedadChagas2013_2018.pdf
- Civitello, David J., Jeremy Cohen, Hiba Fatima, Neal T. Halstead, Josue Liriano, Taegan A. McMahan, Nicole C. Ortega, Erin Louise Sauer, Tanya Sehgal, Suzanne Young, y Jason R. Rohr (2015). "Biodiversity inhibits parasites: broad evidence for the dilution effect". *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 112 (28): 8667-8671.
- Coker, Richard, Jonathan Rushton, Sandra Mounier-Jack, Erson Karimuribo, Pascal Lutumba, Dominic Kambarage, Dirk U. Pfeiffer, Katharina Stärk, y Mark Rweyemamu (2011). "Towards a conceptual framework to support one-health research for policy on emerging zoonoses". *Lancet Infectious Diseases* 11: 326-331.
- Colunga-Salas, Pablo, y Giovani Hernández-Canchola (2021). "Bats and humans during the SARS-CoV-2 outbreak: The case of bat-coronaviruses from Mexico". *Transbound Emerging Diseases* 68 (3): 987-992.
- Colunga-Salas, Pablo, Sokani Sánchez-Montes, Leticia M. Ochoa-Ochoa, Estefanía Grostieta, e Ingeborg Becker (2021a). "Molecular detection of the

- reptile-associated *Borrelia* group in *Amblyomma dissimile*, Mexico”. *Medical and Veterinary Entomology* 35 (2): 202-206.
- Colunga-Salas, Pablo, Giovani Hernández-Canchola, Sokani Sánchez-Montes, Yokomi N. Lozano-Sardaneta, e Ingeborg Becker (2021b). “Genetic diversity of *Borrelia burgdorferi* sensu stricto: Novel strains from Mexican wild rodents”. *Transbound Emerging Diseases*. 68 (3): 1263-1274.
- Cosson, Jean-François, Mathiew Picardeau, Mathilde Mielcarek, Caroline Tatar, Yannick Chaval, Yupin Suputtamongkol, Philippe Buchy, Sathaporn Jittapalapong, Vincent Herbreteau, y Serge Morand (2014). “Epidemiology of *Leptospira* transmitted by rodents in southeast Asia”. *PLoS Neglected Tropical Diseases* 8 (6): e2902.
- Cutler, Sally J., Anthony R. Fooks, y Wim H. M. van der Poel (2010). “Public health threat of new, reemerging, and neglected zoonoses in the industrialized world”. *Emerging Infectious Diseases* 16 (1): 1-7.
- De Haan, Cornelis, Tjaart Schillhorn Van Veen, Brian Brandenburg, Jérôme Gauthier, François Le Gall, Robin Mearns, y Michel Simeon (2001). *Livestock Development: Implications for Rural Poverty, the Environment, and Global Food Security*. Primera Edición. Washington, D.C.: The World Bank.
- Dunn, Frederick L. (1979). “Behavioral aspects of the control of parasitic diseases”. *Bulletin of the World Health Organization* 57 (4): 499-512.
- Ellis, Edward A., José Arturo Romero Montero, Irving Uriel Hernández Gómez, Luciana Porter-Bolland, y Peter W. Ellis (2017). “Private property and Mennonites are major drivers of forest cover loss in central Yucatan Peninsula, Mexico”. *Land Use Policy* 69: 474-484.
- Esteve-Gassent, María D., Adalberto A. Pérez de León, Dora Romero-Salas, Teresa P. Feria-Arroyo, Ramiro Patino, Iván Castro-Arellano, Guadalupe Gordillo-Pérez, Allan Auclair, John Goolsby, Roger I. Rodríguez-Vivas, y José G. Estrada-Franco (2014). “Pathogenic landscape of transboundary zoonotic diseases in the Mexico–US border along the Rio Grande”. *Frontiers in Public Health* 2: 177.
- Fernández-González, Adriana M., Michael Y. Kosoy, André V. Rubio, Christine B. Graham, John A. Montenieri, Lynn M. Osikowicz, Ying Bai, Roxana

- Acosta-Gutiérrez, Rafael Ávila-Flores, Kenneth L. Gage, y Gerardo Suzán (2016). “Molecular survey of *Bartonella* species and *Yersinia pestis* in rodent fleas (Siphonaptera) from Chihuahua, Mexico”. *Journal of Medical Entomology* 53 (1): 199-205.
- Fisher, Anthony J. R. (2007). “The bovine scourge: meat, tuberculosis and public health, 1850-1914 (review)”. *Bulletin of the History of Medicine* 81 (4): 875-876.
- Furumo, Paul Richard, y Aide T. Mitchell (2017). “Characterizing commercial oil palm expansion in Latin America: land use change and trade”. *Environmental Research Letters* 12 (2): 024008.
- Gong, Binley, Shurui Zhang, Xiaoguang Liu, y Kevin Z. Chen (2021). “The zoonotic diseases, agricultural production, and impact channels: Evidence from China”. *Global Food Security* 28: 100463.
- Gordillo-Pérez, Guadalupe, Margarita Vargas, Fortino Solórzano-Santos, A. Rivera, Oscar J. Polaco, L. Alvarado, Onofre Muñoz-Hernández, y Javier Torres (2009). “Demonstration of *Borrelia burgdorferi* sensu stricto infection in ticks from the northeast of Mexico”. *Clinical Microbiology and Infection* 15 (5): 496-498.
- Greger, Michael (2007). “The human/animal interface: emergence and resurgence of zoonotic infectious diseases”. *Critical Reviews in Microbiology* 33: 243-299.
- Harwood, Robert Frederick, y Maurice T. James (1987). *Entomología Médica y Veterinaria*. México: Limusa.
- Hassell, James M., Michael Begon, Melissa J. Ward, y Eric M. Fèvre (2017). “Urbanization and disease emergence: Dynamics at the wildlife–live-stock–human interface”. *Trends in Ecology & Evolution* 32 (1): 55-67.
- Hernández-Lara, Carolina, Fernando González-García, y Diego Santiago-Alarcon (2017). “Spatial and seasonal variation of avian malaria infections in five different land use types within a Neotropical montane forest matrix”. *Landscape and Urban Planning* 157: 151-160.

- Hopla, Cluff E., Lance A. Durden, y J. E. Keirans (1994). "Ectoparasites and classification". *Revue Scientifique et Technique-Office International des Epizooties* 13 (4): 985-1034.
- Hume, Jennifer C. C., Emily J. Lyons, y Karen P. Day (2003). "Human migration, mosquitoes and the evolution of *Plasmodium falciparum*". *Trends in Parasitology* 19 (3): 144-149.
- Instituto Nacional de Salud (2022). *Protocolo para la vigilancia en salud pública de Chagas*. Colombia: Gobierno de la República de Colombia [en línea]. Disponible en: <<https://www.minsalud.gov.co/Documents/Salud%20Pública/Ola%20invernal/Protocolo%20Chagas.pdf>>.
- Ivanova, Silvena, Vincent Herbreteau, Kim Blasdell, Yannick Chaval, Philippe Buchy, Bertrand Guillard, y Serge Morand (2012). "*Leptospira* and rodents in Cambodia: environmental determinants of infection". *The American Journal of Tropical Medicine and Hygiene* 86 (6): 1032-1038.
- Jakab, Ákos, Pascal Kahlig, Esther Kuenzli, y Andreas Neumayr (2022). "Tick borne relapsing fever - a systematic review and analysis of the literature". *PLoS Neglected Tropical Diseases* 16 (2): e0010212.
- Jenkins, Carol, Mary Dimitrakakis, Ian Cook, Ray Sanders, y Neville Stallman (1989). "Culture change and epidemiological patterns among the Hagahai, Papua New Guinea". *Human Ecology* 17 (1): 27-57.
- Kolb, Melanie, y Leopoldo Galicia (2018). "Scenarios and story lines: drivers of land use change in southern Mexico". *Environment, Development and Sustainability* 20 (2): 681-702.
- Koleff, Patricia, Marcia Tambutti, Ignacio J. March, Rocío Esquivel, César Cantú-Ayala, Andrés Lira-Noriega, Verónica Aguilar, Jesús Alarcón, Juan Bezaury-Creel, Segundo Blanco, Gerardo Ceballos, Antony Challenger, Javier Colín, Ernesto Enkerlin, Óscar Flores-Villela, Gabriela García-Rubio, Diana Hernández, Melanie Kolb, Pedro Díaz-Maeda, Enrique Martínez Meyer, Elizabeth Moreno, Norma Moreno, Mariana Munguía, Miguel Murguía, Adolfo Navarro, Daniel Ocaña, Leticia Ochoa, Víctor Sánchez-Cordero, Jorge F. Soberón, Juan Torres, Raúl Ulloa, y Tania Urquiza-Haas (2009). "Identificación de prioridades y análisis de vacíos

- y omisiones en la conservación de la biodiversidad de México”. *Capital Natural de México* 2: 651-718.
- Krantz Gerald H., y Walter David E. (2009). *A Manual of Acarology*. 3ra ed. Lubbock, Texas: Texas Tech University Press.
- Kuzmin, Ivan V., Mang Shi, Lilian A. Orciari, Pamela A. Yager, Andrés Velasco-Villa, Natalia A. Kuzmina, Daniel G. Streicker, David L. Bergman, y Charles E. Rupprecht (2012). “Molecular inferences suggest multiple host shifts of rabies viruses from bats to meso-carnivores in Arizona during 2001-2009”. *PLoS Pathogens* 8 (6): e1002786.
- Labruna, Marcelo B., Salim Mattar V., Santiago Nava, Sergio Bermudez, José M. Venzal, Gaby Dolz, Abarca Katia, Luis Romero, Rita De Sousa, Jose Oteo, y Jorge Zavala-Castro (2011). “Rickettsioses in Latin America, Caribbean, Spain and Portugal”. *Revista MVZ Córdoba* 16 (2): 2435-2457.
- Legarreta-Miranda, Claudia K., Jesús A. Prieto-Amparán, Federico Villareal-Guerrero, Carlos R. Morales-Nieto, y Alfredo Pinedo-Alvarez (2021). “Long-term land-use/land-cover change increased the landscape heterogeneity of a fragmented temperate forest in Mexico”. *Forests* 12 (8): 1099.
- Leija, Edgar G., y Manuel Mendoza (2021). “La conectividad del paisaje como estrategia para atenuar el riesgo de zoonosis por la deforestación y defaunación”. *Ecosistemas: Revista Científica y Técnica de Ecología y Medio Ambiente* 30 (3): 2.
- López-Pérez, Andrés M., Lynn Osikowicz, Yaocai Bai, John A. Montenieri, Ángel Rubio, Kelli M. Moreno, Kenneth Gage, Gerardo Suzán, y Michael Kosoy (2017). “Prevalence and phylogenetic analysis of *Bartonella* species of wild carnivores and their fleas in northwestern Mexico”. *EcoHealth* 14: 116-129.
- Luis, Angela D., David T. Hayman, Thomas J. O’Shea, Paul Mc Cryan, Amy T. Gilbert, Juliet R. Pulliam, James N. Mills, Mary E. Timonin, Craig K. R. Willis, Andrew A. Cunningham, Anthony R. Fooks, Charles E. Rupprecht, James L. N. Wood, y Weeb Colleen T. (2013). “A comparison of bats and rodents as reservoirs of zoonotic viruses: are bats special?”. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences* 280 (1756): 20122753.

- Magouras, Ioannis, Victoria J. Brookes, Ferran Jori, Angela Martin, Dirk Udo Pfeiffer, y Salome Dürr (2020). “Emerging zoonotic diseases: Should we rethink the animal-human interface?”. *Frontiers in Veterinary Science* 7: 582743.
- Martínez, Andrea, A. Salinas, F. Martínez, Marco Antonio Cantú, y D. K Miller. (1999) “Serosurvey for selected disease agents in white-tailed deer from Mexico”. *Journal of Wildlife Diseases* 35 (4): 799-803.
- Mas, Jean-François, Azucena Pérez, Keith Clarke, y Víctor Sánchez-Cordero (2010). “Modelling land use/cover change and biodiversity conservation in Mexico”. *Forest Landscapes and Global Change-New Frontiers in Management, Conservation and Restoration* 262-267.
- Mendoza-Ponce, Alma, Rogelio Corona-Núñez, Florian Kraxner, Sylvain Leduc, y Patrizio Piera (2018). “Identifying effects of land use cover changes and climate change on terrestrial ecosystems and carbon stocks in Mexico”. *Global Environmental Change* 53: 12-23.
- Mendoza-Ponce, Alma, Rogelio O. Corona-Núñez, Leopoldo Galicia, y Florian Kraxner (2019). “Identifying hotspots of land use cover change under socioeconomic and climate change scenarios in Mexico”. *Ambio* 48 (4): 336-349.
- Montes de Oca-Aguilar, Ana Celia, Eduardo Alfonso Rebollar-Téllez, Erika Ivett Sosa-Bibiano, Karina B. López-Avila, Jimmy Raymundo Torres-Castro, y Elsy Nalleli Loría-Cervera (2022). “Effect of land use change on the phlebotomine sand fly assemblages in an emergent focus of cutaneous leishmaniasis in Yucatan, Mexico”. *Acta Tropica* 235: 106628.
- Murphy, Frederick A. (1998). “Emerging zoonoses”. *Emerging Infectious Diseases* 4 (3): 429-435.
- Nicholson, Chrislyn W., Enzo R. Campagnolo, Sameh W. Boktor, y Butler (2020). “Zoonotic disease awareness survey of backyard poultry and swine owners in southcentral Pennsylvania”. *Zoonoses and Public Health* 67 (3): 280-290.
- Organización Panamericana de la Salud [ops] y Organización Mundial de la Salud [oms] (2010). *Estrategia y plan de acción para la prevención, el con-*

- trol y la atención de la enfermedad de Chagas*. Washington, D. C., EUA. 50º Consejo Directivo, 62ª Sesión del Comité Regional. Disponible en: <https://iris.paho.org/handle/10665.2/419?locale-attribute=es>
- Pearson, James, M. D. Salman, Karim BenJebara, Corrie Brown, Peirre Formenty, Christian Griot, Andrew James, Thomas Jemmi, Lonnie King, Elizabeth Lautner, Brian McCluskey, Francois Meslin, y Valerie Ragan (2005). "Global risks of infectious animal diseases". *Council for Agricultural Science and Technology: Issue Paper 28*: 1-16.
- Prieto-Torres, David A., Adolfo G. Navarro-Sigüenza, Diego Santiago-Alarcón, y Octavio R. Rojas-Soto (2016). "Response of the endangered tropical dry forests to climate change and the role of Mexican Protected Areas for their conservation". *Global Change* 22 (1): 364-379.
- Prieto-Torres, David A., Javier Nori, y Octavio R. Rojas-Soto (2018). "Identifying priority conservation areas for birds associated to endangered Neotropical dry forests". *Biological Conservation* 228: 205-214.
- Rubio, André V., Rafael Ávila-Flores, Lynn M. Osikowicz, Ying Bai, Gerardo Suzán, y Michael Y. Kosoy (2014). "Prevalence and genetic diversity of *Bartonella* strains in rodents from northwestern Mexico". *Vector-Borne and Zoonotic Diseases* 14 (12): 838-845.
- Rupasinghe, Ruwini, Bruno B. Chomel, y Beatriz Martínez-López (2022). "Climate change and zoonoses: A review of the current status, knowledge gaps, and future trends". *Acta Tropica* 226: 106225.
- Rushton, Jonathan (2009). *The Economics of Animal Health & Production*. Primera edición: Cambridge, Massachusetts: CAB International.
- Sánchez-Montes, Sokani, Pablo Colunga-Salas, Yokomi N. Lozano-Sardaneta, Héctor M. Zazueta-Islas, Gerardo G. Ballados-González, Beatriz Salceda-Sánchez, Herón Huerta-Jiménez, Marco Torres-Castro, Jesús Alonso Panti-May, Gaspar Peniche-Lara, Claudia I. Muñoz-García, Emilio Rendón-Franco, Melina M. Ojeda-Chi, Roger I. Rodríguez-Vivas, Jorge Zavala-Castro, Karla Dzul-Rosado, César Lugo-Caballero, Virginia E. Alcántara-Rodríguez, David Delgado-de la Mora, Jesús D. Licona-Enríquez, Andrés M. López-Pérez, Gerardo Álvarez-Hernández, Luis

- Tinoco-García, Moisés Rodríguez-Lomelí, Armando Ulloa-García, Selene Blum-Domínguez, Paulino Tamay-Segovia, Gabriela Aguilar-Tipacamú, Anabel Cruz-Romero, Dora Romero-Salas, Miguel A. Martínez-Medina, e Ingeborg Becker (2021). “The genus *Rickettsia* in Mexico: Current knowledge and perspectives”. *Ticks and Tick-borne Diseases* 12 (2): 101633.
- Sánchez-Montes, Sokani, Carmen Guzmán-Cornejo, Gerardo Herrera-Montalvo, Adam D. Richman, José J. Flores-Martínez, Gilberto F. García-Ruiz, Miriam Berzunza-Cruz, Paul Gaytán-Colín, Ruy Pérez-Montfort, Virginia E. Alcántara-Rodríguez, e Ingeborg Becker (2016). “First record of *Bartonella vinsonii* in the sucking louse *Hoplopleura hirsuta* collected from hispid cotton rats, *Sigmodon hispidus*, in Mexico,” *Southwestern Entomologist* 41 (4): 1031-1036.
- Sattenspiel, Lisa (2000). “Tropical environments, human activities, and the transmission of infectious diseases”. *American Journal of Physical Anthropology* 43: 3-31.
- Schulte, Fishedick, Frederique B., Matthew J. Stuckey, Alvaro Aguilar-Setién, Hayde Moreno-Sandoval, Guillermo Galvez-Romero, Mónica Salas-Rojas, Nidia Arechiga-Ceballos, Paul A. M. Overgaaouw, Rickie W. Kasten, y Bruno B. Chomel (2016). “Identification of *Bartonella* species isolated from rodents from Yucatan, Mexico, and isolation of *Bartonella vinsonii* subsp. *yucatanensis* subsp. nov”. *Vector-Borne and Zoonotic Diseases* 16 (10): 636-642.
- Secretaría de Salud. (2003). *Plan Estratégico Nacional de Chagas 2003-2007*. Gobierno de la República de Honduras. Disponible en: <https://www3.paho.org/Spanish/AD/DPC/CD/dch-hon-plan.htm>
- Sgroi, Giovanni, Roberta Iatta, Riccardo P. Lia, Ettore Napoli, Francesco Buono, Marcos Antonio Bezerra-Santos, Vincenzo Veneziano, y Otranto Domenico (2022). “Tick exposure and risk of tick-borne pathogens infection in hunters and hunting dogs: a citizen science approach”. *Transboundary and Emerging Diseases* 69 (4): e386-e393.
- Slingenbergh, Jan, Marius Gilbert, Katinka De Balogh, y Willian Wint (2004). “Ecological sources of zoonotic diseases”. *Revue Scientifique et Technique* 23 (2): 467-484.

- Streicker, Daniel G., y Jacob E. Allgeier (2016). “Foraging choices of vampire bats in diverse landscapes: Potential implications for land-use change and disease transmission”. *Journal of Applied Ecology* 53 (4): 1280-1288.
- Trape, Jean François, Ggeorges Diatta, Céline Arnathau, Idir Bitam, M’hammed Sarih, Driss Belghyti, Ali Bouattour, Eric Elguero, Laurence Vial, Youssouph Mané, Cellou Baldé, Franck Prugnolle, Gilles Chauvancy, Gil Mahé, Laurent Granjon, Jean-Marc Duplantier, Patrick Durand, y François Renaud (2013). “The epidemiology and geographic distribution of relapsing fever borreliosis in West and North Africa, with a review of the *Ornithodoros erraticus* complex (Acari: Ixodida)”. *PLoS One* 8(11): e78473.
- Valderrama, Luis, Carlos Troche, María Teresa Rodríguez, Daniel Márquez, Berenice Vázquez, Samuel Velázquez, Alma Vázquez, María Isabel Cruz, y Rainer Ressler (2014). “Evaluation of mangrove cover changes in Mexico during the 1970–2005 period”. *Wetlands* 34 (4): 747-758.
- Vaughan, Terry A., James M. Ryan, y Nicholas J. Czaplewski (2000). *Mammalogy*. 4th ed. Fort Worth, Texas. Saunders College Publishing.
- Vega-López, César A., Aurora Orzechowsky-Rallo, Raúl Ariza-Andraca, y Luis Alfredo Ponce de León-Garduño (2010). “Enfermedad por arañazo de gato. A propósito de un caso en un hombre de 32 años”. *Medicina Interna de México* 26 (4): 410-413.
- Victoriano, Ann Florence, Lee D. Smythe, Nina Gloriani-Barzaga, Lolita L. Cavinta, Takeshi Kasai, Khancit Limpakarnjanarat, Bee Lee Ong, Gyanendra Gongal, Julie Hall, Caroline A. Coulombe, Yasutake Yanagihara, Shinichi Yoshida, y Ben Adler (2009). “Leptospirosis in the Asia Pacific region”. *BMC Infectious Diseases* 9: 147.
- Williams, David R., Fredy Alvarado, Rhys E. Green, Andrea Manica, Ben Phalan, y Andrew Balmford (2017). “Land-use strategies to balance livestock production, biodiversity conservation and carbon storage in Yucatán, Mexico”. *Global Change Biology* 23 (12): 5260-5272.
- Wilson, Don E., y DeeAnn M. Reeder (eds.). (2005). *Mammal Species of the World: A Taxonomic and Geographic Reference* (Vol. 1). 3rd ed. Baltimore: Johns Hopkins University Press.

- Woolhouse, Mark E. J., y Sonya Gowtage-Sequeria (2005). "Host range and emerging and reemerging pathogens". *Emerging Infectious Diseases* 11 (12): 1842-1847.
- Zhang, Lin, Jason Rohr, Ruina Cui, Yusi Xin, Lixia Han, Xiaona Yang, Shimin Gu, Yuanbao Du, Jing Liang, Xuyu Wang, Zhengiun Wu, Qin Hao, y Xuan Liu (2022). "Biological invasions facilitate zoonotic disease emergences". *Nature Communications* 13 (1): 1-11.
- Zohdy Sarah, Kristin Derfus, Emily G. Headrick, Mbolatiana Tovo Andrianjafy, Patricia C. Wright, y Thomas R. Gillespie (2016). "Small-scale land-use variability affects *Anopheles* spp. distribution and concomitant *Plasmodium* infection in humans and mosquito vectors in southeastern Madagascar". *Malaria Journal* 15: 114.

Zoonosis de importancia en salud pública en México: un enfoque integral

6

Víctor Sánchez-Cordero

Instituto de Biología, UNAM

Francisco Botello

Instituto de Biología, UNAM

Saúl Castañeda

Conservación Biológica y Desarrollo Social A.C.

Jacqueline Sarmiento

Centro de Historia Americana y Argentina, Instituto
de Investigaciones en Humanidades y Ciencias Sociales,

Universidad Nacional de La Plata

INTRODUCCIÓN

El inicio del siglo XXI está marcado por el acuciante llamado de la comunidad científica hacia la necesidad de modificar la manera en la que el ser humano se relaciona con el ambiente (Allen *et al.*, 2017; Zinsstag *et al.*, 2020). Las actividades antrópicas, como la deforestación rampante, han afectado negativamente los ecosistemas y ocasionando su degradación, así como una reducción de la biodiversidad a nivel mundial (Salkeld *et al.*, 2015; Rohr *et al.*, 2020). La relación entre las zoonosis de importancia en salud pública y los ecosistemas degradados, la pérdida de biodiversidad y el tráfico ilegal de fauna, ha sido un tema recurrente durante las situaciones críticas, como la provocada por la enfermedad causada por el coronavirus SARS-COV-2, causante de la COVID-19 (Rohr *et al.*, 2020). Se ha destacado la necesidad de desarrollar estrategias de trabajo conjunto e interdisciplinario, que permitan prevenir, anticipar y ges-

tionar de una mejor manera los brotes epidémicos y sus consecuencias. Por supuesto, en esta discusión, el tema de la conservación y el cuidado de los ecosistemas y la biodiversidad debe ser prioritario (Zinsstag *et al.*, 2020; Botello *et al.*, 2022).

Aunque los estudios sobre las zoonosis se fortalecieron con investigaciones provenientes de la biología y la ecología, predominó una interpretación en la que las disciplinas relacionadas con la salud humana y animal eran las que prevalecían conceptualmente. Por ejemplo, los términos de *salud ambiental*, *medicina de la conservación* y *una medicina*, derivaron en el desarrollo conceptual de *Una Sola Salud* en 2004 (Zinsstag *et al.*, 2020; Botello *et al.*, 2022). El concepto de *Una Sola Salud* busca la integración de diferentes actores sociales, disciplinas y ámbitos de la gestión pública, desde la reflexión y acción sobre el bienestar y la salud de cada una de las partes (Rist *et al.*, 2014; Zinsstag *et al.*, 2011, 2020; Botello *et al.*, 2022). Este enfoque reconoce, de manera tácita, la importancia del entorno en el que se encuentran los humanos y animales, con lo que se considera la salud humana, animal y de los ecosistemas como los ejes fundamentales que se deben tomar en cuenta de manera integral. Por ejemplo, existe evidencia de que con ecosistemas íntegros y enfrentando los factores que aumentan la probabilidad de contacto entre el humano, la fauna silvestre, la doméstica y de ganado y granjas, se puede disminuir el riesgo de que se presenten brotes epidémicos (Rist *et al.*, 2014; Rohr *et al.*, 2020).

A finales del siglo xx y en la primera década del siglo xxi, la consolidación conceptual de este enfoque coincidió con el desarrollo de las epidemias de coronavirus SARS-CoV y las influencias H5N1 y H1N1. Como resultado, la agenda de investigación de estos temas llegó a ser muy amplia y transversal en diferentes ámbitos, que abarcan desde análisis genómicos hasta poblacionales (Zinsstag *et al.*, 2020). Actualmente, nos encontramos en un momento de intensa investigación y reflexión que promoverá, sin duda, la evolución del enfoque de *Una Sola Salud* (Zinsstag *et al.*, 2011). Indiscutiblemente, el tema de la conservación de la biodiversidad y los ecosistemas es central en la integración de *Una Sola Salud* (Zinsstag *et al.*, 2020). Sin embargo, para integrar exitosamente estos elementos del campo de la ecología, se vuelve

necesario identificar un marco teórico-metodológico que permita medir de manera adecuada distintos atributos de los ecosistemas. Esto debe abarcar no solamente su composición (diversidad de especies), sino también las interacciones y su configuración espacial y temporal, así como también el modo en el que se ven afectados estos atributos por el impacto antrópico (Rohr *et al.*, 2020). En este sentido, es de gran utilidad el concepto de integridad ecológica definida como “la capacidad de un sistema ecológico para sustentar y mantener una comunidad de organismos que tiene una composición, diversidad y organización funcional de especies comparables a las de los hábitats naturales dentro de una región” (Parrish *et al.*, 2003: 852).

LAS ZONOSIS

De acuerdo con la Organización Mundial de la Salud (OMS, 1951: 2), las zoonosis son “aquellas enfermedades que se transmiten naturalmente entre los animales vertebrados y el hombre”. De acuerdo con la dirección del contagio se han utilizado varios términos, pero éstos varían bajo diferentes escenarios, causando confusión. Por tanto, se sugiere ajustarlos a las definiciones de uso oficial (Secretaría de Salud, 2019): antroposis es una infección transmitida sólo por seres humanos y, zoonosis, una enfermedad infecciosa transmisible entre humanos y otros vertebrados, en condiciones naturales. Los agentes infecciosos involucrados incluyen bacterias, protozoarios, virus, hongos y rickettsias, entre otros. De manera relacionada, antropozoonosis se refiere a las enfermedades transmitidas del animal al hombre y zooantroposis a las enfermedades transmitidas del hombre a los animales (Botello *et al.*, 2022).

Las zoonosis de importancia en salud pública en México

La Organización Panamericana de la Salud (OPS) publicó una descripción sobre 174 zoonosis y enfermedades transmisibles comunes al humano y a los

animales en el continente americano. Este escenario nos permite tener una idea general de la importancia de las zoonosis en la salud pública. La Secretaría de Salud en México seleccionó, primeramente, 18 zoonosis que, debido a su importancia y magnitud, han sido señaladas como de interés prioritario y sujetas a vigilancia epidemiológica. Estas zoonosis deben de notificarse de manera obligatoria e incluyen a la encefalitis equina venezolana, la fiebre amarilla, la fiebre hemorrágica por dengue, la fiebre manchada, la fiebre por dengue, la fiebre del oeste del Nilo, el paludismo por *Plasmodium falciparum*, el paludismo por *Plasmodium vivax*, la peste, el tifo epidémico, el tifo murino, la rickettsiosis, la brucelosis, la cisticercosis, la leptospirosis, la rabia, la teniasis y la triquinosis (Diario Oficial de la Federación, 2013).

Estas zoonosis incluyen una amplia diversidad de agentes etiológicos, formas de transmisión, vectores, tasas de incidencia y mortalidad y estrategias de control, entre otras. Algunos ejemplos destacan, como el caso de la rabia, zoonosis que no cuenta con un vector intermedio cuyo agente es el virus *Rabies virus*, que ocasiona una enfermedad de alto riesgo en humanos, pero que ha sido controlada de manera exitosa a nivel doméstico, sin registros de transmisión del perro al humano desde 2006. Las campañas que involucran los programas de vacunación universal de perros y gatos domésticos han sido muy relevantes, aunque el virus se mantiene en reservorios de especies de vertebrados silvestres. La eventual transmisión de estas especies a los animales domésticos y al humano mantiene aún la presencia de casos de rabia en humanos (Centro Nacional de Programas Preventivos y Control de Enfermedades [CENAPRECE], 2018). La brucelosis, otra zoonosis provocada por una bacteria y que no tienen un vector de transmisión, se ha controlado mediante antibióticos, tanto en humanos como en el ganado, con lo que mantiene una tasa baja de incidencia promedio anual en México, que varía entre 1.3 y 3.7 por cada 100,000 habitantes (Méndez-Lozano *et al.*, 2015). Por otro lado, el dengue, que depende de mosquitos del género *Aedes* como vectores para su transmisión y, cuyo manejo se basa en el control de las poblaciones de estos mosquitos, tiene una alta variabilidad del número de casos entre meses y años. Esta zoonosis

tiene un impacto importante, ya que se reporta un alto número de casos en México (Fajardo-Dolci *et al.*, 2012).

La notificación obligatoria de estas enfermedades permite contar con información actualizada y facilita actuar de manera eficiente en caso de existir brotes o un incremento de la tasa de incidencia. No obstante, no existe un monitoreo que permita realizar análisis de otras zoonosis (Zinsstag *et al.*, 2020). Un ejercicio inicial para abordar esta tarea es el de identificar, con criterio de expertos, la diversidad de las zoonosis representativas en importancia en salud pública en México, incluyendo las especies de vectores, huéspedes y patógenos, así como el tipo de transmisión para los cuales se cuenta con información suficiente disponible (Ramsey *et al.*, 2003). Este ejercicio se basó en una búsqueda de la literatura científica de las zoonosis que se han estudiado en México (Botello *et al.*, 2020). De este estudio, se identificaron un total de 27 zoonosis de importancia pública en México, contenidas en 1,047 documentos de 365 artículos, para el periodo de 2010 a 2020, incluyendo a las especies de vectores, huéspedes y patógenos (Botello *et al.*, 2022), tal y como se muestra en la Tabla 1.

Es importante destacar la trayectoria del incremento en el número de publicaciones que se ha observado durante la última década. Por ejemplo, en los últimos cinco años se observó un incremento importante en el número de estudio de zoonosis, lo que refleja el interés por este tema en la comunidad científica nacional e internacional (Figura 1). Además, el enfoque del estudio de las zoonosis ha avanzado, de un enfoque estrictamente clínico a uno que considera a los patógenos, huéspedes y vectores en el proceso de transmisión. Más aún, en años recientes, el estudio de las zoonosis ha involucrado estudios detallados de los patógenos, vectores y huéspedes en un contexto geográfico (Peterson, 2008).

Por otra parte, de las zoonosis de importancia pública que se enlistan, es notorio resaltar que diez son ocasionadas por virus, cinco por bacterias y tres por protozoarios (Tabla 1). Las especies que funcionan como vectores de transmisión de patógenos en estas zoonosis mostraron la mayor riqueza en el grupo de los artrópodos, que incluyen 23 especies pertenecieron a la clase

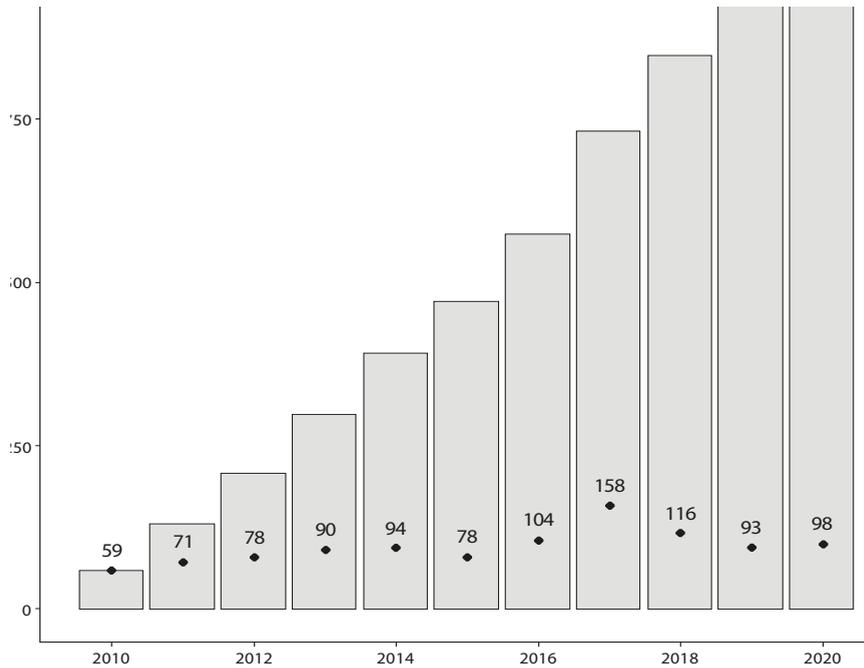


Figura 1. Número acumulado de artículos publicados relacionados con las zoonosis de importancia pública documentadas en el Continente Americano, donde se ha incluido a México, durante el periodo 2010-2020. Véase Botello *et al.* (2022) para detalles sobre los análisis. Los números en las barras indican los artículos publicados en el año correspondiente.

Euchelicerata y 23 especies a la clase Insecta (Tabla 1; Figura 2). Por lo que respecta a los huéspedes, se identificaron un total de 126 especies pertenecientes a las clases Aves, Mammalia y Reptilia, que abarcan 17 órdenes y 34 familias de grupos de vertebrados terrestres. De estas especies, 19 pertenecen a las aves, 105 a los mamíferos y una, a los reptiles. Los roedores, murciélagos y las aves anseriformes fueron los grupos taxonómicos que mostraron un mayor número de especies (Figura 2). Con respecto a los patógenos que ocasionan las enfermedades zoonóticas, se identificaron 24 especies de bacterias, 16 especies de protozoarios y seis de virus (Tabla 1).

Tabla 1

Lista de zoonosis de importancia en salud pública en México, identificadas a partir de información recopilada de documentos oficiales y artículos científicos. Se muestra el número de especies de los huéspedes y vectores que se han registrado para dichas zoonosis, en aquellas zoonosis que no requieren de un vector para su transmisión, se indican con un Nrv. Tomado de Botello *et al.* (2022), donde se indican los detalles metodológicos en la obtención de esta información.

Patógeno	Zoonosis	Hospedero	Vector
Bacteria	Borreliosis	23	22
	Ehrlichiosis	1	2
	Lepra	1	Nrv
	Leptospirosis	9	Nrv
	Tifus	3	2
Protozoario	Leishmaniasis	37	10
	Malaria	3	3
	Tripanosomiasis americana o Enfermedad de Chagas	6	3
Virus	Dengue	8	2
	Encefalitis	1	Nrv
	Encefalitis equina	8	2
	Encefalomiocarditis	1	Nrv
	Influenza	16	Nrv
	Rabia	14	Nrv
	Síndrome pulmonar hantavirus	42	Nrv
	Virus del Nilo occidental	6	2
	Chikungunya	-	2
	Zika	-	2

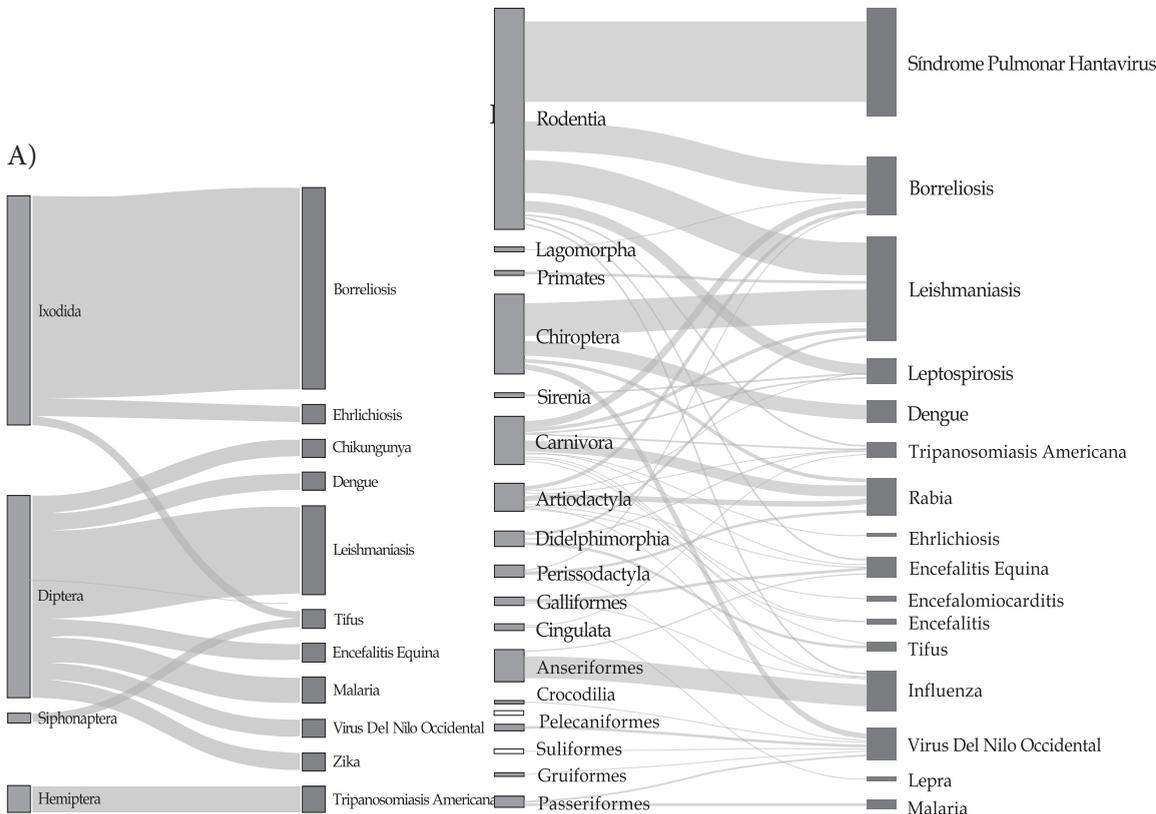


Figura 2. (A) Lista de órdenes de vectores de artrópodos involucrados en el ciclo de transmisión de las zoonosis de importancia en salud pública en México. (B) Lista de los órdenes de aves, mamíferos y reptiles que contienen especies de huéspedes que albergan patógenos, y su conexión con las zoonosis de importancia en salud pública referidas en la Tabla 1. El grosor de la franja gris que conecta los órdenes de grupos de vertebrados terrestres está relacionado con el número de especies del orden correspondiente. Por ejemplo, Ixodida y Diptera en (A), Rodentia y Chiroptera en (B) son los órdenes que aportan el mayor número de especies (véase Botello *et al.*, 2022).

DISTRIBUCIÓN Y ZONAS DE RIESGO DE ALGUNAS ZONOSIS DE IMPORTANCIA EN SALUD PÚBLICA EN MÉXICO

La relevancia de tener una perspectiva integral de las zoonosis de importancia en salud pública implica, entre otros enfoques, incorporar el estudio de los patógenos, vectores y huéspedes en el proceso de transmisión (Ramsey *et al.*, 2003; 2012; González *et al.*, 2011). Es decir, no se debe restringir el estudio de las zoonosis exclusivamente a los casos clínicos, sino expandir los estudios de las zoonosis de importancia en salud pública a los agentes biológicos involucrados, su distribución geográfica y la identificación de zonas de riesgo, entre otros factores, como se argumenta en el concepto de *Una Sola Salud* (Botello *et al.*, 2022). Esta aproximación integral requiere, necesariamente, de la conformación de grupos de investigación multidisciplinarios, que incluyan personal académico enfocado en la parte clínica, así como especialistas en biología enfocados en el estudio de patógenos, vectores y huéspedes en campo y laboratorio. En esta sección nos enfocaremos en abordar estos temas con ejemplos de estudios de caso.

Identificación de las especies de vectores y hospederos involucradas en las zoonosis

En general, se puede argumentar que existe muy poca información sobre la documentación de las especies de vectores y huéspedes de las principales zoonosis de importancia en salud pública en México (Stephens *et al.*, 2009; 2016; Moffett *et al.*, 2009; Ibarra-Cerdeña *et al.*, 2009; Ramsey *et al.*, 2003). Algunos estudios han identificado e incriminado a varias especies de artrópodos y vertebrados terrestres como vectores y huéspedes de estas zoonosis (Tabla 1). No obstante, es de esperarse que la lista de especies de vectores y huéspedes involucrados sea aún limitada, y que se incremente notoriamente a medida que se continúen desarrollando los estudios en campo y laboratorio (Stephens *et al.*, 2009).

Existen análisis estadísticos que pueden servir para relacionar información geográfica de las localidades de colecta (georreferenciadas) de especies potenciales de vectores y huéspedes. Un método estadístico que ha resultado promisorio es el de minería de datos (Stephens *et al.*, 2009; 2016; Ibarra-Cerdeña *et al.*, 2009; González-Salazar *et al.*, 2017a; 2017b). La lógica de esta aproximación parte de la idea de que la coincidencia geográfica entre especies potenciales de vectores y huéspedes representa una condición *sine qua non* para la posibilidad de transmisión del patógeno de una zoonosis (en aquellas que requieren de un vector para la transmisión). Una asociación geográfica significativa entre especies potenciales de vectores y huéspedes se prueba contra un modelo aleatorio que incluya todas las localidades geográficas donde se han recolectado dichas especies (Stephens *et al.*, 2009; 2016). En este sentido, una asociación geográfica significativa es indicativa de una estrecha coincidencia geográfica entre las especies potenciales de vectores y huéspedes de una zoonosis. De esta manera, se puede construir una lista predictiva de especies de huéspedes y vectores, que puede ponerse a prueba colectando dichas especies en campo y verificando si, en efecto, están infectadas con el patógeno de la zoonosis en cuestión. Un ejemplo de lo anterior consistió en producir una lista de especies potenciales de mamíferos huéspedes para especies vectores del género *Lutzomyia* (flebotomos, moscas de arena), uno de cuyos patógenos es *Leishmania mexicana* (Stephens *et al.*, 2009), responsable de la leishmaniasis en humanos. La lista de especies potenciales de mamíferos resultó ser altamente predictiva, ya que las especies que mostraron una asociación geográfica significativa con las especies de vectores estaban infectadas con este patógeno (Stephens *et al.*, 2009; 2016; Rodríguez-Rojas *et al.*, 2017). Inclusive, en la lista predictiva de especies de mamíferos se incluían algunos murciélagos, lo que se confirmó con el primer registro del patógeno *Leishmania mexicana* en el murciélago *Artibeus lituratus* (Berzunza-Cruz *et al.*, 2015). Este estudio es relevante en virtud de que los murciélagos tienen una capacidad de movilidad y dispersión mayor que mamíferos de locomoción terrestre, por lo que pueden transportar al patógeno a distancias de decenas e inclusive miles de kilómetros (Berzunza-Cruz *et al.*, 2015). En suma, este

enfoque metodológico de minería de datos para determinar la significancia de la asociación geográfica entre especies potenciales de vectores y huéspedes promete ser una herramienta robusta para las zoonosis emergentes de importancia en salud pública en México (Stephens *et al.*, 2009; 2016; Ibarra-Cerdeña *et al.*, 2017; González-Salazar *et al.*, 2017a; 2017b).

Distribución geográfica de las especies de vectores y huéspedes de las zoonosis

Uno de los retos en el estudio de las zoonosis es el de construir hipótesis de su distribución geográfica (Peterson, 2008). La proyección de la distribución de una zoonosis en un mapa, con una plataforma de un sistema de información geográfico, permite identificar las regiones donde se esperaría la presencia potencial de especies de vectores, huéspedes y patógenos que permita mantener los ciclos de transmisión. Estas hipótesis de distribución de las especies pueden ser corroboradas con trabajo de campo al seleccionar áreas claves donde exista esta coincidencia geográfica y en la que se esperarían ciclos de transmisión de las zoonosis en cuestión (Peterson *et al.*, 2002; López-Cárdenas *et al.*, 2005; Sánchez-Cordero *et al.*, 2005; Ibarra-Cerdeña *et al.*, 2009, 2014; González *et al.*, 2011; Ramsey *et al.*, 2012; Cabrera-Romo *et al.*, 2016; Stephens *et al.*, 2017). Las muestras de los organismos colectados de las especies de vectores y huéspedes pueden ser analizadas con protocolos de técnicas de biología molecular, para la identificación de las especies de patógenos (Mota *et al.*, 2007; Díaz-Valdés *et al.*, 2021; Lozano-Sardaneta *et al.*, 2020a; 2020b; 2021a; 2021b).

El modelado del nicho ecológico proyectado como la distribución potencial de las especies es una herramienta teórica-metodológica que ha incrementado notoriamente su aplicación en varias disciplinas biológicas, como la biogeografía, la ecología, la sistemática y la filogeografía, entre otras (Peterson *et al.*, 2011). La información que se incorpora a este modelo consiste, principalmente, en bases de datos de las localidades georreferenciadas, donde se ha recolectado una especie en particular.

En este sentido, desde hace ya varias décadas se ha hecho un esfuerzo internacional por digitalizar las colecciones científicas, y México ha sido uno de los países pioneros en esto. Los esfuerzos internacionales se han agregado en consorcios (por ejemplo, Global Biodiversity Information Facility,¹ VertNet.org, Insect Database,² entre otros) y, en este sentido, la Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad (CONABIO) ha establecido una plataforma de consulta de las bases de datos de las especies biológicas que se distribuyen en México (Sistema Nacional de Información sobre Biodiversidad de México³).

La mayoría de las colecciones biológicas del país, depositadas en instituciones académicas y universidades, han digitalizado los ejemplares de las especies que poseen en bases de datos públicas. Tal es el caso de la digitalización de las Colecciones Biológicas Nacionales, depositadas en el Instituto de Biología de la UNAM (Sánchez-Cordero *et al.*, 2021). El cúmulo de información de los ejemplares depositados en colecciones científicas sobre las especies, disponibles en bases de datos públicas, es impresionante. Esto ha facilitado poder ubicar geográficamente a las especies de vectores y huéspedes potenciales de las zoonosis de importancia pública en México y el mundo (Sarkar *et al.*, 2016). Por otro lado, información climática, topográfica digitalizada en mapas y de disponibilidad pública⁴ (Hijmans *et al.*, 2005), permite correlacionar la información de las localidades de una especie con las capas climáticas para identificar áreas de idoneidad climática para ella (Peterson *et al.*, 2011). Los detalles conceptuales y metodológicos del modelado de nicho, proyectado como una distribución potencial de una especie, están fuera del alcance de este capítulo, pero pueden consultarse en Peterson *et al.* (2011). Este enfoque se ha expandido de manera considerable en la literatura científica y, por supuesto, se ha aplicado a las zoonosis a nivel global (Estrada-Peña *et al.*, 2014; Escobar y Craft, 2016).

¹ www.gbif.org

² data.nal.usda.gov/dataset/us-national-insect-collection-database

³ www.conabio/snib.gob.mx

⁴ www.worldclim.org;

México fue de los primeros países en usar este enfoque de modelado de nicho ecológico en especies incriminadas en transmisión de una zoonosis a nivel internacional. Uno de estos estudios consistió en producir modelos de distribución potencial de especies de triatominos (chinchas besuconas), vectores y transmisores de patógenos que ocasionan la enfermedad de Chagas (Peterson *et al.*, 2002). Otros ejemplos que ilustran el gran potencial de uso del modelado del nicho ecológico se enfocaron en dos zoonosis de importancia en salud pública, como son la enfermedad de Chagas y la leishmaniasis. La primera investigación estuvo enfocada en determinar áreas con alta concentración de especies de triatominos en México, con el fin de modelar las distribuciones potenciales de todas las especies de triatominos que se han reportado en el país, que luego se sobrepusieron en un mapa compuesto de la riqueza de especies de este grupo de organismos⁵ (Ibarra-Cerdeña *et al.*, 2009; 2014). En el segundo estudio, se modelaron las distribuciones potenciales de especies del género *Lutzomyia* (flebotomos), vectores responsables de la transmisión de *Leishmania mexicana*, que ocasiona la leishmaniasis⁶ (González *et al.*, 2011). Además de estos dos casos, el enfoque del modelado de nicho proyectando distribuciones potenciales de vectores y huéspedes de zoonosis ha sido usado en varios otros estudios en México (Peterson *et al.*, 2002; López-Cárdenas *et al.*, 2005; Ibarra-Cerdeña *et al.*, 2009; González *et al.*, 2010; González *et al.*, 2011; Illoldi-Rangel *et al.*, 2012; Garza *et al.*, 2014; González-Salazar *et al.*, 2017; Rodríguez-Rojas *et al.*, 2017).

Una plataforma geográfica con información sobre la distribución potencial de los patógenos, vectores y hospederos permite conjuntarlos con datos sobre centros de población, densidad de población, documentación de casos clínicos de enfermedades zoonóticas reportados por los sistemas de salud nacional y aspectos socioeconómicos que se pueden analizar en conjunto para elaborar mapas predictivos de riesgo de una zoonosis. De esta manera, es posible identificar las zonas de mayor riesgo de exposición humana a la transmisión de una zoonosis (Sarkar *et al.*, 2010). Un estudio que ejemplifica el empleo de

⁵ doi:10.1016/j.actatropica.2008.11.012

⁶ doi:10.4269/ajtmh.2011.10-0452

este tipo de análisis para modelar la asociación geográfica entre la probabilidad de presencia de los flebótomos del género *Lutzomyia* y la presencia de casos clínicos reportados de humanos con presencia de leishmaniasis⁷ (Stephens *et al.*, 2016; Rodríguez-Rojas *et al.*, 2017).

Es de notarse la alta coincidencia geográfica, particularmente en el sureste de México, así como en algunas regiones del oeste y noreste del país. No obstante, aparecen algunas regiones de alta probabilidad de presencia de *Lutzomyia*, donde al parecer no se han reportado casos de leishmaniasis en humanos, como es el caso del suroeste.⁸ Esto se puede deber a varias explicaciones. Por ejemplo, es posible que en esta región los casos clínicos no se hayan reportado en los sistemas de salud estatales. En esta situación, la ausencia resulta de una vigilancia incompleta o deficiente de esta zoonosis. Otra posibilidad es la ausencia del patógeno *Leishmania mexicana* en las especies de vectores *Lutzomyia* y de los huéspedes (especies de mamíferos), por lo que el ciclo de transmisión no ocurre; o bien, se puede deber a la presencia de otra especie de *Leishmania* que no tenga la virulencia de provocar una patología severa. Una hipótesis alternativa es que los modelos de distribución que se generaron sean erróneos y, en realidad, los vectores y hospederos no tengan poblaciones en las regiones de ausencia de casos clínicos de humanos con leishmaniasis. Estas hipótesis no son mutuamente excluyentes y pueden probarse con trabajo de campo enfocado, específicamente a coleccionar ejemplares de vectores y de huéspedes, así como hacer los análisis moleculares para probar la presencia del patógeno (Lozano-Sardaneta *et al.*, 2020a; 2020b; 2021a; 2021b).

Los modelos de distribución potencial de especies de patógenos, vectores y huéspedes pueden, a su vez, proyectarse bajo escenarios de cambio climático usando las plataformas de escenarios que ha publicado el Panel Internacional de Cambio Climático (International Panel of Climate Change [IPCC], 2014). Esto permite tener proyecciones sobre posibles cambios en la distribución de los patógenos, vectores y huéspedes, lo que puede ayudar a identificar nuevas áreas geográficas de zonas de riesgo de zoonosis. Un estudio de caso que

⁷ doi:10.1371/journal.pntd.0005004

⁸ doi:10.1371/journal.pntd.0005004

muestra este ejercicio de modelado se refiere a las proyecciones de especies selectas de *Lutzomyia* bajo escenarios de cambio climático del IPCC (González *et al.*, 2010). Un punto interesante del estudio fue que se proyectaron cambios en la distribución de *Lutzomyia diabolica* para el 2020.⁹ Un estudio reciente demuestra que se han localizado casos clínicos de leishmaniasis endémica en humanos en Estados Unidos. Los casos se han reportado, particularmente, en Texas y Oklahoma y coinciden con las distribuciones proyectadas para *Lutzomyia diabolica* en el escenario de cambio climático de 2020 (González *et al.*, 2010; McIlwee *et al.*, 2018).

Un ejercicio de modelado similar se llevó a cabo proyectando las distribuciones del triatomino *Triatoma gerstaeckeri* en escenarios de cambio climático al 2050; éste es un vector que transmite el patógeno flagelado *Trypanosoma cruzi* al humano. El estudio muestra proyecciones de desplazamiento de su distribución al sur, centro y noreste de los Estados Unidos (Garza *et al.*, 2014). Estudios recientes han documentado casos clínicos en humanos con la enfermedad de Chagas en estas mismas regiones (Sarkar *et al.*, 2010; Manne-Goehler *et al.*, 2016). Al parecer, este enfoque metodológico puede ser una herramienta de predicción importante para identificar regiones nuevas de riesgo de zoonosis que resultan de los cambios en la distribución de las especies de patógenos, vectores y huéspedes de las zoonosis.

Las zoonosis que no involucran a vectores en la transmisión son, también, susceptibles a estos análisis (Tabla 1). Por ejemplo, algunas zoonosis como el síndrome pulmonar severo, que resulta de una infección aguda por parte de los virus del grupo de hantavirus, entre otros, ha mostrado que algunos linajes de roedores, como son los que pertenecen a los géneros *Peromyscus*, *Oryzomys* y *Reithrodontomys*, entre otros, fungen como huéspedes. La distribución de estas especies coincide geográficamente con casos clínicos reportados en humanos con esta enfermedad (Sánchez-Cordero *et al.*, 2005; Viguera-Galván *et al.*, 2019). Este último estudio, de gran detalle, enlista a las especies de roedores huéspedes que se han encontrado seropositivos a varios grupos de virus que producen dicha zoonosis, y menciona que cuatro

⁹ doi:10.1371/journal.pntd.0000585

especies de huéspedes tienen amplia distribución en México (Vigueras-Galván *et al.*, 2019). Si analizamos a las especies que enlista ese estudio, como huéspedes de estos grupos de virus (Vigueras-Galván *et al.*, 2019), podemos agregar que, al menos *Oryzomys couesi*, *Oryzomys fulvescens*, *Peromyscus leucopus*, *Sigmodon mascotensis*, *Sigmodon hispidus* y *Reithrodontomys megalotis* se han documentado como especies plaga de roedores en sistemas agrícolas (Sánchez-Cordero y Martínez-Meyer, 2000; Sánchez-Cordero *et al.*, 2022). Estas especies tienen una amplia distribución en el país, pero además presentan abundancias poblacionales altas en diferentes cultivos agrícolas de gran extensión, como el maíz, la caña de azúcar, el sorgo, entre otros, e inclusive son comensales en las casas (Sánchez-Cordero *et al.*, 2022). El escenario de fungir, por un lado, como huéspedes de estos grupos de virus hantavirus y, por otro, de plagas en sistemas agrícolas, resulta en que estas especies de roedores tienen contacto con un número muy alto de asentamientos rurales y urbanos que ocurren cerca o adyacentes a estos cultivos, lo que puede incrementar el riesgo de infección a humanos (Sarkar *et al.*, 2010). Más aún, el estrecho contacto entre especies de roedores comensales con casas rurales ha resultado en brotes de hantavirus en humanos¹⁰ (Van Hook, 2018; Vigueras-Galván *et al.*, 2019).

Conectividad paisajística entre vectores, hospederos y patógenos de zoonosis

En el contexto del estudio de la dinámica de transmisión de patógenos al humano, que involucra a los vectores y huéspedes incriminados, es imprescindible incorporar la movilidad y la conectividad potencial de estas especies en un gradiente paisajístico. En específico, se propone integrar al estudio de las zoonosis un análisis que impliquen la conectividad ecológica entre estas especies (vectores, huéspedes y patógenos) en el gradiente paisajístico y que incorporen los hábitats naturales, antropizados y domiciliarios. La pregunta es, entonces, si existe una conectividad ecológica entre estas especies que permita

¹⁰ <https://earthdata.nasa.gov/learn/sensing-our-planet/hantavirus-risk-maps>

mantener el flujo de movilidad de especies entre estos hábitats, en virtud de las consecuencias que esto trae en la dinámica del ciclo de transmisión de las zoonosis al humano. Ramsey *et al.* (2012) efectuaron un estudio detallado sobre la posible conectividad ecológica en un gradiente paisajístico (hábitat natural, agrícola y domiciliar) en una comunidad con reportes de casos frecuentes de enfermedad de Chagas en humanos. El objetivo del estudio fue identificar las especies de vectores, huéspedes y la presencia del patógeno *Trypanosoma cruzi* en los tres tipos de hábitat (natural, agrícola y domiciliar) a lo largo de este gradiente paisajístico. Se incluyó, además del componente espacial (los tres hábitats), el componente temporal, es decir, muestreos en la época de secas y lluvias. Los resultados indican que existe una conectividad diferenciada en las especies de mamíferos hospederos; es decir, algunas especies se distribuyen a lo largo del gradiente paisajístico durante todo el año, mientras que otras restringen su distribución a algunos hábitats y sólo ciertas épocas del año. Las especies de mamíferos sinantrópicos (especies que toleran o prosperan en ambientes modificados por los humanos) asociadas con hábitats antropizados forman una lista importante de huéspedes potenciales del patógeno *T. cruzi* (Ibarra-Cerdeña *et al.*, 2017). Por tanto, se espera que estos escenarios de conectividad de vectores, huéspedes y patógenos en gradientes paisajísticos (Ramsey *et al.*, 2012) se repitan en otras regiones de México y el mundo (Ibarra-Cerdeña *et al.*, 2017).

Por otro lado, en el mismo estudio se encontró que el vector triatomino *Triatoma pallidipennis* se colectó a lo largo del gradiente paisajístico y durante todo el año, infectado con el patógeno (Tabla 2). Estos resultados son importantes por varias razones. Primero, se demostró que el ciclo de transmisión ocurre a lo largo del gradiente paisajístico durante todo el año. Segundo, algunas especies de huéspedes son más importantes en el ciclo de transmisión, por su alta movilidad, a lo largo del gradiente paisajístico. Tercero, la fauna doméstica (perros y gatos) juegan un papel preponderante en mantener el ciclo de transmisión en el hábitat domiciliar (Ramsey *et al.*, 2012). Finalmente, esta dinámica espacio-temporal del ciclo de transmisión puede servir como una plataforma de información indispensable para establecer campañas de control de especies

Tabla 2

Lista de especies de mamíferos capturados que se distribuyen, predominantemente, en los hábitats del gradiente paisajístico, incluyendo el humano (*Homo sapiens*) en el estudio de Ramsey *et al.* (2012). Las especies de mamíferos huéspedes corresponden a roedores silvestres (*Neotoma mexicana*, *Sigmodon hispidus*, *Heteromys irroratus*, *Baiomys musculus* y *Peromyscus levipes*) y domésticos (*Mus musculus* y *Rattus rattus*), al tlacuache (*Didelphis marsupialis*), al perro (*Canis familiaris*) y al gato doméstico (*Felis domesticus*). Los hábitats corresponden a N = natural; A = agrícola; D = domiciliar. La estación corresponde a L = lluvias; S = secas (Modificado de Ramsey *et al.*, 2012).

Especie	Hábitat	Estación
<i>Neotoma mexicana</i>	N, A	L
<i>Sigmodon hispidus</i>	N, A	L
<i>Heteromys irroratus</i>	N, A	L, S
<i>Baiomys taylori</i>	N, A	L, S
<i>Peromyscus levipes</i>	N, A, D	L, S
<i>Didelphis marsupialis</i>	N, A, D	L, S
<i>Canis familiaris</i>	A, D	L, S
<i>Felis domesticus</i>	D	L, S
<i>Mus musculus</i>	A, D	L, S
<i>Rattus rattus</i>	D	L, S
<i>Homo sapiens</i>	N, A, D	L, S

de huéspedes y vectores. Por ejemplo, actualmente, la principal actividad para el control de los vectores triatominos (chinchales besuconas) consiste en una fumigación con insecticida intensiva y extensiva en el hábitat domiciliar de la comunidad. La campaña tiene un alto costo no sólo económico, sino también de salud (sobreexposición a insecticidas) y ecológico (mortalidad de otras

especies de insectos como los polinizadores). Más aún, esta campaña tiene poca efectividad, en virtud del escenario del ciclo dinámico de transmisión a lo largo del gradiente paisajístico; es decir, cuando hay un exterminio de la población de chinches besuconas en la comunidad por la fumigación, existe una dispersión de chinches infectadas de los patógenos provenientes de los hábitats natural y agrícola (Ramsey *et al.*, 2012). Se han propuesto estrategias alternas con costos económicos, de salud y ecológicos mínimos, como la limpieza frecuente de las casas, la colocación de mosquiteros en camas que prevengan la entrada de chinches besuconas, y el control y el monitoreo de la fauna doméstica como perros y gatos ferales (Ramsey *et al.*, 2003).

CONSIDERACIONES FINALES

La evidencia científica demuestra que la disminución de la degradación de los ecosistemas (por ejemplo, pérdida de integridad ecológica, deforestación, entre otros) y la reducción de los impactos de los factores que aumentan la probabilidad de contacto entre el humano y la fauna silvestre y la doméstica puede disminuir el riesgo de que se presenten brotes epidémicos (Civitello *et al.*, 2015; Salkeld *et al.*, 2015; Allen *et al.*, 2017; Rohr *et al.*, 2020).

El tráfico de especies silvestres y la cacería, así como las granjas, el ganado y la fauna doméstica que muestran protocolos de salubridad e higiene deficientes, son problemas que se deben enfrentar de manera integral (Allen *et al.*, 2017; Rohr *et al.*, 2020). Es necesario profundizar en nuestro conocimiento y ampliar nuestros análisis acerca de los modos en que se producen las interacciones clave en estos procesos. Para esto, el concepto de conectividad resulta interesante y abre múltiples preguntas de investigación. El cambio climático también puede modificar la distribución de huéspedes y vectores e incrementar la probabilidad de coincidencia espacial y de consecuentes brotes de zoonosis (Sipari *et al.*, 2022). Estas proyecciones pueden constituirse en herramientas para la gestión de la salud, con una mirada integral (Botello *et al.*, 2022).

El modelo de *Una Sola Salud* brinda el marco teórico metodológico para desarrollar la normativa y las políticas públicas necesarias para que se reduzca el riesgo de emergencia y reemergencia de zoonosis (Rist *et al.*, 2014). Algunos puntos que se sugieren son los siguientes:

- Desarrollar criterios que permitan armar un registro de buenas prácticas con enfoque de *Una Sola Salud*, de las actividades relacionadas con manejo de fauna silvestre.
- Evitar el tráfico ilegal de fauna silvestre.
- Incorporar indicadores específicos para el monitoreo en los sistemas de notificación de enfermedades zoonóticas.
- Desarrollar acciones de monitoreo y conservación participativas con el enfoque de *Una Sola Salud*.
- Realizar investigación sobre los efectos que pueden tener los distintos escenarios de deforestación, pérdida de biodiversidad y cambio climático en la distribución de huéspedes y vectores con la finalidad de evaluar la probabilidad de brotes de enfermedades zoonóticas emergentes.
- Realizar capacitación de profesionales del sector salud, medio ambiente y productivo (agropecuario y forestal) con el enfoque de *Una Sola Salud*.
- Realizar controles estrictos de las granjas intensivas, el ganado y la fauna doméstica, implementando protocolos de salubridad e higiene adecuados.
- Impulsar la sensibilización sobre el enfoque de *Una Sola Salud* a nivel comunitario en zonas rurales y urbanas.
- Fomentar la revisión de la normativa existente y su desarrollo en aspectos relacionados con éstas y otras recomendaciones.

AGRADECIMIENTOS

Los autores agradecemos, de manera enfática, a muchas colaboradoras y colaboradores por su participación en los diferentes estudios que se citan en esta contribución. Han sido ya varios años de intensas colaboraciones y aprendizaje. Asimismo, queremos reconocer al CONACYT, la CONABIO y la UNAM (diferentes proyectos del PAPIIT; actual PAPIIT IG201221), por el apoyo financiero a diferentes proyectos sobre zoonosis emergentes de importancia en salud pública en México. Finalmente, agradecemos al Dr. Ken Oyama por la invitación a participar en este proyecto editorial de la UNAM.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Allen, Toph, Kris A. Murray, Carlos Zambrana-Torrel, Stephen S. Morse, Carlo Rondinini, Moreno Di Marco, Nathan Breit, Kevin J. Olival, y Peter Daszak (2017). “Global hotspots and correlates of emerging zoonotic diseases”. *Nature Communications* 8 (1): 1-10.
- Berzunza-Cruz, Miriam, Ángel Rodríguez-Moreno, Gabriel Gutiérrez-Granados, Constantino González-Salazar, Christopher R. Stephens, Mircea Hidalgo-Mihart, Carlos F. Marina, Eduardo A. Rebollar-Téllez, Dulce Bailón-Martínez, Cristina Domingo-Balcells, Carlos N. Ibarra-Cerdeña, Víctor Sánchez-Cordero, e Ingerborg Becker (2015). “*Leishmania (L.) mexicana* infected bats in Mexico: Novel potential reservoirs”. *PLoS Neglected Tropical Diseases* 9 (1): 1-15.
- Botello, Francisco, Saúl Castañeda, Jacqueline Sarmiento, y Víctor Sánchez-Cordero. 2022. *Una Sola Salud. Las Zoonosis y las Áreas Naturales Protegidas de la Región Centro de México*. Conservación de la Biodiversidad en el Eje Neovolcánico (COBEN II) – Deutsche Gesellschaft für Internationale Zusammenarbeit (GIZ) GmbH, Comisión Nacional de Áreas Naturales Protegidas, Instituto de Biología, Universidad Nacional Autónoma de México, Conservación Biológica y Desarrollo Social, A. C., Ciudad de México, México. 54 pp.

- Cabrera-Romo, Salomé, C. Max Ramírez, Benito Recio-Tótoro, J. Tolentino-Chi, Humberto. Lanz, Rosa María del Ángel, Víctor Sánchez-Cordero, Ángel Rodríguez-Moreno, y Juan E. Ludert (2016). “No evidence of dengue virus infections in several species of bats captured in central and southern Mexico”. *Zoonoses and Public Health* 63 (8): 579-583.
- Centro Nacional de Programas Preventivos y Control de Enfermedades (CENAPRECE). 2018. Rabia humana [en línea]. Disponible en <http://www.cenaprece.salud.gob.mx/programas/interior/zoonosis/rabia_humana.tml>
- Civitello, David. J., Jeremy Cohen, Hiba Fatima, Neal T. Halstead, Josue Liriano, Taegan A. McMaho, C. Nicole Ortega, Erin Louise, Tanya Sehgal, Suzanne Young, y Jason R. Rohr (2015). “Biodiversity inhibits parasites: broad evidence for the dilution effect”. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 112 (28): 8667-8671.
- Diario Oficial de la Federación (2013). Norma Oficial Mexicana NOM-017-SSA2-2012, para la vigilancia epidemiológica. México.
- Díaz-Valdés, Joselín, Ignacio Martínez, Ángel Rodríguez-Moreno, Gabriel Gutiérrez-Granados, Rodrigo Isaiás León-Villegas, Víctor Sánchez-Cordero, Jorge Fraga-Nodarse, Jose Ángeles-Chimal, y Bertha Espinoza (2021). “Different DTUs of *Trypanosoma cruzi* infect sylvatic Triatominae and first report of *Panstrongilus rufotuberculatus* infection in south-east Mexico”. *The American Journal of Tropical Medicine and Hygiene* 105 (4):1045-1052.
- Escobar, Luis E., y Meggan E. Craft (2016). “Advances and limitations of disease biogeography using ecological niche modeling”. *Frontiers in Microbiology* 7: 1174.
- Estrada-Peña, Agustín, Richard S. Ostfeld, A. Townsend Peterson, Roberto Poulin, y José de la Fuente (2014). “Effects of environmental change on zoonotic disease risk: an ecological primer”. *Trends in Parasitology* 30 (4): 205-214.
- Fajardo-Dolci, Germán, José Meljem-Moctezuma, Esther Vicente-González, Francisco Vicente Venegas-Páez, Betania Mazón-González, y Héctor

- Gerardo Aguirre-Gas (2012). “El dengue en México: Conocer para mejorar la calidad de la atención”. *Revista Médica del Instituto Mexicano del Seguro Social* 50 (6): 631-639.
- Garza, Miroslava, Teresa Patricia Feria-Arroyo, Edgar A. Casillas, Víctor Sánchez-Cordero, Chissa-Louise Rivaldi, y Sahotra Sarkar (2014). “Projected future distributions of vectors of *Trypanosoma cruzi* in North America under climate change scenarios”. *PLoS Neglected Tropical Diseases* 8 (5): 1-8.
- González, Camila, Ophelia Wang, Stavana Strutz, Constantino González-Salazar, Víctor Sánchez-Cordero, y Sahotra Sarkar (2010). “Climate change and risk of leishmaniasis across the México-United States border: Predictions from ecological niche models of vector and reservoir species”. *PLoS Neglected Tropical Diseases* 4 (1): 1-16.
- González, Camila, Eduardo A. Rebollar-Téllez, Sergio Ibáñez-Bernal, Ingeborg Becker-Fausser, Enrique Martínez-Meyer, A. Townsend Peterson, y Víctor Sánchez-Cordero (2011). “Current knowledge on *Leishmania* vectors in Mexico: how species geographic distributions relate to transmission areas”. *American Journal of Tropical Medicine and Hygiene* 85 (5): 839-846.
- González-Salazar, Constantino, Christopher R. Stephens, y Víctor Sánchez-Cordero (2017a). “Predicting the potential role of non-human hosts in Zika virus maintenance”. *Ecohealth* 14 (1): 171-177.
- González-Salazar, Constantino, Christopher R. Stephens, y Víctor Sánchez-Cordero (2017b). “Response to Letter to the Editor “Non-human hosts and Zika virus maintenance””. *Ecohealth* 14 (2): 200-202.
- Hijmans, Robert J., Susan E. Camero, Juan L. Parra, Peter G. Jones, y Andy Jarvis (2005). “Very high-resolution interpolated climate surfaces for global land areas”. *International Journal of Climatology* 25 (15): 1965-1978.
- Ibarra Cerdeña, Carlos N., Víctor Sánchez Cordero, A. Townsend Peterson, y Janine M. Ramsey (2009). “Ecology of North American Triatominae”. *Acta Tropica* 110 (2): 178-186.
- Ibarra-Cerdeña Carlos N., Alejandro Zaldívar-Riverón, A. Townsend Peterson, Víctor Sánchez-Cordero, y Janine M. Ramsey (2014). “Phylogeny and niche conservatism in North and Central American Triatomine bugs

- (Hemiptera: Reduviidae: Triatominae), vectors of Chagas' disease". *PLoS Neglected Tropical Diseases* 8 (10): 1-12.
- Ibarra-Cerdeña, Carlos N., Leopoldo Valiente-Banuet, Víctor Sánchez-Cordero, Christopher R. Stephens, y Janine M. Ramsey (2017). "Trypanosoma cruzi reservoir—triatomine vector co-occurrence networks reveal meta-community effects by synanthropic mammals on geographic dispersal". *PeerJ*. 4.
- IPCC (2014). Cambio climático 2014: Informe de síntesis. Contribución de los Grupos de trabajo I, II y III al Quinto Informe de Evaluación del Grupo Intergubernamental de Expertos sobre el Cambio Climático [Equipo principal de redacción, Rajendra K. Pachauri y Leo A. Meyer (eds.)]. IPCC, Ginebra, Suiza. Disponible en <https://www.ipcc.ch/site/assets/uploads/2018/02/SYR_AR5_FINAL_full_es.pdf>
- López-Cárdenas, Jorge, Francisco Ernesto González Bravo, Paz Maria Salazar Schettino, Juan Carlos Gallaga Solórzano, Ector Ramírez Barba, Joel Martínez Méndez, Víctor Sánchez-Cordero, A. Townsend Peterson, y Janine M. Ramsey (2005). "Fine-scale predictions of distributions of Chagas diseases vectors in the state of Guanajuato, Mexico." *Journal of Medical Entomology* 42 (6): 1068-1081.
- Lozano-Sardaneta, Yokomi N., Sokani Sánchez-Montes, Víctor Sánchez-Cordero, Ingeborg Becker, y Luis E. Paternina (2020a). "Molecular detection of *Leishmania infantum* in sand flies (Diptera: Psychodidae: Phlebotominae) from Veracruz, Mexico". *Acta Tropica* 207: 1-7.
- Lozano-Sardaneta, Yokomi, Luis E. Paternina, Sokani Sánchez-Montesa, Alejandro Quintero, Sergio Ibáñez-Bernal, Víctor Sánchez-Cordero, Eduardo Elías Bejarano, e Ingeborg Becker (2020b). "DNA barcoding and fauna of phlebotomine sand flies (Diptera: Psychodidae: Phlebotominae) from Los Tuxtlas, Veracruz, Mexico". *Acta Tropica* 207: 105492.
- Lozano-Sardaneta, Yokomi N., Eduardo I. Jiménez-Girón, Jorge J. Rodríguez-Rojas, Sokani Sánchez-Montes, Lucía Álvarez-Castillo, Víctor Sánchez-Cordero, e Ingeborg Becker (2021a). "Species diversity and blood

- meal sources of phlebotomine sand flies (Diptera: Psychodidae) from Los Tuxtlas, Veracruz, Mexico”. *Acta Tropica* 216: 105831.
- Lozano-Sardaneta, Yokomi N., Anayansi Valderrama, Sokani Sánchez-Montes, Estefania Grostieta, Pablo Colunga-Salas, Víctor Sánchez-Cordero, e Ingeborg Becker (2021b). “Rickettsial agents detected in the genus *Psathyromyia* (Diptera: Phlebotominae) from a Biosphere Reserve of Veracruz, Mexico”. *Acta Tropica* 82: 102286.
- Manne-Goehler, Jennifer, Chukwuemeka A. Umeh, Susan P. Montgomery, y Veronika J. Wirtz (2016). “Estimating the burden of Chagas disease in the United States”. *PLoS Neglected Tropical Diseases* 10 (11): e0005033.
- McIlwee, Bridget E., Stephen E. Weis, y Gregory A. Hosler (2018). “Incidence of endemic human cutaneous leishmaniasis in the United States”. *JAMA Dermatology* 154 (9): 1032-1039.
- Méndez-Lozano, Meztli, Erika Judith Rodríguez-Reyes, y Luisa María Sánchez-Zamorano (2015). “Brucelosis, una zoonosis presente en la población: estudio de series de tiempo en México”. *Salud Pública de México* 57 (6).
- Moffett, Alexander, Stavava Strutz, Nelson Guda, Camila González, María Cristina Ferro, Víctor Sánchez-Cordero, y Sahotra Sarkar (2009). “A global database of disease vector distributions”. *PLoS Neglected Tropical Diseases* 3 (3).
- Mota, Javier, Juan Carlos Chacon, A. Gutiérrez, Ana E. Gutiérrez-Cabrera, Víctor Sánchez-Cordero, Robert A. Wirtz, Rosalinda Ordoñez, Francisco Panzera, y Janine M. Ramsey (2007). “Identification of blood meal source and infection with *Trypanosoma cruzi* of Chagas disease vectors, using a multiplex cytochrome b PCR assay”. *Vector-Borne and Zoonotic Diseases* 7 (4): 617-628.
- Parrish Jeffrey D., David P. Braun, y Robert S. Unnasch (2003). “Are we conserving what we say we are? Measuring ecological integrity within protected areas”. *BioScience* 53 (9): 851-860.
- Peterson, A. Townsend (2008). “Biogeography of diseases: a framework for analysis”. *Naturwissenschaften* 95: 483-491.

- Peterson, A. Townsend, Víctor Sánchez-Cordero, Janine Ramsey, y C. Ben Beard (2002). “Mammal-ectoparasite associations and potential reservoirs for Chagas disease in Mexico”. *Emerging Infectious Diseases* 8: 662-667.
- Peterson, A. Townsend, Jorge Soberón, Richard G. Pearson, Robert P. Anderson, Enrique Martínez-Meyer, Miguel Nakamura, y Miguel Basto Araújo (2011). *Ecological niches and geographic distributions (MPB-49)*. Princeton University Press.
- Ramsey, Janine M., Rosalinda Ordóñez, Angel Tello-López, José Luis Pohls, Víctor Sánchez-Cordero, y A. Townsend Peterson (2003). “Actualidades sobre la epidemiología de la enfermedad de Chagas en México”. En: Ramsey Janine M., Angel Tello López, José Luis Pohls (eds). *Iniciativa para la Vigilancia y el Control de la Enfermedad de Chagas en la República Mexicana*. Instituto Nacional de Salud Pública. Cuernavaca, México. 85-103.
- Ramsey, Janine M., Ana E. Gutiérrez-Cabrera, Liliana Salgado-Ramírez, A. Townsend Peterson, Víctor Sánchez-Cordero, y Carlos N. Ibarra-Cedeña (2012). “Ecological connectivity of *Trypanosoma cruzi* reservoirs and *Triatoma pallidipennis* hosts in an anthropogenic landscape with endemic Chagas disease”. *PLoS One* 7 (9): 1-12.
- Rist, Cassidy Logan, Carmen Sofia Arriola, y Carol Rubin (2014). “Prioritizing zoonoses: A proposed One Health tool for collaborative decision-making”. *PLoS One* 9 (10): 1-12.
- Rodríguez-Rojas, Jorge J., Ángel Rodríguez-Moreno, Miriam Berzunza-Cruz, Gabriel Gutiérrez-Granados, Ingerborg Becker, Víctor Sánchez-Cordero, Christopher R. Stephens, Idelfonso Fernández-Salas, y Eduardo Rebol-lar-Téllez (2017). “Ecology of phlebotomine sandflies and putative reservoir hosts of leishmaniasis in a border area in Northeastern Mexico: implications for the risk of transmission of *Leishmania mexicana* in Mexico and the USA”. *Parasite* 24 (33): 1-17.
- Rohr, Jason R., David J. Civitello, Fletcher W. Halliday, Peter J. Hudson, Kevin D. Lafferty, Chelsea L. Wood, y Erin A. Mordecai (2020). “Towards common ground in the biodiversity–disease debate”. *Nature Ecology & Evolution* 4: 24-33.

- Salkeld, Daniel J., Kerry A. Padgett, James Holland Jones, y Michael F. Antolin (2015). "Public health perspective on patterns of biodiversity and zoonotic disease". *Proceedings of the National Academy of Science of the United States of America* 112 (46): E6261.
- Sánchez-Cordero, Víctor, y Enrique Martínez-Meyer (2000). "Museum specimen data predict crop damage by tropical rodents". *Proceedings of the National Academy of Science of the United States of America* 97 (13): 7074-7077.
- Sánchez-Cordero, Víctor, A. Townsend Peterson, Enrique Martínez-Meyer, y Rita Flores (2005). "Distribución de roedores reservorios del virus causante del síndrome pulmonar por hantavirus y regiones de posible riesgo en México". *Acta Zoológica Mexicana (Nueva Serie)* 21 (3): 79-91.
- Sánchez-Cordero, Víctor, Susana Magallón, Atilano Contreras-Ramos, Gerardo Salazar, David S. Gernandt, Enrique González, Ubaldo Melo Samper, Joaquín Giménez, Daniel Pérez, Carlos Reséndiz, y Miguel Murguía (2021). "Digitalización y Sistematización de las Colecciones Biológicas Nacionales del Instituto de Biología, UNAM". *Universidad Nacional Autónoma de México. Instituto de Biología. Informe Final SNIB-CONABIO Proyecto KE002. Ciudad de México, México.*
- Sánchez-Cordero, Víctor, Gabriel Gutiérrez-Granados, Ángel Rodríguez-Moreno, y José Juan Flores-Martínez (2022). "Roedores y riesgo agrícola. El modelado del nicho ecológico como herramienta de predicción". *Facultad de Estudios Superiores Zaragoza, Universidad Nacional Autónoma de México. PAPIME- PE 216219.*
- Sarkar, Sahotra, Stavana E. Strutz, David M. Frank, Chissa-Louisa Rivaldi, Blake Sissel, y Víctor Sánchez-Cordero (2010). "Chagas disease risk in Texas". *PLoS Neglected Tropical Diseases* 4 (10).
- Sarkar, Malay, Rajnish Pathania, Anupam Jhobta, Babu Ram Thakur, y Rajesh Chopra (2016). "Cystic pulmonary hydatidosis". *Lung India* 33 (2): 179.
- Secretaría de Salud. (2019). Manual de procedimientos para la enfermedad de Chagas en México. Recuperado de <https://www.gob.mx/cms/uploads/attachment/file/447946/>

- Sipari, Saana, Hussein Khalil, Magnus Magnusson, Magnus Evander, Birger Hörnfeldt, y Fraude Ecke (2022). “Climate change accelerates winter transmission of a zoonotic pathogen”. *Ambio* 51 (3): 508-517.
- Stephens, Christopher R., Joaquin Giménez Heau, Camila González-Rosas, Carlos N. Ibarra-Cerdeña, Víctor Sánchez-Cordero, y Constantino González-Macías (2009). “Using biotic interaction networks for prediction in biodiversity and emerging diseases”. *PLoS One* 4 (5).
- Stephens, Christopher R., Constantino González-Salazar, Víctor Sánchez-Cordero, Ingerborg Becker, Eduardo Rebollar-Tellez, Ángel Rodríguez-Moreno, Miriam Berzunza-Cruz, Cristins Domingo-Balcells, Gabriel Gutiérrez-Granados, Mircea Hidalgo-Mihart, Carlos N. Ibarra-Cerdeña, Martha Pilar Ibarra López, Luís Ignacio Iñiguez-Dávalos, y María Magdalena Ramírez-Martínez (2016). “Can you judge a disease host by the company it keeps? Predicting disease hosts and their relative importance: A case study for Leishmaniasis”. *PLoS Neglected Tropical Diseases* 10 (10).
- Stephens, Christopher R., Víctor Sánchez-Cordero, y Constantino González-Salazar (2017). “Bayesian inference of ecological interactions from spatial data”. *Entropy* 19 (12): 547.
- Van Hook, Chares J. (2018). “Hantavirus pulmonary syndrome—The 25th Anniversary of the four corners outbreak”. *Emerging Infectious Diseases* 24(11): 2056-2060.
- Viguera-Galván, Ana L., Andrés M. López-Pérez, Gabriel García-Peña, Oscar Rico-Chávez, Rosa E. Sarmiento-Silva, y Gerardo Suzán (2019). “Current situation and perspectives on hantaviruses in Mexico”. *Viruses* 11 (7): 642.
- Zinsstag, Jacob, Esther Schelling, Lisa Crump, Maxine Whittaker, Marcel Tanner, y Craig Stephen (Eds.) (2020). *One Health: the theory and practice of integrated health approaches*. Centre for Agricultural Bioscience International [CABI].
- Zinsstag, Jacob, Esther Schelling, David Waltner-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.

Nuestros aliados alados: origen y diversidad de los murciélagos y los servicios ecosistémicos que nos proporcionan

7

Rodrigo A. Medellín
Instituto de Ecología, UNAM

INTRODUCCIÓN

La diversidad biológica de la Tierra es hoy la más grande que haya existido en la historia del planeta, pero también enfrenta las amenazas más severas en su historia, con una sexta extinción masiva que amenaza con destruir una altísima proporción de las especies hoy vivientes. Estamos perdiendo especies a una velocidad unas mil veces más rápida que lo que se esperaría si estuviésemos viviendo un periodo con una tasa de extinción normal o de fondo (Pimm *et al.*, 2014). La biodiversidad es importante intrínsecamente por la vida misma que está contemplada en ella, por la diversidad de especies de plantas y animales que incluye, y por la variedad y las escalas de esa diversidad, desde genes hasta ecosistemas y paisajes. De igual forma, la biodiversidad tiene una importancia crucial para sostener la vida humana y todos los procesos necesarios para mantenerla, desde la producción de alimentos hasta la provisión de aire limpio, suelos fértiles y agua potable.

Los ecosistemas sanos son particularmente importantes, pues proveen servicios primordiales necesarios para el desarrollo de la vida, incluida la humana, tales como el control y la regulación de poblaciones de insectos, incluyendo especies plaga y especies portadoras de patógenos, la dispersión de semillas, la polinización para la reproducción sexual de las plantas,

la estabilización y el mantenimiento de suelos fértiles, la descomposición de los productos orgánicos de desecho, la regulación del clima y muchos más. La biodiversidad también nos provee de productos y materiales como alimentos, fibras, combustibles y medicinas, apoya procesos esenciales como el reciclado de nutrientes y la productividad primaria (la creación de materia orgánica a partir de la absorción de compuestos inorgánicos que son convertidos en compuestos orgánicos a través de la fotosíntesis), y proporciona beneficios intangibles o culturales, como los valores estéticos, espirituales, recreativos y éticos asociados con ella. Todos estos servicios, productos y beneficios son muy importantes para mejorar el nivel de la calidad de la vida de los humanos en todo el planeta y para asegurar el funcionamiento correcto y la integridad de los ecosistemas (Díaz *et al.*, 2019). Nos referiremos a todos ellos en colectivo como servicios ecosistémicos de la biodiversidad o servicios ecosistémicos. La intensidad, la escala, el impacto y la disponibilidad de los servicios ecosistémicos depende del estado y la integridad de la biodiversidad que los proporciona. En este capítulo me concentraré en explicar y documentar los servicios ecosistémicos que los murciélagos proporcionan para los seres humanos y los ecosistemas, y como preámbulo hablaré de la diversidad, la abundancia y los orígenes de los murciélagos. Esto es particularmente importante en estos momentos de la pandemia de COVID-19, ya que al descubrirse que tiene un origen zoonótico y que los murciélagos portan virus muy parecidos, se generó la falsa idea de que los murciélagos son perjudiciales para el ser humano y en algunas regiones del mundo se han emprendido campañas para acabar con ellos.

Los murciélagos están contenidos en el orden Chiroptera (o quirópteros) de los mamíferos y representan el segundo orden más rico en especies, con más de 1,400 especies que viven en toda la superficie terrestre emergida del mar, excepto en los casquetes polares norte y sur (Simmons y Cirrane-llo, 2020). Los murciélagos pueden habitar desde el nivel del mar hasta a más de 4,500 metros, y se les puede encontrar en todos los ecosistemas, como desiertos, selvas, bosques, manglares y pastizales. La historia evolutiva de los murciélagos se remonta a más de 55 millones de años (Kunz, 2013). Los fósiles más antiguos de murciélagos datan de hace 52.5 millones de años y ya

contaban con su forma característica, con manos modificadas para funcionar como alas. Esto quiere decir que su origen podría ser aún más antiguo, por varios millones de años por lo menos. Su gran diversificación ha dado origen a más de 20 familias. En México hay registradas 140 especies, el 10% del total mundial, y sólo hay cinco países que tienen más especies de murciélagos que México: Colombia, Perú, Brasil, Venezuela y Ecuador (Medellín *et al.*, 2008; Rivas-Camo *et al.*, 2020). México tiene más especies endémicas de murciélagos que cualquier otro país del mundo. Esta gran diversidad está asociada, por supuesto, con la categoría de país megadiverso que México tiene con más del 10% de las especies vivas del mundo en un 3% del territorio emergido del mar (Comisión Nacional de Áreas Naturales Protegidas [CONAM], 2018), y más ecosistemas que casi cualquier otro país.

Con respecto a su morfología, la gran variación y complejidad de los murciélagos dejan atrás a muchos otros grupos de animales. Hay murciélagos pequeñísimos, que apenas pesan tres gramos, y unos enormes zorros voladores que pesan más de kilo y medio con una envergadura de casi dos metros (Figura 1). Hay murciélagos con el pelaje negro y otros de un blanco immaculado; los hay rojizos, amarillos, cafés, pajizos, grises, anaranjados, con líneas o manchas en la cara o el cuerpo, con alas transparentes, blanquecinas o hasta negras. Con rostros muy alargados o chatos, orejas enormes o muy pequeñas, ojos muy grandes o pequeñísimos. Cada configuración nos da indicios de su historia natural (Fenton y Simmons, 2015; Wilson, 2019). Usualmente las orejas grandes nos indican que las especies pueden escuchar los sonidos emitidos por las presas: un saltamontes emitiendo su chirrido de apareamiento, un alacrán caminando en la hojarasca o un ratón royendo alguna semilla. Los rostros alargados generalmente caracterizan a las especies que se alimentan de néctar y polen de las flores. Los ojos pequeños y casi dentro de la oreja indican especies con un sistema de ecolocalización muy sensible y especializado que les permite cazar insectos pequeños al vuelo. La presencia de una hoja nasal, un apéndice cutáneo lanceolado encima de la nariz, nos indica que generalmente necesitan usar la boca para acarrear a su presa y por ello no pueden emitir sus llamadas de ecolocalización por la boca, sino por la nariz; así, la



Figura 1. La morfología de los murciélagos, con su gran variación y rostros, orejas, y ojos muy grandes o muy pequeños, es ilustrativa de su biología. Insectívoros de sustrato: fotos 1, 2, 4, 6. Insectívoros aéreos: fotos 10, 11, 12. Hematófagos: foto 3. Nectarívoros/polinívoros: fotos 5, 9. Frugívoros: foto 7. Carnívoros: foto 8.

hoja nasal opera como un segmento de parábola y el sonido se emite por los nostrilos (Fenton y Simmons, 2015; Fleming *et al.*, 2020).

Dada su extraordinaria diversidad taxonómica, morfológica y ecológica, los papeles que juegan los murciélagos en los ecosistemas son igualmente diversos y, en vista de su gran abundancia, sobre todo en las regiones tropicales y subtropicales, son cruciales para el funcionamiento de los ecosistemas (Figura 2).

Al mismo tiempo, pocos grupos de animales tienen una imagen pública tan mala como los murciélagos. En todos los casos, esta mala imagen está injustificada: las serpientes, las arañas, los alacranes, los tiburones, los murciélagos y muchos otros animales, tienen un estigma terrible e inmerecido, pero ningún caso está menos justificado y es menos pertinente que en el caso de los murciélagos. Ellos hacen mucho por el funcionamiento de los ecosistemas y por nosotros mismos; la historia natural de los murciélagos se ve reflejada en beneficios que recibimos cada día, desde los alimentos y las bebidas que consumimos hasta las ropas que usamos, la salud que tenemos, los bosques y desiertos que disfrutamos, y muchos productos agrícolas que cosechamos.

ECOLOGÍA E HISTORIA NATURAL DE LOS MURCIÉLAGOS

Los murciélagos se reúnen en colonias que pueden albergar a varios millones de individuos en un solo refugio, aunque hay muchas otras mucho menos numerosas, de un puñado de individuos o incluso en solitario. Se refugian entre

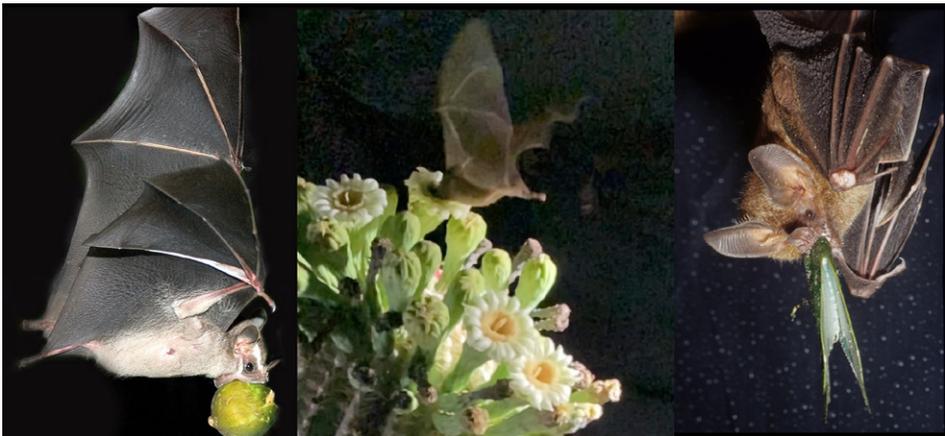


Figura 2. Los servicios ecosistémicos que prestan los murciélagos, como la insectivoría y control de plagas, la dispersión de semillas y la polinización, tocan cada día de nuestras vidas.

las hojas o ramas de los árboles, en sus oquedades, en grietas de las rocas, en cuevas, túneles, casas habitadas y abandonadas, sitios arqueológicos y muchos más. Contra la creencia popular, sólo alrededor de la mitad de las especies se refugian en cuevas (Medellín *et al.*, 2017). Unas 25 especies construyen tiendas en la vegetación modificando hojas de palmas, aráceas y muchas otras especies de plantas, en las que se guarecen de la lluvia, el sol, el viento y los depredadores. Se trata de especies tropicales, seis de las cuales viven en México, y se refugian en colonias pequeñas conformadas desde uno hasta un par de docenas de individuos. Tanto los machos como las hembras colaboran en la construcción de los refugios y las hojas modificadas pueden guarecer a los murciélagos desde una semana hasta más de ocho, dependiendo de la especie. Se han registrado más de 80 especies de plantas que estos murciélagos usan para construir sus refugios (Rodríguez-Herrera *et al.*, 2007).

La reproducción de la mayoría de los murciélagos tiene lugar una sola vez al año. Los machos y las hembras se aparean en el invierno o a principios de la primavera, y la gestación varía mucho entre especies, desde tres hasta más de siete meses. Las hembras dan a luz usualmente a una sola cría y ello determina que el crecimiento poblacional de estos animales sea muy lento. Unas pocas especies insectívoras, algunas con distribución en México, pueden dar a luz hasta cuatro crías, pero son la excepción. Las especies que se reúnen en colonias de miles o millones de individuos suelen parir crías menos desarrolladas que las que se refugian en grupos pequeños; muchas de esas especies habitan refugios con temperaturas altas, necesarias para que las crías puedan mantener una temperatura corporal elevada, especialmente en las primeras etapas de la vida. Como mamíferos que son, los murciélagos hembra dan de mamar a sus crías por un periodo que varía dependiendo de la especie, desde cuatro a siete semanas. Los dientes deciduos de las crías de murciélago tienen forma de gancho y están adaptados para que se aseguren de no caer del pezón. Hay algunas especies que pueden retrasar la implantación del embrión en el útero o inclusive detener por periodos de semanas su crecimiento, en los casos en que la escasez de alimento hace difícil la supervivencia de la hembra.

Algunas especies de murciélagos realizan migraciones estacionales que pueden llegar a ser de miles de kilómetros. En esos casos, son generalmente las hembras las que migran, pues los machos sólo se aparean con las hembras en los sitios en los que pasan el invierno y no necesitan migrar con ellas. Es así que algunas especies se aparean en el invierno o a principios de la primavera, y entonces las hembras inician los movimientos migratorios hacia los sitios donde parirán a sus crías y donde permanecen por varios meses, hasta que las crías son capaces de volar, y de seguirlas y de consumir los mismos alimentos que los adultos. Las rutas migratorias son poco conocidas en general y algunas especies, como el murciélago guanero *Tadarida brasiliensis*, parecen no respetar corredores migratorios, sino que se mueven en masa del centro y sur de México al norte de México y sur de Estados Unidos, donde pasan el verano (Russell *et al.*, 2005).

SERVICIOS ECOSISTÉMICOS QUE PROPORCIONAN LOS MURCIÉLAGOS

Control de plagas

El 75% de todas las especies de murciélagos se alimentan de insectos que capturan al vuelo o sobre el sustrato, al escuchar las llamadas de reproducción de los saltamontes o cigarras, o los ruidos que producen al caminar entre la hojarasca. El grupo de murciélagos insectívoros incluye a muchísimas especies con una enorme diversidad morfológica, ecológica y taxonómica. Para simplificar, en estas páginas los divido en los murciélagos que conforman concentraciones de decenas de miles o más individuos y que se refugian en cuevas, túneles, minas y otras estructuras humanas, y los murciélagos que viven en grupos más pequeños y que pueden refugiarse en las oquedades de los árboles, entre el follaje, en grietas y otros sitios similares. El primer grupo, que podemos llamar murciélagos que capturan insectos en vuelo, incluye principalmente a especies que detectan y cazan su alimento, insectos pequeños, al

vuelo y usando su sistema de ecolocalización, mediante la emisión de pulsos acústicos de frecuencias altas o muy altas, muy raramente audibles para los humanos, y que detectan a sus presas al escuchar el eco producido cuando sus llamadas chocan con el cuerpo del insecto en el aire y regresan al aparato auditivo de los murciélagos. El segundo grupo incluye a especies que generalmente tienen orejas grandes o enormes, y que utilizan los sonidos emitidos por los insectos y otros artrópodos presa, como alacranes, arañas y ciempiés. A estos murciélagos que usualmente capturan insectos grandes o medianos los llamamos acechadores. Éstos transportan a sus presas en el hocico hasta los refugios nocturnos de alimentación, en donde las procesan, desechando patas y alas y comiendo el nutritivo abdomen y tórax. Es muy fácil e interesante encontrar los refugios de estas especies, en los que con una rápida inspección nos damos cuenta de la gran diversidad de saltamontes, escarabajos, polillas, mantis, cucarachas, alacranes y muchísimos más insectos que consumen, controlando sus poblaciones con este proceso.

Los murciélagos que atrapan a sus presas en vuelo han sido estudiados desde muchos ángulos para estimar el valor del servicio de control de plagas que realizan para la agricultura. Un resumen rápido muestra que, en la temporada de maternidad, cuando las hembras están en la parte norte de su distribución y criando a sus retoños, cada hembra consume un poco más de diez gramos de insectos. En otras publicaciones se ha estimado que solamente en la franja fronteriza norte de México, de Sonora a Tamaulipas, viven entre 20 y 30 millones de murciélagos de una sola de estas especies: el murciélago guanero. Esto se traduce en que cada millón de murciélagos consume alrededor de diez toneladas de insectos cada noche, por lo que sólo la población de esa especie por sí misma elimina entre 200 y 300 toneladas de insectos por noche. Es difícil visualizar una, diez o 200 toneladas de insectos, y aún más difícil imaginar qué sucedería si de un momento a otro todos esos murciélagos desaparecieran. Considerando estos números estratosféricos, es claro que la agricultura sufriría un golpe que, aunque puede no ser fatal, definitivamente causaría muchísimas pérdidas de maíz o de cualquier otra cosecha, difíciles de recuperar sin la ayuda de los murciélagos (y recuerde-

mos que este impacto se debe sólo al murciélago guanero). Sin embargo, hay docenas de otras especies de murciélagos insectívoros que se reúnen en colonias de cientos de miles (y algunas hasta millones) de individuos que no han sido estudiados al mismo nivel, pero que prestan servicios ecosistémicos de escalas similares. Por ejemplo, la reducción del daño por insectos plaga en los cultivos de algodón en Texas debido a los murciélagos representa un 25% del valor total de la cosecha (Cleveland *et al.*, 2006). Las cuevas que tienen grandes concentraciones de murciélagos insectívoros pueden representar un beneficio de hasta 3.4 millones de dólares al año solamente por la supresión de poblaciones de insectos plaga, como en el caso de la cueva Bracken en Texas (Medellín *et al.*, 2017). Aún más, el espectáculo de observar la salida de millones de murciélagos de una cueva es un atractivo que está creciendo rápidamente. Por ejemplo, la cueva Carlsbad en Nuevo México, representa una actividad económica de unos 3.5 millones de dólares al año (Medellín *et al.*, 2017).

En México hay muchas cuevas, y cada vez más, que atraen al turismo por los murciélagos que las habitan. Algunas notables, que recomiendo enfáticamente a todos los lectores a que las visiten. La cueva del Volcán de los Murciélagos, en el sur del estado de Campeche, en la reserva estatal de Balamkú, cuenta con una población de alrededor de tres millones de murciélagos de más de ocho especies, la mayoría de los cuales son parientes cercanos del murciélago de cola libre, *Tadarida brasiliensis* y los de cola libre ancha, *Nyctinomops laticaudatus*. Las grutas de Juxtlahuaca, cerca de Colotlipa, Guerrero, son un gran ejemplo de un manejo para la conservación adecuado y sustentable; son operadas por una familia de agricultores, la familia Ortega, desde hace más de seis décadas, y tienen una población de 100,000 a 300,000 murciélagos de más de siete especies, incluyendo una gran colonia en el invierno y a principios de la primavera del murciélago magueyero menor, *Leptonycteris yerbabuena*. Las grutas de Xoxafi, en el estado de Hidalgo cerca de Actopan, resguardan una importante colonia de miles de murciélagos magueyeros que han sido protegidas por la comunidad de Santiago de Anaya. La cueva de la Boca, cerca de Santiago, Nuevo León, tiene una población de más de tres millones de murciélagos guaneros (*Tadarida brasiliensis*) que se reúnen ahí para parir a sus crías en el

verano. Elaboramos el plan de manejo de esa cueva hace más de 20 años, pero las organizaciones locales que se debían hacer cargo no han logrado implementarlo. Aun así, el espectáculo en esa cueva es verdaderamente asombroso.

Por otro lado, los murciélagos acechadores también juegan papeles importantes en el bosque y en la agroforestería. En un estudio hecho en Chiapas, los investigadores encontraron que en una finca cafetalera, en ausencia de murciélagos, los artrópodos en las plantas de café se incrementaron en un 84% (Williams-Guillén *et al.*, 2008). En un bosque tropical en Panamá, un estudio con plantas dentro de jaulas de exclusión mostró que en ausencia de aves y murciélagos, los daños a las hojas por herbivoría se incrementaron de 4% en presencia de aves y murciélagos a 7% en presencia sólo de murciélagos y 13% en presencia sólo de aves (Kalka *et al.*, 2008). Esto indica que los murciélagos son los más importantes controladores de insectos fitófagos en estos ecosistemas. Es también muy conocido que algunas especies de murciélagos acechadores, como el murciélago pálido (*Antrozous pallidus*) o el murciélago de hoja nasal de California (*Macrotus californicus*), son poderosos depredadores de alacranes, ciempiés, cucarachas y otros artrópodos considerados nocivos (Novaes, 2019; Solari, 2019).

Dispersión de semillas

Aproximadamente un 12% de las especies de murciélagos se alimentan de frutas tropicales y dispersan sus semillas, haciendo un importante servicio ecosistémico y económico. Podemos encontrar murciélagos frugívoros desde el norte de México hasta el norte de Argentina, generalmente pertenecientes a especies de la familia Phyllostomidae, los murciélagos de hoja nasal. Pero también hay murciélagos que se alimentan de frutas en las regiones tropicales de África, Asia y Oceanía. En diversos países africanos se han podido observar colonias de murciélagos frugívoros pajizos (*Eidolon helvum*) refugiándose en las ramas y entre el follaje de los árboles en zonas urbanas como Kigali en Rwanda, Nairobi en Kenia, Kampala en Uganda, y muchas ciudades más. Otras especies, como los murciélagos de charreteras (*Epomophorus*

spp.), se refugian muchas veces en casas habitadas y en comercios abiertos, con clientes entrando y saliendo. Algo parecido sucede con los espectaculares zorros voladores, los murciélagos más grandes del mundo (*Pteropus* spp. y *Acerodon* spp.) en Asia y Oceanía. Usualmente evitan las grandes ciudades, pero en Brisbane, Australia, encontramos una colonia de decenas de miles de zorros voladores gigantes (*Pteropus giganteus*) refugiándose en los bosques aledaños al *green* del hoyo 8 de un campo de golf muy concurrido. Se ha estimado que los murciélagos frugívoros tropicales son más abundantes que todas las aves frugívoras tropicales en su conjunto (Bonaccorso, 1979) y, además, los murciélagos defecan (y dispersan semillas) fácilmente en vuelo, mientras que las aves tienden a esperar hasta tener una percha para defecar, por lo que el servicio de dispersión de semillas por murciélagos es mucho más relevante que el de las aves. Algunas de las frutas tropicales más apreciadas en México, como el chicozapote (*Manilkara zapota*), el zapote negro (*Diospyros ebenaster*), el zapote blanco (*Casimiroa edulis*), los amates y las higueras de diversas especies (*Ficus* spp.), las ciruelas tropicales (*Spondias* spp.), los capulines (*Muntingia calabura* y otras) y docenas más de especies están vinculadas con los murciélagos para la dispersión de sus semillas. Incluso algunos frutos del desierto, como las pitayas (*Pachycereus pecten-aboriginum* y otras), también dependen de los murciélagos para ello.

Las selvas tropicales húmedas y secas reciben un beneficio muy importante de los murciélagos: la regeneración y sucesión secundaria para su renovación. Hace muchos años estudiamos este proceso, demostrando que los murciélagos dispersan entre una y cinco semillas por metro cuadrado por noche, principalmente de las especies pioneras de plantas que inician el proceso de regeneración de las selvas, mientras que las aves dispersan entre 0.5 y una semilla por metro cuadrado por día (Da Silva *et al.*, 2008; Goldshtein, 2020). Esto resalta nuevamente que los humanos, al ser diurnos y visuales, al igual que las aves, tenemos un sesgo cuando observamos un ave comiendo un fruto en el bosque, mientras que como los murciélagos son nocturnos y auditivos, no cruzamos camino con ellos, pues no tenemos la posibilidad de detectarlos acústicamente.

Por otro lado, los murciélagos tienderos, aquellos que construyen tiendas o refugios en las hojas de las palmas y otras plantas, son dispersores extraordinarios de árboles de la selva que tienen semillas grandes, como *Spondias radlkoferi*, *Calophyllum brasiliense*, y más de 40 especies adicionales (Melo *et al.*, 2009). Las tiendas construidas por los murciélagos proveen las condiciones ideales para que estas semillas, depositadas justo debajo de ellos, germinen y se incorporen al banco de regeneración de las selvas. Usualmente las frutas con semillas grandes son dispersadas por mamíferos y aves grandes, como venados, tapires, pecaríes, tejones, pavas, cojolitas y otras especies, pero éstas son precisamente las primeras especies que desaparecen de los bosques tropicales, pues los seres humanos las buscan y persiguen para alimentarse de ellas. De este modo, los murciélagos tienderos reemplazan el servicio ecosistémico de la dispersión que bajo condiciones de conservación habría sido realizado por los vertebrados de tamaño mayor (Rodríguez-Herrera *et al.*, 2007; Melo *et al.*, 2009).

Polinización

Más de 140 especies de murciélagos se alimentan de néctar y polen de las flores, y en el proceso de alimentarse proporcionan un servicio ecosistémico muy importante: la polinización de plantas ecológica o económicamente importantes. Los murciélagos nectarívoros en general tienen rostros alargados y lenguas muy largas, con papilas alargadas en forma de vellosidad que les ayudan a “rascar” el fondo de las flores para maximizar la extracción del néctar. Otras especies tienen surcos alargados a ambos lados de la lengua que se contraen con movimientos peristálticos para hacer subir el néctar, como si fuesen popotes o bombas de agua (Tschapka *et al.*, 2015). Existen especies nectarívoras de murciélagos en el Continente Americano desde el extremo suroeste de Estados Unidos, de California a Texas, hasta Argentina y Chile, pasando por todos los países y muchas islas del Caribe. México tiene por lo menos 14 especies que se alimentan de néctar y polen de las flores, pero otras especies, usualmente

consideradas frugívoras o incluso insectívoras, también pueden consumirlos además de su alimentación usual. De estas especies hay casos emblemáticos como el de *Musonycteris harrisoni*, un murciélago endémico de México que vive desde Jalisco hasta Guerrero y Morelos, conocido como la especie con el rostro más alargado en proporción con su cuerpo; también está el caso de *Anoura fistulata*, la especie con la lengua más larga (hasta más de dos veces más larga que su cabeza y cuerpo), que vive en Ecuador y Perú. Hay otras especies pequeñas de murciélagos pertenecientes a la familia de los zorros voladores que viven en Asia y África.

Los murciélagos nectarívoros son también capaces de digerir el polen, cosa nada fácil de hacer para especies de animales no especializadas para ello, como los seres humanos. Los humanos no tenemos jugos gástricos potentes que puedan digerir la cubierta protectora de los granos de polen, la testa, de manera que cuando consumimos en las dietas bioenergéticas grandes cantidades de polen, somos incapaces de aprovecharlas y acabamos desechándolas. Pero los murciélagos nectarívoros, colibríes y algunos otros grupos sí tienen esa capacidad, lo que les da la posibilidad de obtener proteínas de esta dieta; de otra forma estarían limitados a digerir solamente los azúcares del néctar.

Algunas de las plantas más frecuentemente usadas por murciélagos para su alimentación son los cactus columnares como los saguaros, cardones, viejitos, pitayas, órganos y docenas de especies más; las ceibas con su llamativo polen amarillo que termina tiñendo el pelaje de los murciélagos en la temporada de floración; las clavellinas (*Pseudobombax* spp.) con sus flores en forma de cepillo de afeitador y, por supuesto, los agaves. Estas plantas han evolucionado junto con los murciélagos por muchos millones de años, de manera que sus flores son robustas, en forma de trompeta, blancas o amarillentas, con olores tenues, y su néctar varía dependiendo de la especie y la región, teniendo desde el 9% hasta el 37% de concentración de azúcar. Los murciélagos consumen néctares con una concentración que varía del 5% al 29% de azúcar, pero pueden compensar su consumo de néctar de manera que, si la planta posee néctar más concentrado, consumen menos, y si está más diluido, están obligados a visitar más persistentemente la flor. Además, las plantas

adaptadas a la polinización por murciélagos abren sus flores por la noche y usualmente sólo permanecen abiertas y produciendo néctar durante una sola noche. Las anteras, las estructuras que contienen el polen en la flor, se abren al anochecer. El polen de esas especies tiende a tener una vida útil muy breve, de 12 o 14 horas. Esto quiere decir que, aunque veamos a colibríes o abejas visitando flores de agave o de cactus columnares a las 10 de la mañana o más tarde, el polen que consumen y que se llevan a otras flores ya no va a producir el tubo polínico para fecundarlas.

Durante décadas intenté acceder a la industria del tequila para explicarles los problemas de sus métodos de producción, en los que no permiten que una sola planta florezca, pues lo consideran un desperdicio, ya que los agaves acumulan azúcares durante años como estrategia para poder florecer, pero si se cosechan esas plantas justo antes de que florezcan se maximiza la cantidad de azúcar en la planta y, por lo tanto, la cantidad de alcohol producido a través de la fermentación y posterior destilación de los jugos de las cabezas cocidas de agave. No tuve éxito hasta 2012, cuando una amiga mutua me puso en contacto con David Suro, presidente del *Tequila Interchange Project*, una organización compuesta por productores, *bartenders*, comercializadores y académicos dedicados a la sustentabilidad de la producción de tequilas y mezcales. David me abrió la puerta y pronto logramos acordar con varios productores la creación de tequilas y mezcales *Bat Friendly*[®] que hoy son un éxito y que están contribuyendo a que el *Agave tequilana*, la especie usada para el tequila, empiece a recuperar algo de la diversidad genética perdida en más de un siglo de ser forzada a reproducirse solamente de manera asexual. Al permitir que el 5% de los agaves florezcan, alrededor de 100 murciélagos nectarívoros por hectárea podrán alimentarse e intercambiarán polen de muchas otras plantas cada noche (Trejo-Salazar *et al.*, 2016).

Los murciélagos magueyeros del género *Leptonycteris* han ocupado buena parte de mis investigaciones, y desde 1983 he estado estudiándolos y entendiendo sus necesidades de conservación. En 1983 y 1984 fui parte de unas expediciones al centro y norte de México para valorar el riesgo de extinción que enfrentaban. Los resultados mostraron que todos los refugios que

visitamos, a partir de una búsqueda bibliográfica, tenían muy pocos o ningún individuo de estas especies. Esto nos llevó a enviar la propuesta de enlistar a las dos especies que viven en México y en Estados Unidos, para ser incluidas en el *Endangered Species Act* de Estados Unidos. En 1988, fueron incluidas en esta lista como especies en peligro de extinción. Pocos años después, se me solicitó la preparación del programa de recuperación de una de las especies, *L. nivalis*, y en 1993 enviamos la propuesta de enlistar a ambas especies en la Norma Oficial Mexicana 059, que incluye a las especies amenazadas o en peligro de extinción. Tras la publicación de los programas de recuperación (United States Fish and Wildlife Service, 1994), junto con mi equipo del Programa para la Conservación de los Murciélagos de México nos dedicamos a la aplicación de las acciones de recuperación. En ambos planes de manejo quedó muy claro que la amenaza más severa para estas especies es la destrucción directa de sus refugios y no tanto la extracción de agaves, dado que se alimentan de docenas de especies de plantas y no solamente de ellos. En 1997 iniciamos un programa de monitoreo de los 13 refugios más importantes conocidos de esta especie en esos años, procurando visitarlos cada año para estimar la población periódicamente. Hacia 2010 era claro que todos los refugios de una de las especies, el murciélago magueyero menor (*Leptonycteris yerbabuena*), tenían poblaciones estables o inclusive creciendo, y empezamos a considerar su eliminación de la NOM-059. Seguimos monitoreando las poblaciones y encontramos que para 2013 era el momento de anunciar la recuperación de la especie, y así fue como este murciélago se convirtió en el primero en ser eliminado de las listas de especies en riesgo de extinción de México a raíz de un programa de conservación y recuperación (Medellín y Torres-Knoop, 2015). Hemos aprendido mucho de la biología de estos murciélagos. Por ejemplo, las hembras lactando de la Cueva del Pinacate, su colonia más numerosa conocida, pueden volar más de 120 km en un solo sentido hasta alcanzar los sitios de alimentación y regresar en la misma noche para amamantar a sus crías (Medellín *et al.*, 2018; Goldshtein, 2020). La especie se ha convertido en un bastión representativo de los éxitos en conservación; ya está demostrada su importante influencia en la producción de pitayas en el noroeste de México y seguimos aprendiendo

de su sorprendente proceso migratorio y las implicaciones que tiene para su biología (Zamora-Mejías *et al.*, 2020-2022; Trejo-Salazar *et al.*, 2021).

No solamente en el Continente Americano los murciélagos nectarívoros tienen esta influencia positiva. El durián (*Durio zibethinus*), una fruta muy apreciada en el sureste asiático, pero controvertida por su penetrante olor, que ha sido descrito como olor a cerveza con carne podrida y vainilla, depende de los murciélagos para su polinización. El comercio del durián representa sólo para Tailandia una entrada económica de alrededor de 160 millones de dólares al año (Bumrungsri *et al.*, 2013).

En términos generales, los murciélagos nectarívoros polinizan plantas de estados sucesionales tardíos, es decir, árboles grandes o cactus de cientos de años de edad, o agaves de docenas de años de edad; mientras que los colibríes tienden a polinizar plantas herbáceas de estados sucesionales tempranos, es decir, de sistemas perturbados. La conservación de estos murciélagos es crucial para el futuro de muchas especies de plantas y aunque algunos autores han dicho que los murciélagos nectarívoros del género *Leptonycteris* han sufrido reducciones en sus poblaciones por la sobreexplotación de los agaves, no existe evidencia publicada al respecto (Figura 2). Algunas especies de agaves sí están en riesgo de extinción por el aprovechamiento desmedido, pero dada la diversa dieta y la gran amplitud de la distribución de estos murciélagos, no hay ninguna evidencia de que ese exceso de extracción los afecte negativamente.

*Otros servicios ecosistémicos de los murciélagos:
medicamentos, guano, biomimetismo*

No es de sorprender que los murciélagos han sido estudiados desde una gran diversidad de ángulos, dada su enorme riqueza taxonómica y su gran variación morfológica y ecológica. Hace muchos años trabajé con Alejandro Alagón, del Instituto de Biotecnología de la UNAM, para producir un agente trombolítico proveniente de la saliva del murciélago vampiro común, *Desmodus rotundus*

(Schleuning *et al.*, 1992; Pugsley *et al.*, 2006). ¿Quién hubiera pensado que una especie que es considerada una plaga pudiera ser la fuente para un tratamiento nuevo de isquemias y trombos en torrente sanguíneo? ¿Cuántas sorpresas más nos aguardan en este contexto? Hoy sabemos que los murciélagos tienen un sistema inmune muy poderoso, más que el de los humanos y de muchas otras especies de mamíferos (Banerjee *et al.*, 2020) y ello abre muchas puertas para aprender cómo podríamos en un futuro fortalecer nuestro propio sistema inmune usando las lecciones que los murciélagos nos puedan enseñar. De hecho, como consecuencia de la pandemia de COVID-19, se ha intensificado el estudio del potencial inmunológico de los murciélagos, ya que al parecer no sufren los daños que padecemos los humanos a pesar de que son portadores naturales de varias especies de virus (Irving *et al.*, 2021).

El guano de los murciélagos es uno de los fertilizantes naturales orgánicos más poderosos y concentrados que existen, y es cada vez más utilizado para ese fin en México y en todo el mundo. Hay, por ejemplo, estudios sobre este tema en el sureste asiático, que han demostrado que la extracción y venta de guano puede ser una actividad lucrativa y sustentable para beneficio de humanos y murciélagos (Misra *et al.*, 2019; Sakoui *et al.*, 2020). En México, mi grupo está trabajando activamente para ordenar la producción de guano y hacerla sustentable. La sustentabilidad se ha enraizado de manera tal que actualmente hay grupos indígenas que conforman cooperativas en las que construyen refugios para los murciélagos y así cosechar el guano producido en estas granjas (Baker-Munton, 2019). Los agricultores vienen por el guano desde otras aldeas a más de 500 kilómetros de distancia.

Los murciélagos han sido usados también como inspiración para inventos y creaciones tecnológicas. El sonar utilizado para la navegación en el aire y en el agua (y ahora también en los vehículos automotores al estacionarnos) es un instrumento crucial y muy útil. Fue Lazzaro Spallanzani, en el siglo XVIII, quien hizo los primeros experimentos y descubrió la ecolocalización de los murciélagos, al experimentar con murciélagos privados de la vista que aún podían navegar en una habitación sin dificultad, pero que cuando eran priva-

dos del oído perdían esa capacidad. El sonar es algo tan común que no pensamos que fueron los murciélagos quienes lo inspiraron (Langley, 2021).

Los murciélagos continúan dándonos ideas para desarrollar tecnología de punta. Un pequeñísimo avión autónomo de 15 centímetros de envergadura, conocido como *Com-Bat*, utiliza la estructura de las alas de los murciélagos para sostenerse en vuelo, siendo sus propias alas paneles solares. En donde iría la cabeza lleva cámaras de alta resolución para captar imágenes a distancia (Yoneda, 2008).

LA RELACIÓN DE LOS MURCIÉLAGOS Y LAS ENFERMEDADES EMERGENTES, EN PARTICULAR CON EL COVID-19

Los virus son entidades poco conocidas, que dependen de penetrar en células vivas para poder replicarse. Aunque hoy se conocen menos de 5,000 virus, se estima que su número rebasa los 10^{31} tipos de virus diferentes (Bradley y Martiny, 2007). Si hoy todos los humanos nos dedicáramos al estudio de los virus, no alcanzaríamos ni a rascar la superficie de ese número. Además, la inmensa mayoría de los virus son entidades cruciales para la vida humana, pues se trata de bacteriófagos que destruyen entre el 5% y el 50% de las bacterias que se reproducen cada día (Breitbart y Rohwer, 2005). Es decir, sin virus en el planeta, las bacterias patógenas acabarían fácil y rápidamente con nosotros. Se ha exagerado enormemente la influencia negativa de los virus. Por ejemplo, en una muestra fecal de un ser humano sano se encontraron más de 1,200 genotipos virales, y el humano permanecía sano (Breitbart *et al.*, 2003). En un mililitro de agua de mar se pueden encontrar 10 millones de partículas virales; sin embargo, no nos enfermamos cada vez que entramos al mar (Bergh *et al.*, 1989). En un kilogramo de sedimentos marinos se pueden encontrar un millón de secuencias virales distintas (Bradley y Martiny, 2007). No conocemos ni siquiera lo que habita en nuestro propio cuerpo: en 60 muestras con hisopo de ombligos de seres humanos sanos se encontraron 2,368 filotipos de bacterias (más de una especie por filotipo) y en promedio un ombligo tenía

60. Muchos de estos filotipos eran desconocidos para la ciencia (Hulcr *et al.*, 2012). En 1,457 muestras obtenidas del metro de la ciudad de Nueva York, uno de los sitios más estudiados del mundo, se encontraron más de 1,600 taxones de virus, bacterias, y otros microorganismos, de los que casi el 50% eran desconocidos. Es claro que tememos a los microorganismos por nuestra falta de conocimiento, y que éstos y los virus son parte integral de nuestro propio organismo y de los ecosistemas de toda la Tierra.

La pandemia de COVID-19 ha cambiado dramáticamente las condiciones de vida de toda la humanidad, ha afectado a más de 500 millones de personas en el mundo y ha costado la vida de millones de personas. Mucho se ha escrito sobre el virus, su origen y sobre su relación con la vida silvestre y con nuestros patrones de consumo, en China, en México y en el resto del mundo. Los coronavirus agrupan a una familia que hasta ahora incluye unos 50 virus descritos, pero se espera que sean muchos miles más (Zhou *et al.*, 2021). De todos ellos, sólo siete causan algún malestar a los seres humanos y de éstos solamente tres, el SARS-COV, el MERS-COV y el SARS-COV-2, pueden causar la muerte. Desde las primeras semanas de la pandemia, algunos académicos publicaron artículos señalando como la fuente más probable a los murciélagos de herradura del género *Rhinolophus* (Zhou *et al.*, 2020), pero la evidencia que presentaban era que el virus de los murciélagos, llamado RaTG13, compartía un 96% de su estructura genómica con el virus SARS-COV-2, causante del COVID-19. Los autores indicaban que el RaTG13 era el pariente más cercano identificado por ellos del SARS-COV-2. Es muy importante resaltar que el SARS-COV-2 no es un descendiente del RaTG13. Asumir esto es muy peligroso y equivale a decir que, dado que los chimpancés y los humanos compartimos el 99% de nuestro genoma, una especie viene de la otra. Lo que realmente sucede es que esas dos especies, tanto en el caso de los primates como en el de los virus, comparten un ancestro común, aún desconocido (Singh y Yi, 2021). Por otro lado, el virus RaTG13 no podría ni siquiera ingresar a las células humanas dado que su proteína S, la spike o espiga por la que los coronavirus se acoplan a las células que infectan, no es compatible con la membrana celular de los humanos (Letko *et al.*, 2020).

Es claro que los humanos infectados por el SARS-COV-2 han adquirido el virus de otro ser humano y no de un animal, murciélago o no. Algunos científicos han continuado con una campaña de desinformación argumentando de forma infundada que estar cerca de un murciélago pondría a los humanos en riesgo de ser infectados. Dada la ubicuidad, la gran abundancia y la presencia de murciélagos en todos los ecosistemas ocupados por los humanos, eso habría causado una pandemia de varios órdenes de magnitud más grande que las que hemos sufrido hasta ahora. Varios científicos que estudian virus han sostenido que los murciélagos son el grupo de vertebrados que más virus patogénicos tienen, con análisis sesgados (Olival *et al.*, 2017). Finalmente, en 2020, Mollentze y Streicker (2020) analizaron esta acusación y encontraron que hay varios otros grupos que tienen más virus patogénicos que los murciélagos; a pesar de la intensidad con la que los murciélagos han sido estudiados en este aspecto, los roedores, los artiodáctilos y los primates tienen más virus patogénicos. Si ponderamos estos cálculos considerando el número de especies en cada grupo, el grupo de vertebrados que más virus patogénicos tiene por unidad de especie son las aves paseriformes, precisamente los pajaritos que cada mañana nos alegran con su canto, y no por ello la gente se lanza a matarlos. Esto indica el terrible sesgo debido a la ignorancia en contra de los murciélagos y en favor de las aves. Ninguno es culpable de nada; matar aves, murciélagos o cualquier otro animal no es bueno para nadie. En los últimos años hemos publicado varios artículos dejando en claro el papel de los murciélagos y su inocencia frente al COVID-19 (Puechmaille *et al.*, 2021), hemos hecho llamados a la comunidad que estudia las enfermedades infecciosas emergentes a que adopten una terminología unificada para evitar confusiones y malos entendidos (Shapiro *et al.*, 2021), y hemos delineado una agenda de trabajo a futuro para que a raíz de la pandemia no se siga estigmatizando a los murciélagos (o a otros animales) y logremos avances científicos robustos, claros y balanceados (Rocha *et al.*, 2020).

Entonces, ¿de dónde surge esta pandemia? Muchos científicos se han expresado, unos diciendo que es un virus proveniente de algún animal, aún sin identificar, de los mercados húmedos en China (Pekar *et al.*, 2022; Worobey *et al.*, 2022); otros que surgió de un laboratorio en China (Sirotkin y Sirotkin,

2020). El Laboratorio de Virología de Wuhan, en el cual trabaja la Dra. Shi Shengli, recibió fondos de los Estados Unidos, en particular de la organización *EcoHealth Alliance*, con base en Nueva York, para realizar investigaciones de las llamadas *ganancias de función* (*gain of function*). Para ello, los científicos manipulan a un virus para ver cómo responde y si se le puede convertir en un virus más infeccioso, más patogénico o más resistente (Lerner *et al.*, 2021). Una investigación de este tipo es extremadamente riesgosa y sólo debería ser realizada bajo las más estrictas medidas de bioseguridad. Se ha recomendado que solamente se realice en laboratorios con un nivel de bioseguridad de 4 (BSL-4). Pero el laboratorio de Wuhan es BSL-3, evidentemente con un nivel de bioseguridad mucho menor (Suryanarayanan, 2021). Además, en noviembre de 2019, semanas antes de los primeros casos reconocidos como COVID-19 en diciembre del mismo año, tres miembros del personal del Laboratorio de Virología de Wuhan cayeron enfermos y fueron admitidos en el hospital. La Organización Mundial de la Salud y otras instancias han solicitado a China la información y los expedientes de esos tres científicos, pero China se ha negado a entregarlos (British Broadcasting Corporation, 2021). La hipótesis de que el virus escapó de un laboratorio sigue sin ser demostrada, pero lo mismo sucede con otras hipótesis: no hay evidencia disponible, aunque podría aparecer si China cooperara con el mundo (Kessler, 2021). Lo que queda claro es que el virus no es de ninguna manera culpa de los murciélagos y que éstos no nos van a infectar del virus que causa COVID-19. Hoy más que nunca es muy importante continuar estudiando el robusto sistema inmune de los murciélagos, pues puede convertirse en una fuente de conocimientos para resguardar nuestra salud de próximas pandemias zoonóticas (Liu *et al.*, 2022; Weinberg y Yovel, 2022).

Para defendernos de la próxima pandemia necesitamos tomar en cuenta tres factores principales. Primero, que la primera línea de defensa es la conservación de los ecosistemas y de la biodiversidad. El efecto de dilución, un proceso ecológico que ha sido validado muchas veces, explica que en los ecosistemas intactos, con su complemento completo de plantas y animales y sus patógenos, estos últimos están diluidos, precisamente porque existen

pocos individuos de muchas especies y los patógenos no pueden encontrar suficientes hospederos de una especie en particular para causar un brote epidémico (Ostfeld y Keesing, 2000; 2012, Keesing y Ostfeld, 2021). Pero cuando los seres humanos alteramos los ecosistemas, extraemos los árboles grandes para madera y los animales grandes para usarlos como alimento o para eliminarlos porque puedan depredar o competir con nuestros animales domésticos o con nosotros mismos, el resultado es que los ecosistemas simplificados son terreno fértil para especies oportunistas y sus patógenos, de manera que al verse libres de competidores y depredadores, estas especies sufren un crecimiento poblacional desmedido y con ello sus patógenos encuentran la oportunidad ideal para causar brotes que pueden ocasionar epidemias y ocasionalmente brincar a otras especies, incluidos los humanos (Suzán *et al.*, 2009; Keesing y Ostfeld, 2021). El efecto de dilución se ha demostrado para muy diversas enfermedades, como la enfermedad de Lyme, el Hantavirus, el virus del oeste del Nilo, la esquistosomiasis, la peste bubónica y muchas más (Civitello *et al.*, 2015). Todo esto apunta a que si queremos minimizar las probabilidades de una próxima pandemia, la mejor apuesta está en la conservación de la biodiversidad y de todos los ecosistemas de la Tierra.

El segundo factor que incide en la frecuencia e intensidad de las pandemias es el consumo de carne de monte de manera ilegal, no sustentable y sin respetar las medidas sanitarias apropiadas. En el origen de la pandemia de COVID-19, algunos investigadores señalaron a los mercados húmedos de Wuhan como el epicentro de la pandemia (Aguirre *et al.*, 2020). Posteriormente, a partir de las misiones de la Organización Mundial de la Salud, fue evidente que en Wuhan y en toda esa región de China nadie come murciélagos, pero sí es verdad que había jaulas estibadas unas sobre otras que contenían animales de distintas especies, como pangolines, civetas, conejos, primates, serpientes y más. Esas condiciones de hacinamiento son ideales para el intercambio de parásitos patógenos, aunque no se ha podido demostrar que de ahí surgió la pandemia. Actualmente muchos millones de seres humanos dependen de la carne de monte para su ingesta de proteínas (Damania *et al.*, 2005; Cawthorn y Hoffman, 2015). Esto quiere decir que el consumo de animales

silvestres va a continuar y que los biólogos y manejadores de vida silvestre, así como los tomadores de decisiones, debemos redoblar esfuerzos para hacer de este consumo una práctica sustentable, legal, saludable y respetuosa de los derechos de los humanos y de los animales.

El tercer factor es el consumo de animales domésticos. Todos hemos visto los amontonamientos degradantes a los que sometemos a gallinas, cerdos, reses y otros animales domésticos. Esas condiciones son ideales para que se presenten brotes adicionales de enfermedades que los afectan y que podrían contagiar a los humanos. Enfrentamos la amenaza de la gripe aviar en China y otros sitios, y no podemos sorprendernos de que estén sucediendo estos brotes dado el hacinamiento al que estas aves son sujetas durante su vida. Hasta hace unos 2,000 años, los humanos y nuestros animales domésticos representaban menos del 1% de la biomasa de animales en la Tierra, siendo que el 99% restante era representado por los animales silvestres. Hoy representamos el 96% de toda la biomasa y los animales silvestres se han reducido a solamente el 4% (Bar-On *et al.*, 2018). Este cambio dramático ha tenido efectos de diversos tipos en el funcionamiento de los ecosistemas y no hay duda de que sus consecuencias han cambiado la forma en que la Tierra funciona (Barnosky, 2008).

La solución no es sencilla o inmediatamente alcanzable, pero con la participación de todos y el compromiso por luchar por un mundo sustentable lo podemos lograr. Debemos comprometernos a impulsar y asegurar que lo que queda del planeta, como áreas silvestres, incluyendo, pero sin limitarnos a lo que hoy son áreas naturales protegidas, permanezcan como tales. Debemos trabajar para asegurar que el consumo de carne de monte sea sustentable, sano, legal y respetuoso con los derechos de todos. Finalmente, debemos reducir nuestro consumo de carne de animales domésticos e involucrarnos en reinventar la forma en la que criamos y consumimos estos animales, respetando sus derechos, dándoles una muerte digna y asegurando su bienestar en todo momento. Es evidente que en su salud va nuestra salud. De hecho, en la salud del planeta entero va la salud de la especie humana.

AGRADECIMIENTOS

Quiero agradecer el apoyo y retroalimentación de los miembros del Grupo de Especialistas en Murciélagos de la Unión Internacional para la Conservación de la Naturaleza (BSG-IUCN), de la National Geographic Society, de The Whitley Fund for Nature, de Rolex Awards, y del Explorers Club. Asimismo, agradezco a Claudia Moreno el apoyo técnico para la preparación de este texto. Diversas discusiones con amigos, alumnos y colegas me han ayudado a refinar mis ideas, en particular Luis Viquez, Amanda Vicente, Bernal Rodríguez, Daniel Zamora, Daniel Ramos, Carol Sierra, Claudia Moreno, y Tigga Kingston.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Aguirre, Alonso A., Richard Catherina, Hailey Frye, y Louise Shelley (2020). “Illicit wildlife trade, wet markets, and COVID-19: preventing future pandemics”. *World Medical & Health Policy* 12 (3): 256-265.
- Baker-Munton, Claire (2019). “Cambodian “bat man” bolsters the fight against dengue fever”. Mongabay [en línea]. Disponible en: < <https://earthjournalism.net/stories/cambodian-bat-man-bolsters-the-fight-against-dengue-fever> > (consulta: 13 de marzo del 2022).
- Banerjee, Arinjay, Michelle L. Baker, Kristen Kulcsar, Vikram Misra, Raina Plowright, y Karen Mossman (2020). “Novel insights into immune systems of bats”. *Frontiers in Immunology* 11 (26).
- Bar-On, Yinon M., Rob Phillips, y Ron Milo (2018). “The biomass distribution on Earth”. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 115 (25): 6506-6511.
- Barnosky, Anthony D. (2008). “Megafauna biomass tradeoff as a driver of Quaternary and future extinctions”. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 105: 11543-11548.

- Bergh, Ølivind, Knut Yngve Børsheim, Gunnar Bratbak, y Mikal Heldal (1989). “High abundance of viruses found in aquatic environments”. *Nature* 340: 467-468.
- Bonaccorso, Frank J. (1979). “Foraging and reproductive ecology in a Panamanian bat community”. *Bulletin of the Florida State Museum of Biological Sciences* 24 (4): 359-408.
- Bradley, Devon J., y Jennifee B.H. Martiny (2007). Microbial biodiversity [en línea]. Disponible en < <https://enviro2.doe.gov.my/ekmc/wp-content/uploads/2016/08/1385557051-3-s2.0-B9780122268656005869-main.pdf>>
- Breitbart, Mya, Ian Hewson, Ben Felts, Joseph M. Mahaffy, James Nulton, Peter Salamon, y Forest Rohwer (2003). “Metagenomic analyses of an uncultured viral community from human feces”. *Journal of Bacteriology* 185 (20): 6220-6223.
- Breitbart, Mya, y Forest Rohwer (2005). “Here a virus, there a virus, everywhere the same virus?”. *Trends in Microbiology* 13 (6): 278-284.
- British Broadcasting Corporation, B (2021). “Covid-19 pandemic: China ‘refused to give data’ to WHO team” in BBC News [en línea]. Disponible en < <https://www.bbc.com/news/world-asia-china-56054468>>. (consulta: 11 de marzo del 2022).
- Bumrungsri, Sara, Duncan Lang, Colin Harrower, Ekapong Sripaoraya, Kitika Kitpipit, y Paul A. Racey (2013). “The dawn bat, *Eonycteris spelaea* Dobson (Chiroptera: Pteropodidae) feeds mainly on pollen of economically important food plants in Thailand”. *Acta Chiropterologica* 15 (1): 95-104.
- Cawthorn, Donna-Mareé, y Louwrens C. Hoffman (2015). “The bushmeat and food security nexus: A global account of the contributions, conundrums and ethical collisions”. *Food Research International* 76: 906-925.
- Civitello, David J., Jeremy Cohen, Hiba Fatima, Neal T. Halstead, Josue Liriano, Taegan A. McMahan, C. Nicole Ortega, Erin Louise Sauer, Tanya Sehgal, Suzanne Young, y Jason R. Rohr (2015). “Biodiversity inhibits parasites: broad evidence for the dilution effect”. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 112: 8667-8671.

- Cleveland, Cutler J., Margrit Betke, Paula Federico, Jeff D. Frank, Thomas G. Hallam, Jason Horn, Juan D. López Jr., Gary F. McCracken, Rodrigo A. Medellín, Arnulfo Moreno-Valdez, Chris Sansone, John K. Westbrook, y Thomas H. Kunz (2006). "Economic value of the pest control service provided by Brazilian free-tailed bats in south-central Texas". *Frontiers in Ecology and the Environment* 4 (5): 238-243.
- Comisión Nacional de Áreas Naturales Protegidas - Secretaría de Medio Ambiente y Recursos Naturales (2018). "100 años de conservación en México: Áreas naturales protegidas de México 1917-2017 Áreas Naturales Protegidas". SEMARNAT-CONANP, Mexico City, Mexico 634. [en línea]. Disponible en: < <https://www.conanp.gob.mx/pdf/100A%C3%B1osConservaci%C3%B3n.pdf>> (consulta: 8 de marzo de 2022).
- Da Silva, Anders Goncalves, Osiris Gaona, y Rodrigo A. Medellín (2008). "Diet and trophic structure in a community of fruit-eating bats in Lacandon forest, México". *Journal of Mammalogy* 89 (1): 43-49.
- Damania, Richard, Eleanor Milner-Gulland, y Douglas Crookes (2005). "A bioeconomic analysis of bushmeat hunting". *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences* 272: 259-266.
- Díaz, Sandra, Josef Sttele, Eduardo S. Brondízio, Hien T. Ngo, Maximilien Guéze, John Agard, Almut Arneth, Patricia Balvanera, Kate A. Brauman, S. H. M. Butchart, Kai M. A. Chan, L. A. Garibaldi, K. Ichii J. Liu, S. M. Subramanian, Guy F. Midgley, Patricia Miloslavich, Zsolt Molnár, David Obura, Alexander Pfaff, Stephen Polasky, Andy Purvis, Jona Razzaque, Belinda Reyers, Rinku Roy Chowdhury, Yunne-Jai Shin, Ingrid J. Visseren-Hamakers, Katherine J. Willis, y Cynthia N. Zayas (2019). "The global assessment report on biodiversity and ecosystem services: Summary for policy makers". Disponible en: <<https://zenodo.org/record/3553579#.YrC-vlOxBzhc>>
- Fenton, M. Brock, y Nancy B. Simmons (2015). *Bats. A World of Science and Mystery*. Chicago: University of Chicago Press.

- Fleming, Theodore H., Liliana M. Dávalos, y Marco A. R. Mello (2020). *Phyllostomid Bats: A Unique Mammalian Radiation*. Chicago: University of Chicago Press.
- Goldshtein, Aya, Michal Handel, Ofri Eitan, Afrine Bonstein, Talia Shaler, Simon Collet, Stefan Greif, Rodrigo A. Medellin, Yuval Emek, Amos Korman, y Yossi Yovel (2020). “Reinforcement learning enables. Resource partitioning in foraging bats”. *Current Biology* 30: 4096-4102.
- Hulcr, Jiri, Andrew M. Latimer, Jessica B. Henley, Nina R. Rountree, Noah Fierer, Andrea Lucky, Margaret D. Lowman, y Robert R. Dunn (2012). “A jungle in there: bacteria in belly buttons are highly diverse, but predictable”. *PLoS One* 7 (1): e47712.
- Irving, Aaron T., Matae Ahn, Geraldine Goh, Danielle E. Anderson, y Lin-Fa Wang (2021). “Lessons from the host defences of bats, a unique viral reservoir”. *Nature* 589 (7842): 363-370.
- Kalka, Margaret B., Adam R. Smith, y Elisabeth K. V. Kalko (2008). “Bats limit arthropods and herbivory in a tropical forest”. *Science* 320: 71.
- Keesing, Felicia, y Richard S. Ostfeld (2021). “Dilution effects in disease ecology”. *Ecology Letters* 24 (11): 2490-2505.
- Kessler, Glenn (2021). “Timeline: How the Wuhan lab-leak theory suddenly became credible” in The Washington Post [en línea]. Disponible en <<https://www.washingtonpost.com/politics/2021/05/25/timeline-how-wuhan-lab-leak-theory-suddenly-became-credible/>> (consulta: 15 de marzo del 2022).
- Kunz, Thomas H. (2013). *Ecology of Bats*. New York: Springer Science & Business Media.
- Langley, Liz (2021). “Echolocation is nature’s built-in sonar. Here’s how it works” in National Geographic [en línea]. Disponible en <<https://www.nationalgeographic.com/animals/article/echolocation-is-nature-built-in-sonar-here-is-how-it-works>> (consulta: 8 de marzo del 2022).
- Lerner, Sharon, Mara Hvistendahl, y Maia Hibbett (2021). “NIH documents provide new evidence U.S. funded gain-of-function research in Wuhan” in The Intercept [en línea]. Disponible en <<https://theintercept.com>>

- com/2021/09/09/covid-origins-gain-of-function-research/> (consulta: 13 de marzo del 2022).
- Letko, Michael, Andrea Marzi, y Vincent Munster (2020). “Functional assessment of cell entry and receptor usage for SARS-COV-2 and other lineage B betacoronaviruses”. *Nature Microbiology* 5: 562-569.
- Liu, Boyu, Xiaolei Chen, Lei Zhou, Junyi L, Dan Wang, Wentao Yang, Hui Wu, Jiyuan Yao, Guilian Yang, Chunfeng Wang, Jiang Feng, y Tinglei Jiang (2022). “The gut microbiota of bats confers tolerance to influenza virus (H1N1) infection in mice”. *Transboundary and Emerging Diseases* 69 (5): 1-19.
- Medellín, Rodrigo A., Héctor T. Arita, y Oscar Sánchez (2008). *Identificación de los Murciélagos de México: Clave de Campo*. Instituto de Ecología, UNAM, México, D. F.
- Medellín, Rodrigo A., Marina Rivero, Ana Ibarra, J. Antonio de la Torre, Tania P. González-Terrazas, Leonora Torres-Knoop, y Marco Tschapka (2018). “Follow me: foraging distances of *Leptonycteris yerbabuena* (Chiroptera: Phyllostomidae) in Sonora determined by fluorescent powder”. *Journal of Mammalogy* 99: 306-311.
- Medellín, Rodrigo A., y Leonora Torres-Knoop (2015). “Evaluación del riesgo de extinción de *Leptonycteris yerbabuena* de acuerdo al numeral 5.7 de la NOM-059-SEMARNAT-2010”. 1-25. Instituto de Ecología, Universidad Nacional Autónoma de México [en línea]. Disponible en < file:///Users/dany/Downloads/kipdf.com_evaluacion-de-riesgo-de-extincion-de-leptonycteris_5ac36b2c1723ddd19abfae98.pdf >
- Medellín, Rodrigo A., Ruscena Wiederholt, y Laura López-Hoffman (2017). “Conservation relevance of bat caves for biodiversity and ecosystem services”. *Biological Conservation* 211: 45-50.
- Melo, Felipe P. L., Bernal Rodríguez-Herrera, Robin L. Chazdon, Rodrigo A. Medellín, y Gerardo G. Ceballos (2009). “Small tent-roosting bats promote dispersal of large-seeded plants in a Neotropical forest”. *Biotropica* 41 (6): 737-743.

- Misra, Pawan Kumar, Neelam Kumari Gautam, y Vadamalai Elangovan (2019). “Bat guano: a rich source of macro and microelements essential for plant growth”. *Annals of Plant and Soil Research* 21 (1): 82-86.
- Mollentze, Nardus, y Daniel G. Streicker (2020). “Viral zoonotic risk is homogenous among taxonomic orders of mammalian and avian reservoir hosts”. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 117 (17): 9423-9430.
- Novaes, Roberto L. M. (2019). “*Antrozous pallidus*” en *Handbook of the Mammals of the World*, editado por Don E. Wilson y Russell A. Mittermeier y Thomas E. Lacher, 856. Barcelona: Lynx Edicions y Conservation International.
- Olival, Kevin J., Parviez R. Hosseini, Carlos Zambrana-Torrel, Noam Ross, Tiffany L. Bogich, y Petter Daszak (2017). “Host and viral traits predict zoonotic spillover from mammals”. *Nature* 546 (7660): 646-650.
- Ostfeld, Richard S., y Felicia Keesing (2000). “Biodiversity series: the function of biodiversity in the ecology of vector-borne zoonotic diseases”. *Canadian Science Publishing* 78: 2061-2078.
- Ostfeld, Richard S., y Felicia Keesing (2012). “Effects of host diversity on infectious disease”. *Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics* 43: 157-182.
- Pekar, Jonathan E., Andrew Magee, Edyth Parker, Niema Moshiri, Katherine Izhikevich, Jennifer L. Havens, Karthik Gangavarapu, Lorena Mariana Malpica Serrano, Alexander Crits-Christoph, Nathaniel L. Matteson, Mark Zeller, Joshua I. Levy, Jade C. Wang, Scott Hughes, Jungmin Lee, Heedo Park, Man-Seong Park, Katherine Ching Zi Yan, Raymond Tzer Pin Lin, Mohd Noor Mat Isa, Yusuf Muhammad Noor, Tetyana I. Vasylyeva, Robert F. Garry, Edward C. Holmes, Andrew Rambaut, Marc A. Suchard, Kristian G. Andersen, Michael Worobey, y Joel O. Wertheim (2022). “The molecular epidemiology of multiple zoonotic origins of SARS-COV-2”. *Science* 377 (6609): 960-966.
- Pimm, Stuart L., Clinton N. Jenkins, Robin Abell, Thomas M. Brooks, John L. Gittleman, Lucas N. Joppa, Peter H. Raven, Callum M. Roberts, y Joseph

- O. Sexton (2014). "The biodiversity of species and their rates of extinction, distribution, and protection". *Science* 344 (6187): 1246752.
- Puechmaille, Sebastien. J., Meriadeg Ar. Gouilh, y Dina Dechmann (2021). "Misconceptions and misinformation about bats and viruses". *International Journal of Infectious Diseases* 105: 606-607.
- Pugsley, Michael K., Leslie Lipka, Karl-Uwe Petersen, y Mariola Soehngen (2006). "A new hope for stroke? Evidence for the use of rDSPAA1 (desmoteplase) in acute ischemic stroke". *Proceedings of the Western Pharmacological Society* 1-5.
- Rivas-Camo, Noel Anselmo, Paulina Abigail Sabido-Villanueva, Carlos Ricardo Peralta-Muñoz, y Rodrigo A. Medellín (2020). "Cuba in Mexico: first record of *Phyllops falcatus* (Gray, 1839)(Chiroptera, Phyllostomidae) for Mexico and other new records of bats from Cozumel, Quintana Roo". *ZooKeys* 973: 153-162.
- Rocha, Ricardo, Abdul Aziz, Cara E. Brooks, William Douglas de Carvalho, Rachael Cooper-Bohannon, Winifred F. Frick, Jon Chun-Chia Huang, Tigga Kinston, Adia Lopez-Baucells, Bea Mas, Fiona Mathews, Rodrigo A. Medellín, Kevin Olival, Alison Peel, Raina K. Plowright, Orly Razgour, Hugo Rebelo, Luisa Rodrigues, Stephen J. Rossiter, Danilo Russo, Tanja M. Straka, Emma C. Teeling, Tim Treuer, Christian C. Voigt, y Paul W. Webala(2020). "Bat conservation and zoonotic disease risk: a research agenda to prevent misguided persecution in the aftermath of COVID-19". *Animal Conservation* 1-5.
- Rodríguez-Herrera, Bernal, Rodrigo A. Medellín, y Robert M. Timm (2007). *Murciélagos Neotropicales que acampan en hojas: Neotropical tent-roosting bats*. Costa Rica: Instituto Nacional de Biodiversidad.
- Russell, Allison L., Rodrigo A. Medellín, y Gary F. McCracken (2005). "Genetic variation and migration in the Mexican free-tailed bat (*Tadarida brasiliensis mexicana*)". *Molecular Ecology* 14: 2207-2222.
- Sakoui, Sakoui, Reda Derdak, Boutaina Addoum, Addoum Serrano-Delgado, Abdelaziz Soukri, y Bouchra El Khalfi (2020). "The life hidden inside caves:

- ecological and economic importance of bat guano”. *International Journal of Ecology* 2020: 9872532.
- Schleuning, Wolf-Dieter, Alejandro Alagon, Werner Boidol, Peter Bringmann, Thomas Petri, Jörn Krätzschar, Berthold Baldus, Werner Witt, y Peter Donner (1992). “Plasminogen activators from the saliva of *Desmodus rotundus* (common vampire bat): unique fibrin specificity”. *Annals of the New York Academy of Sciences* 667: 395-403.
- Service, U. S. F. a. W. (1994). “Mexican long-nosed bat (*Leptonycteris nivalis*) recovery plan”. *United States Fish and Wildlife Service Albuquerque, New Mexico*.
- Shapiro, Julie Teresa, Luis Vázquez-R, Stefania Leopardi, Amanda Vicente-Santos, Ian H. Mendenhall, Winifred F. Frick, Rebekah C. Kading, Rodrigo A. Medellín, Paul Racey, y Tigg Kinston (2021). “Setting the terms for zoonotic diseases: Effective communication for research, conservation, and public policy”. *Viruses* 13: 1356.
- Simmons, Nancy B. y Andrea L. Cirranello (2020). “Bat Species of the World: A taxonomic and geographic database” [en línea]. Disponible en: <https://batnames.org/>
- Singh, Devika, y Soojin V. Yi (2021). “On the origin and evolution of SARS-COV-2”. *Experimental & Molecular Medicine* 53 (4): 537-547.
- Sirotkin, Karl, y Dan Sirotkin (2020). “Might SARS-COV-2 have arisen via serial passage through an animal host or cell culture? A potential explanation for much of the novel coronavirus’ distinctive genome”. *BioEssays* 42 (10): 2000091.
- Solari, S. (2019). “*Macrotus californicus*” en *Handbook of the Mammals of the World* editado por Don E. Wilson, Russell A. Mittermeier y Thomas E. Lacher, 489. Barcelona: Lynx Edicions y Conservation International.
- Suryanarayanan, Sainath (2021). “Wuhan’s lower biosafety level labs posed greater risk for coronavirus lab leak, experts said” in US Right to Know [en línea]. Disponible en: <https://usrtk.org/biohazards/wuhans-lower-biosafety-level-labs-posed-greater-risk-for-coronavirus-lab-leak/> (consulta: 13 de marzo del 2022).

- Suzán, Gerardo, Erika Marcé, J. Tomasz Glemakowski, James N. Mills, Gerardo Ceballos, Richar S. Ostfed, Blas Armién, Juan M. Pascale, y Terry L. Yates (2009). “Experimental evidence for reduced rodent diversity causing increased hantavirus prevalence”. *PLoS One* 4: e5461.
- Trejo-Salazar, Roberto-Emilio, Luis E. Eguiarte, David Suro-Piñera, y Rodrigo A. Medellín (2016). “Save our bats, save our tequila: industry and science join forces to help bats and *agaves*”. *Natural Areas Journal* 36 (4): 523-530.
- Trejo-Salazar, Roberto-Emiliano, Gabriela Castellanos-Morales, Dulce Carolina Hernández-Rosales, Niza Gámez, Jaime Gasca-Pineda, Miguel Rene Morales Garza, Rodrigo A. Medellín, y Luis E. Eguiarte (2021). “Discordance in maternal and paternal genetic markers in lesser long-nosed bat *Leptonycteris yerbabuena*, a migratory bat: Recent expansion to the north and male phylopatry”. *PeerJ* 9: e12168.
- Tschapka, Marco, Tania P. González-Terrazas, y Mirjam Knörnschild (2015). “Nectar uptake in bats using a pumping-tongue mechanism”. *Science Advances* 1 (8): e1500525.
- United States Fish and Wildlife Service (1994). Mexican long-nosed bat (*Leptonycteris nivalis*) recovery plan. United States Fish and Wildlife Service Albuquerque, New Mexico.
- Weinberg, Maya, y Yossi Yovel (2022). “Revising the paradigm: Are bats really pathogen reservoirs or do they possess an efficient immune system?”. *Iscience* :104782.
- Williams-Guillén, Kimberly, Ivette Perfecto, y John Vandermeer (2008). “Bats limit insects in a neotropical agroforestry system”. *Science* 320: 70-70.
- Wilson, Don E. (2019). *Introduction in Handbook of the Mammals of the World, Bats*. Wilson DEaRAM ed., Lynx Edicions 11-14, Barcelona.
- Worobey, Michael, Joshua I. Levy, Lorena Malpica Serrano, Alexander Crits-Christoph, Jonathan E. Pekar, Stephen A. Goldstein, Angela L. Rasmussen, Moritz U. G. Kraemer, Chris Newman, Marion P.G. Koopmans, Marc A. Suchard, Joel O. Wertheim, Philippe Lemey, David L. Robertson, Robert F. Garry, Edward C. Holmes, Andrew Rambaut, y Kristian G. Andersen (2022). “The Huanan Seafood Wholesale Market in Wuhan was the early epicenter of the COVID-19 pandemic”. *Science* 377 (6609): 951-959.

- Yoneda, Yuka (2008). “The Solar Powered COM-BAT Spy Plane” in Inhabitat [en línea]. Disponible en <<https://inhabitat.com/com-bat-solar-powered-spy-plane/>> (consulta: 8 de marzo del 2022).
- Zamora-Mejías, Daniel, Juan B. Morales-Malacara, Bernal Rodríguez-Herrera, Margarita Ojeda, y Rodrigo A. Medellín (2020). “Does latitudinal migration represent an advantage in the decrease of ectoparasitic loads in *Leptonycteris yerbabuena* (Chiroptera)?”. *Journal of Mammalogy* 101 (4): 979-989.
- Zamora-Mejías, Daniel, Margarita Ojeda, Rodrigo A. Medellín, Bernal Rodríguez-Herrera, y Juan B. Morales-Malacara (2022). “Morphological variation in the wing mite *Periglischrus paracaligus* (Acari: Spinturnicidae) associated with different moving strategies of the host *Leptonycteris yerbabuena* (Chiroptera: Phyllostomidae)”. *Journal of Medical Entomology* 59 (4): 1291-1302.
- Zhou, Peng, Yang Xing-Lou, Wang Xian-Guang, Hu Ben, Zhang Lei, Zhang Wei, Si Hao-Rui, Zhu Yan, Li Bei, Huang Chao-Lin, Chen Hui-Dong, Chen Jing, Luo Yun, Guo Hua, Jiang Ren-Di, Liu Mei-Qin, Chen Ying, Shen Xu-Rui, Wang Xi, Zheng Xiao-Shuang, Zhao Kai, Chen Quan-Jiao, Deng Fei, Liu Lin-Lin, Yan Bing, Zhan Fa-Xian, Wang Yan-Ti, Xiao Geng-Fu, y Shi Zhen-Li (2020). “A pneumonia outbreak associated with a new coronavirus of probable bat origin”. *Nature* 579: 270-273.
- Zhou, Zhijian, Ye Qiu, y Xingyi Ge (2021). “The taxonomy, host range and pathogenicity of coronaviruses and other viruses in the Nidovirales order”. *Animal Diseases* 1 (1): 1-28.

Responsabilidad de México como agente activo en el comercio de animales silvestres para mascotas

8

Inés Arroyo Quiroz

Centro Regional de Investigaciones Multidisciplinarias, UNAM

“Hay una sola especie responsable de la pandemia de COVID-19: nosotros. Podemos reconstruir mejor muchas cosas y salir fortalecidos de la crisis, pero para ello debemos seleccionar políticas y acciones que protejan la naturaleza, para que ella pueda protegernos a nosotros”
(Settele *et al.*, 2020).

“...Todo ser tiene un destino compartido, para el cual la salud global es de suma importancia”
(Ji y Cheng, 2021: 1)

INTRODUCCIÓN

El surgimiento y la propagación de la pandemia del COVID-19 ha tenido un efecto abrumador tanto en la salud humana como en la economía global y en la conservación de la vida silvestre. El continuo aumento de la densidad de la población humana, el consumo, el cambio de uso de suelo, la invasión del hábitat de la vida silvestre, la degradación de los ecosistemas, la industrialización del comercio de vida silvestre, el cambio climático y la intensificación de la produc-

ción agrícola están impulsando la era pandémica actual y son factores clave del surgimiento de la pandemia de COVID-19 (Intergovernmental Science-Policy Platform on Biodiversity and Ecosystem Services [IPBES], 2020a).

En las semanas siguientes a la declaración de la pandemia del COVID-19, tanto la Organización Mundial de la Salud (OMS) como la Organización Mundial de Sanidad Animal (OIE) relanzaron la iniciativa conjunta *Una Sola Salud – Un Solo Planeta* (World Health Organization [WHO], 2017) un enfoque presentado en el año 2000 que reconoce que la salud de las personas está estrechamente relacionada con la salud de los animales y nuestro entorno compartido. Con este marco de referencia, inmediatamente se comenzaron a analizar algunas de las posibles causas de las zoonosis (enfermedades de origen animal). Si bien el origen del nuevo coronavirus (SARS-COV-2) sigue siendo incierto, se sabe que el mercado mayorista de mariscos de Wuhan fue el epicentro temprano de la pandemia de COVID-19 (Worobey *et al.*, 2022) y que varias especies silvestres son huéspedes importantes para esta familia de virus que ocasiona enfermedades zoonóticas (Bell *et al.*, 2004; Cohen, 2020). Las enfermedades de origen animal representan aproximadamente el 73% de todas las enfermedades infecciosas emergentes que afectan a los humanos (Corlett *et al.*, 2020; IPBES, 2020a).

El mayor riesgo de transmisión de enfermedades zoonóticas se produce en la interfase entre el ser humano y los animales mediante la exposición directa o indirecta a los animales, los productos derivados de éstos o su entorno (Lorusso *et al.*, 2020; National Center for Immunization and Respiratory Diseases [NCIRD], 2022). En este sentido, existe evidencia sólida de que la aparición de dichas enfermedades está vinculada con actividades humanas que ponen en contacto de forma cada vez más intensa a la vida silvestre, los animales domésticos y los humanos. Esto incluye la destrucción y degradación de áreas naturales, la pérdida de biodiversidad, el crecimiento exponencial de la población humana, la deforestación, las prácticas agrícolas modernas, la introducción de especies invasoras, la urbanización, el comercio de vida silvestre, la expansión en el consumo de vida silvestre y la exposición cruzada de vida silvestre que no se mezclaría ni entraría en contacto en condiciones

naturales (Bell *et al.*, 2004; Lorusso *et al.*, 2020; Booth *et al.*, 2021; Kock y Cáceres-Escobar, 2022).

El comercio de animales silvestres es común en todo el mundo por medio de redes y rutas de distribución que cruzan fronteras hacia los distintos destinos globales (Smith *et al.*, 2009; Intergovernmental Science-Policy Platform on Biodiversity and Ecosystem Services [IPBES], 2020a). La mayoría de las regiones del mundo desempeñan un papel como origen, tránsito o destino de vida silvestre (United Nations Office on Drugs and Crime [UNODC], 2016, 2020). El uso de especies involucra mercados y actores tanto de países desarrollados como en vías de desarrollo (Kock y Cáceres-Escobar, 2022).

El comercio de vida silvestre también depende del contexto y no se puede generalizar bajo un mismo paraguas, ya que cada mercado tiene características únicas en comparación con otras prácticas comerciales y otros mercados (Kock y Cáceres-Escobar, 2022). El comercio de vida silvestre es extremadamente diverso y abarca una amplia gama de especies, actores y cadenas de suministro de varios alcances y escalas, y con diferentes mercados que varían en su legalidad, sostenibilidad y legitimidad social (t Sas-Rolfes *et al.*, 2019), cada uno con sus propios incentivos y dinámicas (Wyatt, 2013; Milner-Gulland, 2018). Este comercio incluye productos con una amplia variedad de usos, como pieles, alimentos, medicinas tradicionales, adornos y mascotas, entre muchos otros.

El mercado de animales vivos para mascotas o animales de compañía, en el que muchos animales se encuentran en cercanía con las personas, ofrece las condiciones perfectas para que un virus de una especie se propague a otra (IPBES, 2020a; Kock y Cáceres-Escobar, 2022). Los mercados y las cadenas de distribución de fauna silvestre, en los que especies de animales en muchas ocasiones están amontonadas en condiciones antihigiénicas y estresantes, generan circunstancias ideales para la propagación de zoonosis, como las enfermedades causadas por coronavirus transferidos a seres humanos a través de una variedad de especies hospedadoras intermedias (Humane Society International, 2020). Efectivamente, el riesgo de transferencia de enfermedades infecciosas en los mercados de animales vivos es alto debido al estrés sig-

nificativo que compromete el sistema inmunológico de los animales, asociado con el número de especies en estrecha proximidad, las condiciones insalubres y la mezcla de animales silvestres y domésticos de diversos orígenes geográficos (Cook, 2005; Kan *et al.*, 2005; Lorusso *et al.*, 2020). Comercializar, transportar y mantener animales silvestres conlleva riesgos y complicaciones relacionados con la salud pública por la introducción de enfermedades emergentes, la seguridad, el bienestar animal y la conservación de la biodiversidad (Pasmans *et al.*, 2017; Doody *et al.*, 2021). En muchas ocasiones, las especies silvestres en instalaciones de almacenamiento, granjas, mercados o entornos privados escapan a controles higiénicos o sanitarios y, por lo tanto, representan riesgos de infección. Además, la falta de datos sobre el comercio dificulta la evaluación detallada del riesgo de enfermedades en aquellos puntos menos regulados (Kock y Cáceres-Escobar, 2022).

En la industria de mascotas a nivel global, por ejemplo, Estados Unidos es uno de los mayores importadores de vida silvestre, al importar entre 10 y 20 millones de individuos de diversas especies de animales silvestres cada año (Smith *et al.*, 2017; Harrington *et al.*, 2020; Hitchens y Blakeslee, 2020; IPBES, 2020a; Janssen y Gomez, 2021). El deseo de los seres humanos de poseer animales vivos implica que ejemplares de estas especies sean extraídos de sus hábitats, criados y comercializados, lo que moviliza una amplia gama de cadenas de distribución a nivel mundial. La necesidad de los seres humanos de convivir directamente con animales silvestres ha llevado al desarrollo de una gran industria de comercialización de la cual México también forma parte (Arroyo-Quiroz *et al.*, 2021).

En el contexto del comercio transnacional de vida silvestre, México ha funcionado por muchos años y sigue funcionando actualmente como una nación *entrepôt*, con niveles sustanciales de importación, reimportación y (re) exportación de especies no nativas, así como niveles menores de contrabando de especies no nativas. En el pasado hubo y aún hay comercio de especies nativas, muchas de ellas ilegales, tanto para surtir la demanda de mercados nacionales como internacionales (Arroyo-Quiroz *et al.*, 2007; 2021; Arroyo-Quiroz, 2010; Arroyo-Quiroz y Wyatt, 2019a; 2019b; Masés-García *et al.*,

2021; Carpio-Domínguez *et al.*, 2022; Felbab-Brown, 2022). México comercializa, por ejemplo, vida silvestre con numerosos países de la Unión Europea por medio de complejas redes interconectadas, legales e ilegales. Hay en este comercio tarántulas asociadas con Alemania o aves rapaces y de ornato asociadas con España, en donde resulta que ambos países son destino y origen de diferentes tipos de animales (Arroyo-Quiroz y Wyatt, 2019a; 2019b; Arroyo-Quiroz *et al.*, 2021). El comercio ilegal entre México y la Unión Europea no se limita a las especies que son nativas de cualquiera de las dos regiones, y a menudo hay más países de otras regiones del mundo involucrados (Arroyo-Quiroz y Wyatt, 2019b).

Como tema de interés socioambiental de México, en este capítulo se revisa el papel de nuestro país como agente activo en el comercio de animales silvestres para mascotas, tanto como centro de origen, lugar de tránsito y destino. Revisar este tema es de suma importancia porque las elecciones de consumo de ciertos países pueden tener un gran impacto en la propagación de enfermedades zoonóticas emergentes (UNODC, 2016; 2020). El análisis de este tema se lleva a cabo mediante los siguientes argumentos e interrogantes. El comercio de vida silvestre mal conducido es uno, entre un número creciente, de impulsores antropogénicos (por ejemplo, la ganadería industrializada, la intensificación agrícola, el cambio de uso de suelo y el cambio climático) que conducen a un aumento de las interacciones negativas entre humanos y la vida silvestre, lo que a su vez suscita un aumento en la transmisión de enfermedades (Booth *et al.*, 2021). En este sentido, ¿cuáles son los riesgos derivados del comercio de animales silvestres para mascotas en el que México está involucrado? Lo ideal es que las políticas relacionadas con la regulación y el control del comercio de animales vivos para mascotas se basen en evidencia si no perfecta, por lo menos consistente. Sobre México, ¿qué tipo de información falta aún considerar sobre el comercio de animales silvestres para mascotas, para acercarnos y sensibilizarnos a la perspectiva *Una Sola Salud – Un Solo Planeta* y estar en mejores condiciones de lograr el bienestar tanto de la sociedad, como de los animales silvestres y los sistemas naturales?

RIESGOS DERIVADOS DEL COMERCIO DE ANIMALES SILVESTRES PARA MASCOTAS

En México, las actividades humanas relacionadas con el ambiente se encuentran reguladas por un conjunto de leyes, reglamentos, códigos y normas que tienen como fin la protección, regulación y conservación de la flora, la fauna, el hábitat y los ecosistemas del país. La legislación ambiental nacional encuentra su fundamento en el Artículo 4 de la Constitución Política de los Estados Unidos Mexicanos, al establecer el derecho a un ambiente sano para el desarrollo humano, y en el Artículo 27, que establece que la explotación, el uso y el aprovechamiento de vida silvestre sólo podrá realizarse mediante concesiones otorgadas por el Ejecutivo Federal, de acuerdo con las reglas y condiciones que establezcan las leyes, por lo que las autoridades estatales y locales no tienen atribuciones, salvo que establezcan acuerdos con el gobierno federal. La legislación mexicana cuenta con regulaciones sobre conservación y aprovechamiento de fauna silvestre. “Las principales leyes ambientales, como la Ley General del Equilibrio Ecológico y Protección al Ambiente (Artículos 5, 7 y 8), establecen que el gobierno federal es el principal responsable facultado para administrar y regular todo lo referente a la fauna silvestre” (Castro-Salazar y Bustos-García, 2021: 107).

La legislación también tiene competencias para la atención y prevención de la criminalidad ambiental; las principales jurisdicciones son de competencia federal, tanto en el sistema penal como en el administrativo (Castro-Salazar *et al.*, 2022).

De acuerdo con la ley mexicana, es completamente legal comprar y poseer animales silvestres si los ejemplares pueden coexistir con humanos en un ambiente doméstico sin representar riesgos físicos, de salud o de seguridad para sus dueños, poseedores o cualquier otra persona o animales. Obtenida la autorización correspondiente y la debida documentación legal, la tenencia y el manejo de especímenes y poblaciones puede realizarse en condiciones de confinamiento para prevenir y minimizar los efectos negativos sobre los procesos biológicos y ecológicos, así como la sustitución o el desplazamiento de poblaciones de especies nativas que se distribuyen naturalmente en el sitio

correspondiente. Por lo tanto, la liberación de especímenes no nativos en el medio natural está estrictamente prohibida. También es cierto que la mayoría de los esfuerzos de aplicación de la ley en vida silvestre en México recaen en el sistema administrativo, lo que supera las actuaciones en lo penal, un sistema basado en permisos y en el que las sanciones se enfocan en multas, suspensión de actividades o revocación de autorizaciones, e incluso se pueden sancionar con “llamados de atención”.

Aunado a las sanciones laxas, el predominio de la aplicación de la legislación ambiental por el sistema administrativo muestra que el Estado no dimensiona las afectaciones de los delitos ambientales en escalas temporales y geográficas, por lo que no ocupan un lugar justo en las agendas gubernamentales ni en los sistemas de justicia penal, ya que suelen ser percibidos como de baja prioridad (Castro-Salazar *et al.*, 2022). Además, la aplicación de la ley administrativa no siempre se traduce en procesos penales, pese a que la misma ley exhorta a las autoridades administrativas a colaborar y denunciar en lo penal. De este modo, los transgresores y criminales ambientales generalmente reciben sanciones económicas o suspensiones de permisos por las faltas cometidas, pese a los impactos negativos generados a la vida silvestre y a los ecosistemas (Castro-Salazar *et al.*, 2022).

Si bien la principal postura de las políticas públicas en México está orientada a la implementación de restricciones y medidas coercitivas por el incumplimiento de la ley, gran parte de la legislación encaminada a proteger a la vida silvestre en México es esencialmente de gestión de conservación. Por consiguiente, se permite el uso continuo y el lucro de animales silvestres para mascotas de prácticamente todos los grupos taxonómicos (Arroyo-Quiroz *et al.*, 2021). Inherente a dicha industria es la cosificación de los animales, ya que son tratados como una mercancía, como objetos de los cuales los humanos podemos abusar y explotar, lo que reitera la superioridad de los seres humanos sobre los animales (Sollund, 2019; Gacek y Jochelson, 2021). La legitimidad de esta práctica rara vez se debate (Pasmans *et al.*, 2017). El imaginario de la cosificación de la fauna silvestre en México es hoy en día aún reproducido en la Ley General de Vida Silvestre (LGVS).

Este se sustenta en la ideología de la dominación y ‘control’ sobre la vida silvestre. Desde la definición oficial presente en la Ley, la fauna silvestre es vista como algo que está bajo el dominio del humano, pues en su discurso es presentada, en parte, como aquella asociada a ‘poblaciones menores e individuos que se encuentran bajo el control’ [del humano] [Artículo 3]. [...] Por ejemplo, en el Reglamento [de la LGVs], se autoriza que fauna silvestre sea utilizada en espectáculos y que forme parte de colecciones privadas (art. 26), [...] [sea] colectada para investigación (art. 123), así como se autoriza el uso de partes y células de especies en categoría de riesgo (art. 129). [...] Otra forma de cosificación se encuentra en la LGVs mediante el uso recurrente del concepto ‘bienes’ para referirse a la fauna silvestre asegurada. Se observa en los artículos 120 y 129 de la Ley, por ejemplo, que para referirse a la fauna silvestre se emplean discursos como ‘depositarias de los bienes’ y ‘los bienes decomisados’. Término ‘bienes’ que se emplea en los artículos [de la Ley] para mencionar cosas materiales, como herramientas, automóviles, utensilios, etc. De esta forma, en la LGVs y su Reglamento, además de equiparar a posesiones inanimadas a la fauna silvestre, se le somete a la resolución de necesidades humanas, no sólo las básicas como alimentación, sino también para entretenimiento, caza deportiva, mascotas, entre otras. [...] Pese a tratarse de seres vivos, en las regulaciones no se apreciaron discursos morales o éticos hacia la fauna silvestre, [más bien lo que] se aprecia es un discurso legal orientado al enfoque de bienestar animal que acepta y autoriza el uso de la fauna por parte de los humanos, no orientado a detener la dominación y explotación de las especies. (Castro-Salazar y Bustos García, 2021: 114, 115 y 122).

En este contexto, la legislación nacional cuenta con diversos artículos que enmarcan la posesión de animales silvestres y la aplicación de la ley, al determinar el proceder de las instituciones para sancionar acciones que comprometan al medio ambiente y su aprovechamiento sustentable, así como para la protección de las especies y los ecosistemas nacionales. Además, busca reducir las brechas entre la sociedad, el gobierno y el medio ambiente, lo que permite a la población ser parte de las acciones de conservación, protección y

vigilancia (Arroyo-Quiroz *et al.*, 2021; Castro-Salazar *et al.*, 2022). A pesar de la introducción de una legislación pertinente, las actividades que se practican entre países en la industria de comercialización de animales silvestres para mascotas pueden implicar irregularidades, condiciones insalubres, maltrato y daños que persisten y que son un importante riesgo para la propagación de enfermedades (Wyatt, 2013; Mol *et al.*, 2017; Nurse, 2017; Sollund, 2019, IPBES, 2020a; Maruma-Mrema, 2020; Arroyo-Quiroz *et al.*, 2021). Los riesgos individuales de exposición a nuevos patógenos están influenciados por el origen del espécimen (por ejemplo, si el animal comercializado es de origen silvestre o criado en granjas), por un mantenimiento de registros de animales importados y (re)exportados laxo o inexistente, y por una aplicación de las leyes que suele ser deficiente. Como se mencionó anteriormente, los patrones de distribución y consumo de vida silvestre varían notablemente entre países. América del Norte, Europa y algunas partes de Asia son importadores netos, y la Unión Europea y Estados Unidos son los principales consumidores de vida silvestre comercializada para mascotas como, por ejemplo, reptiles, anfibios y aves (Harrington *et al.*, 2020; IPBES, 2020a; Kock y Cáceres-Escobar, 2022).

México, como país importador, exportador y re-exportador de animales vivos para mascotas, ya sea provenientes del medio silvestre o criados en cautiverio, tiene una gran responsabilidad no sólo de hacer cumplir las leyes, las normas y los reglamentos con estrictos controles y aumentar las sanciones en caso de actividades ilegales, sino de contribuir en el desarrollo de competencias para promover buenas prácticas en el manejo y transporte de animales vivos, que siempre necesitan condiciones de cuidado específicas (Arroyo-Quiroz *et al.*, 2021), lo cual es fundamental para reducir riesgos derivados de la interacción entre humanos y vida silvestre, y para prevenir posibles epidemias en el futuro. Desafortunadamente, la Ley General de Vida Silvestre mexicana autoriza, en condiciones poco claras, tener ciertas especies silvestres como mascotas “al no definir explícitamente qué trato debe recibir la fauna una vez en cautiverio” (Castro-Salazar y Bustos-García, 2021: 122). Aunado a esto, es importante señalar que no necesariamente porque el comercio de animales silvestres vivos sea legal entraña buenas prácticas. La reten-

ción, la reproducción en cautiverio, el transporte, la venta y el comercio en general, aunque legales, no necesariamente están exentos de hacinamientos, suciedad, abuso y maltrato animal (Pasmans *et al.*, 2017; 2018; Sollund 2019; Arroyo-Quiroz *et al.*, 2021). La demanda de animales vivos para mascotas en México, ligada a la falta de información detallada sobre las condiciones de control sanitario y trato a los animales a lo largo de las distintas cadenas de valor, tanto nacionales como internacionales, son una amenaza no sólo para el medio ambiente, la biodiversidad y los propios ejemplares sujetos a uso, sino también para la salud humana, el desarrollo económico y la seguridad planetaria (Carpio-Domínguez *et al.*, 2018).

Si bien México no es un centro crítico en cuanto al despliegue de mercados húmedos de alto alcance, como ocurre en ciertos países asiáticos, hay que tener presente que sí está involucrado en otro tipo de mercados comerciales al demandar, consumir y redistribuir animales silvestres susceptibles a infecciones (por ejemplo, felinos, primates o aves), los cuales pueden llegar a causar enfermedades graves. Y hay que recalcar que las probabilidades de zoonosis entre humanos y animales silvestres aumentan considerablemente por factores de riesgo relacionados con el tráfico de vida silvestre (Doody *et al.*, 2021) o por el empleo de mercados y canales de distribución en los que una vez que los animales han sido vendidos y transferidos se les pierde la traza y, por tanto, la oportunidad de saber si las condiciones de atención e higiene a las que están sujetos son las apropiadas o no (Carpio-Domínguez, 2021).

ATENCIÓN AL PAPEL DE MÉXICO EN EL COMERCIO DE ANIMALES SILVESTRES PARA MASCOTAS

El comercio de vida silvestre tiene implicaciones tanto locales como regionales y globales, y se manifiesta de manera diferente entre las distintas regiones geográficas involucradas (White, 2011). Comprender estas diferencias es importante para respaldar los esfuerzos de futuras colaboraciones globales encaminadas a proteger la salud y el bienestar tanto de la vida silvestre como

de las comunidades humanas. “En términos de riesgo, los animales silvestres constituyen una pequeña proporción de los animales comercializados y una proporción aún menor de las zoonosis notificadas; sin embargo, necesitamos mejores datos para evaluar el riesgo general asociado con especies y prácticas específicas” (Kock y Cáceres-Escobar, 2022: 72). Para esto, se deben investigar todos los eslabones de la cadena de suministro de ejemplares silvestres.

Dada la relevancia que tiene México en el comercio transnacional de animales silvestres en términos del número de taxones y países involucrados, los volúmenes de ciertos movimientos comerciales, la presencia tanto de especies nativas como no nativas, así como las implicaciones socioeconómicas, culturales, ecológicas y de daño que algunos de estos mercados tienen o pudieran estar teniendo, a nuestro país le correspondería concentrar sus esfuerzos en la gestión sostenible de la vida silvestre, incluida la participación de las comunidades en la lucha contra el comercio ilícito de fauna silvestre¹ (International Institute for Environment and Development e International Union of Conservation of Nature- Sustainable Use and Livelihoods [IIED e IUCN-SULI] 2019; Roe *et al.*, 2020). Estos esfuerzos incluyen repensar qué es lo que implica la tenencia y el aprovechamiento de animales silvestres como mascotas, analizar cómo destinar esfuerzos para profundizar en el impacto de sus flujos e intercambios de biodiversidad sobre otras regiones, comunidades humanas y de especies (White, 2011), así como involucrarse en el desarrollo de nuevos marcos de referencia que consideren no sólo los incumplimientos a la legislación sino también actividades que, aunque avaladas por la ley, generan daño, injusticia e inequidad social y ecológica en este mundo altamente interconec-

¹ “Considerando que un 25% de la tierra en el mundo es propiedad de comunidades, o está manejada por comunidades, ellas deben ser fundamentales en toda iniciativa o esfuerzo de vigilancia, protección y conservación. La participación comunitaria ya ha sido internacionalmente reconocida como un aspecto importante en la lucha mundial contra el comercio ilícito de fauna y flora silvestres. No obstante, debido a que las estrategias de participación comunitaria son complejas y toma tiempo implementarlas, aún no hay suficientes iniciativas que reciban respaldo” (IIED y IUCN-SULI, 2019: 3).

tado y globalizado (Conrad, 2017; Hall *et al.*, 2017; Rodríguez-Goyes, 2019; Arroyo-Quiroz *et al.*, 2021; Ji y Cheng, 2021). Es bien sabido que contar con un permiso o una autorización no necesariamente asegura el bienestar de los ejemplares sujetos a comercio.

A nivel nacional, las investigaciones sobre el papel de México en el comercio y tráfico de vida silvestre se han visto obstaculizadas por varios factores, como financiamiento limitado, el desconocimiento o la baja prioridad concedida al tema tanto por las autoridades, la sociedad civil y entre los especialistas, un entorno inseguro para el trabajo de campo y los debates en torno a la ética sobre el uso de los animales silvestres, particularmente aquellos sobre si éstos son un recurso o si son seres “sintientes”, con derechos morales, que merecen respeto independientemente de su grupo taxonómico y categorización.

El tema de la inseguridad en campo, por ejemplo, ha sido un factor que ha afectado directamente la posibilidad de conseguir acciones de vigilancia eficaces en los centros de origen de los ejemplares silvestres nativos que ingresan a las filas del comercio dentro y fuera de México (Carpio-Domínguez, 2021; Felbab-Brown, 2022).

A casi una década de haber terminado la guerra contra el narcotráfico, los enfrentamientos entre grupos criminales y de éstos con las fuerzas del Estado a lo largo del país, no han cesado [por lo que] los índices de inseguridad siguen siendo altos [y, como ejemplo,] las condiciones bajo las cuales se llevan a cabo labores de protección en las Áreas Naturales Protegidas (ANPS) siguen siendo inseguras [...] Los conflictos entre los grupos criminales dentro de las ANPS son una realidad violenta en la que se encuentran inmersas tanto comunidades [como el personal de inspección y vigilancia] (Carpio-Domínguez, 2021: 261).

Esto limita la capacidad de ambos actores (comunidades y personal de inspección) para desplegar los programas de monitoreo y operativos para controlar la extracción de ejemplares silvestres. Por disposición oficial, los trabajadores de la Comisión Nacional de Áreas Naturales Protegidas (CONANP) y de la Secretaría de Medio Ambiente y Recursos Naturales (SEMARNAT):

... no pueden portar armas de fuego, únicamente los servidores públicos de las dependencias de seguridad pública como la Guardia Nacional, Fiscalías, Secretaría de la Defensa Nacional, Secretaría de Marina y policías federales y estatales. [...] La Gendarmería Ambiental fue impulsada en el año 2016, con el objetivo de prevenir los delitos y faltas administrativas en materia de protección al medio ambiente, a través del intercambio de información entre la CONANP, la Procuraduría Federal de Protección al Ambiente (PROFEPA) y la Policía Federal (Secretaría de Seguridad y Protección Ciudadana, 2020). Sin embargo, los protocolos de seguridad impulsados no han sido eficaces, por la heterogeneidad de contextos y características propias en cada grupo criminal (Carpio-Domínguez, 2021: 262).

Esto contribuye a perpetuar el estado de indefensión y vulnerabilidad en el que se desarrollan las actividades de vigilancia en las Áreas Naturales Protegidas (ANPS). Desafortunadamente, el impacto de la presencia y maniobra de grupos del crimen organizado en las ANPS no se limita a las afectaciones ambientales; también afecta al capital social por medio de violaciones a los derechos humanos, lo que socava el desarrollo de las comunidades locales (Carpio-Domínguez, 2021; Ramos *et al.*, 2021). “La violencia generada por este tipo de conflictos representa una de las principales amenazas a la conservación ambiental en las ANPS de México, por lo que se han tenido que desarrollar, de manera empírica, estrategias para la prevención de situaciones de vulnerabilidad [como] el diseño de protocolos de seguridad” (Carpio-Domínguez, 2021: 261).

COMERCIO DE MASCOTAS EN EL MARCO DEL ENFOQUE

UNA SOLA SALUD – UN SOLO PLANETA

Como se ha revisado, tener animales silvestres como mascotas provoca daño a los ecosistemas, al extraer a los animales de su hábitat natural, y puede implicar graves problemas para la salud del propio ejemplar, de otros animales y del ser

humano. Aunado a ello, muchos ejemplares provienen del mercado ilegal, lo que les provoca aún más sufrimiento y maltrato.

Como acciones a corto plazo, la pandemia de COVID-19 ha exigido la necesidad de fortalecer las voluntades políticas y los protocolos en materia de seguridad medioambiental en el país y fortalecer la cooperación de la población con las instituciones ambientales encargadas (Carpio-Domínguez, 2021). Por esto, la utilización de animales silvestres en la industria de mascotas de México debería ir acompañada de las siguientes consideraciones, no sólo para contribuir a reducir el riesgo de una posible emergencia sanitaria (Maruma-Mrema, 2020), sino para asegurar un trato digno a los animales.

- Contrarrestar la incertidumbre sobre la forma en la que se manipulan y tratan los animales, incluidas las condiciones sanitarias, a lo largo de las cadenas de suministro.
- Implementar nuevos parámetros asociados con el análisis y la investigación de riesgos, monitoreo y control sanitario, trato digno, cuidados y salud animal en las cadenas de distribución y comercialización.
- Desarrollar campañas de prevención con base en los contextos culturales específicos, centradas en: a) respetar a los animales; b) concientizar a los consumidores sobre los riesgos que conlleva la comercialización de la fauna silvestre; c) influir en la opinión de compradores y sociedad en general para reducir la demanda y prevenir que México se convierta en un epicentro de emergencia zoonótica.
- Analizar posibles medidas, culturalmente apropiadas, para incentivar a usuarios, comerciantes, compradores y organismos de cumplir la ley.
- Construir nuevas asociaciones intergubernamentales de salud y comercio para identificar los riesgos de enfermedades zoonóticas en el comercio nacional e internacional.
- Abordar los contextos sociológicos y antropológicos del mercado de mascotas para comprender mejor las razones detrás de la demanda de vida silvestre; es decir, realizar trabajo de campo etnográfico para recopilar el punto de vista de los usuarios y el significado cultural,

emocional y psicológico que le dan a la propiedad de las especies.

- Desincentivar el comercio de animales silvestres al tiempo que se establecen medidas de bioseguridad eficientes y efectivas que minimicen la presencia de patógenos a lo largo de las cadenas de suministro.
- Reconsiderar el destino de los animales silvestres bajo el cuidado humano y las personas empleadas en estas industrias.
- Desarrollar propuestas legislativas con base en nuevos paradigmas y sustentadas en ciencia interdisciplinaria, para considerar a los animales como seres sintientes, con derechos morales, y no como cosas.

En cuanto al último punto, es importante mencionar que recientemente, el 28 de abril de 2020, la Comisión de Medio Ambiente y Recursos Naturales de la LXV Legislatura de la Cámara de Diputados presentó, mediante tres iniciativas distintas, un proyecto de decreto para reformar y adicionar diversas disposiciones de la Ley General de Vida Silvestre justo en materia de aprovechamiento de animales silvestres como mascotas. Esto, explican los diputados proponentes, porque la legislación vigente:

[...] presenta vacíos legales relacionados con la tenencia de mascotas, seguridad en las instalaciones y bienestar animal, además de carecer de fundamentos éticos y justos para la vida silvestre, especialmente con aquella fauna con necesidades de manejo, alimentación, albergue y salud, debido a que en su manipulación y cuidado pueden poner en riesgo la vida tanto del dueño como del manejador, en caso de tenerlo, al no proporcionarles los elementos naturales de confort y bienestar, similares a los de un ambiente libre o en instalaciones creadas para fines de conservación, temas que deben ser atendidos de forma prioritaria (Cámara de Diputados, 2022: 6).

Si bien la legislación federal prevé los principios básicos de trato digno y respetuoso hacia los animales en la Ley General de Vida Silvestre, la Ley Federal de Sanidad Animal y la Ley General del Equilibrio Ecológico y Protección al Ambiente (LGEEPA) y sus respectivos reglamentos, las iniciativas recién pre-

sentadas coinciden en que es necesario fortalecer el trato digno y respetuoso hacia la fauna silvestre sujeta a uso por el mercado de mascotas. En este orden de ideas, la SEMARNAT ha manifestado que la prohibición de poseer ciertos animales de compañía como mascotas constituye una medida de prevención del desequilibrio ecológico, dado que la naturaleza de ciertas especies (por ejemplo, felinos o aves) impide la posibilidad de convivir con el hombre en un ambiente bajo manejo sin representar riesgos físicos, sanitarios y de seguridad para las personas o para los propios animales (Cámara de Diputados, 2022). Pero incluso donde existen leyes estrictas, la implementación es un desafío y el comercio ilegal todavía ocurre con frecuencia.

El éxito a largo plazo, si realmente queremos proteger la vida silvestre y a los ecosistemas y asegurar el bienestar humano, requiere de un enfoque de investigación holístico (Cooney *et al.*, 2018; Dalton, 2020; Matias *et al.*, 2020; Ribeiro *et al.*, 2020; Wang *et al.*, 2020). En este sentido, los antropólogos médicos aportan valiosas teorías y métodos basados en el principio del holismo, una posición epistemológica que postula cómo los sistemas y sus propiedades deben ser analizados en su conjunto y no únicamente mediante las partes que los componen. Los antropólogos médicos subrayan que los humanos somos a la par seres sociales y seres biológicos, y proponen pensar la salud global desde tres preceptos: la economía política de la desigualdad, la diversidad cultural y la adaptación, y la etnografía multiespecies (Ji y Cheng, 2021). La economía política de la desigualdad revela críticamente la causa social más profunda de los sufrimientos de la salud global y el camino hacia la equidad en este sentido. La diversidad cultural y la adaptación ilustran meticulosamente el papel del contexto local para demostrar el apoyo a la salud global y la urgencia de herramientas culturalmente apropiadas. La etnografía multiespecies, por su parte, progresa en la percepción de la posición humana-no humana y su relación con el enfoque *Una Sola Salud* (Ji y Cheng, 2021). Pertinente al tema en cuestión, “la herramienta analítica de la etnografía multiespecies es una perspectiva de salud global no antropocéntrica que por ende se enfoca no solo en los humanos sino también en todos los seres vivos de la Tierra... [y que] ...captura

relaciones de poder entre humanos y no humanos de una manera más radical” (Ji y Cheng, 2021: 2).

Para apoyar el enfoque *Una Sola Salud – Un Solo Planeta* en este momento de la historia, las lecciones aprendidas señalan la necesidad de contar con perspectivas respaldadas además por la interdisciplina, que nos permitan fortalecer nuestra investigación de salud global y transformar nuestra comprensión colectiva y nuestra relación con el mundo natural (Berkley, 2020; Maruma-Mrema, 2020). Una de ellas, es la *Criminología Verde*, un marco analítico de las ciencias sociales y naturales relacionado con los delitos y daños ambientales, incluidos los riesgos y las transgresiones que son perjudiciales para los humanos, los ecosistemas y los animales no humanos, independientemente de la legalidad. Debido a la construcción social del delito, influida por las dinámicas de poder y las desigualdades sociales, la criminología verde va más allá de las definiciones y criterios legales existentes, con un sentido de escala e interconexión de los problemas, eventos, lugares y habitantes de la tierra desde una perspectiva no antropocéntrica (Nurse, 2016). La *Criminología Verde* apuesta por promover sistemas de justicia e investigaciones que vayan más allá de la concentración en los sistemas de justicia penal y el uso del derecho penal (Nurse, 2020).

En México, la participación de la criminología ha procurado atender problemáticas de diversa índole, sobre todo aquellas que amenazan la seguridad nacional como los distintos tipos de tráfico (narcóticos, personas y armas), delincuencia organizada, narcoterrorismo, homicidios, secuestro, entre otros; por otra parte, los aportes de la criminología en los temas ambientales han ocupado un lugar periférico dentro de las estrategias de actuación y generalmente se ha abordado el tema desde las disciplinas de las ciencias naturales (Carpio-Domínguez *et al.*, 2020: 43).

Sin embargo, la enseñanza de la Criminología Verde se ha ido consolidando gradualmente a través de los años y “se ha ido adaptando a los nuevos fenómenos de criminalidad asociados con el medio ambiente” (Carpio-

Domínguez *et al.*, 2020: 49) y desde diversas disciplinas como el derecho, la economía, la ecología, la biología de la conservación, entre otras. Distintos especialistas han ido aclarando el camino de la criminología y las ciencias afines en el abordaje de los problemas ambientales desde la perspectiva social, económica y legal (Carpio-Domínguez *et al.*, 2020). La Criminología Verde puede aportar:

A través de sus metodologías, métodos e instrumentos para abordar propiamente los problemas de carácter ambiental y auxiliar en la identificación del origen de problemas ambientales (criminogénesis), la explicación de las dinámicas antisociales en materia ambiental (criminodinámica), en la construcción de estrategias de prevención, generación de protocolos de actuación, el análisis científico de los crímenes y daños ambientales, el fortalecimiento de marcos regulatorios, así como en el apoyo a las estrategias gubernamentales de educación ambiental y capacitación a las fuerzas del Estado y de corresponsabilidad social. (Carpio-Domínguez *et al.*, 2020: 49).

En coincidencia con Settele *et al.* (2020: 2-3), lo que necesitamos es un cambio transformador, “una reorganización fundamental de todo el sistema en cuanto a factores tecnológicos, económicos y sociales, incluidos paradigmas, objetivos y valores, que promueva las responsabilidades sociales y ambientales en todos los sectores”. Sin duda, en México no debemos buscar soluciones a estos problemas complejos mediante los paradigmas actuales en los que la naturaleza escasamente figura en la seguridad pública. Es necesario retomar y adoptar el enfoque de *Una Sola Salud – Un Solo Planeta* en todos los niveles de toma de decisiones, desde el local hasta el global, por medio del cual se pueden identificar “las complejas interconexiones entre la salud de las personas, los animales, las plantas y nuestro entorno compartido”.

México, como un centro principal de demanda y distribución de mascotas de vida silvestre, debería detenerse a recapacitar sobre sus esquemas de consumo, pero en esta ocasión haciendo el ejercicio de mirar a través de la lente de lo que significa la interconexión global desde una perspectiva sis-

témica, interdisciplinaria y no antropocéntrica. Este nuevo paradigma de la interrelacionalidad puede abordarse tanto teórica, metodológica como prácticamente en diversos planos de la realidad, lo que “contribuiría a una mejor toma de decisiones y a que éstas tengan en cuenta los costos y las consecuencias a largo plazo de las estrategias de desarrollo, tanto para las personas como para la naturaleza” (Settele *et al.*, 2020: 2).

COMENTARIOS FINALES

Al igual que ocurre con las crisis climática y de pérdida de diversidad biológica, “las últimas pandemias son consecuencia directa de la actividad humana, en particular, de nuestros sistemas financieros y económicos mundiales, que se basan en un paradigma que premia el crecimiento económico a cualquier precio” (Settele *et al.*, 2020: 1), y en el que los animales son tratados como propiedad para que los humanos abusen o exploten (Sollund, 2011, 2019; Stretesky *et al.*, 2014; Gacek y Jochelson, 2020). Como es sabido, los humanos hemos cambiado la historia de la Tierra y hemos transformado el Holoceno (una época de miles de años postglaciales de evolución natural) en el Antropoceno, una nueva época geológica marcada por la actividad humana (Crutzen y Stoermer, 2000).

La pandemia de COVID-19 ha recordado a algunos y ha despertado en otros la comprensión profunda del peligro real que representan las estructuras del modelo de maximización de ganancias privadas, a costa del bienestar humano y de la naturaleza (Stretesky *et al.*, 2014). En este sentido, Moore (2016) propuso reemplazar el término Antropoceno por el de Capitaloceno, el cual describe mejor los impactos humanos sobre la geología de la Tierra y al reconocer que fueron las sociedades capitalistas —basadas en una nueva forma de organizar la naturaleza y las nuevas relaciones entre el trabajo, la reproducción y las condiciones de vida— las que desarrollaron las externalidades ambientales más notables de la historia del planeta (Jiménez-Martínez y García Barrios, 2020).

El uso de animales para mascotas es uno entre muchos otros usos insostenibles. El aceite de palma, la madera dura de los bosques tropicales, elementos de tierras raras para equipos electrónicos, productos de la vida silvestre (por ejemplo, pieles para la industria de la moda), todos juegan un papel importante en el cambio de uso del suelo, el aumento en la demanda de recursos naturales y el aumento del riesgo de pandemia (IPBES, 2020b). En el caso de los animales, hay quienes proponen que se podría promover un consumo más sostenible mediante un mejor etiquetado de los animales silvestres para la venta como mascotas para distinguir entre los animales capturados en la naturaleza de aquellos criados en cautiverio, con la información sobre el país en el que fueron criados o capturados. Se deben establecer los procesos aceptados internacionalmente para rastrear las fuentes de productos de la vida silvestre, impulsados por el consumidor, y eventualmente eliminar las actividades clandestinas, ilegales y ambientalmente destructivas que amenazan la biodiversidad (IPBES, 2020a). Sin embargo, aunque estas disposiciones apuestan por políticas regulatorias bien implementadas, esta perspectiva no deja de perpetuar la idea de que los animales no son más que cosas, y da cuenta de cómo la humanidad y la animalidad están profundamente arraigadas en la construcción de los valores de la ley y la sociedad (Gacek y Jochelson, 2020; Hutchinson *et al.*, 2021). Basta el examen de unos cuantos trabajos sobre un solo grupo taxonómico (por ejemplo, los reptiles) y las tendencias en varias décadas de su comercio global para conocer las implicaciones y el impacto para la conservación, la salud pública y la bioseguridad (Harrington *et al.*, 2020; Hierinka *et al.*, 2020; Marshall *et al.*, 2020; Janssen y Gomez, 2021; Stringham *et al.*, 2021) y darnos cuenta de cómo nos seguimos relacionando con la naturaleza y los animales, cosificándolos, sin tomar en cuenta su bienestar y reduciendo la diversidad biológica a un ritmo sin precedentes (Sollund, 2011; Baker *et al.*, 2013; Pasmans *et al.*, 2017; Brisman y South, 2020; Scheffers *et al.*, 2019).

Igualmente, en México:

los animales no humanos silvestres son presentados como bienes u objetos en los cuales el gobierno federal se faculta como el único competente para

decidir sobre el destino y manejo que se da a éstos. El gobierno federal se atribuye otorgar, revocar y negar permisos, certificados, licencias, autorizaciones, etc., como si se tratase de cualquier bien material, [replicando así] la ideología de propiedad en la fauna silvestre y el humano, con previa autorización y condiciones impuestas por el Estado, y adquiriendo derechos sobre la fauna para poseerlos, exhibirlos y explotarlos, reforzando así la visión antropocéntrica. [La ideología de] la inferioridad atribuida, [que] justifica y sostiene el derecho de control del humano sobre las otras especies, [...] definió el inicio de la modernidad, la cual, como ahora se critica, es una postura especista y antropocéntrica en la que aquellas especies no humanas se consideran inferiores. Imaginarios de dominación que son reproducidos en el discurso de la Ley. (Castro-Salazar y Bustos-García, 2021: 114-115).

La Dra. Lourdes Arizpe (2019: 45) propone distinguir entre “la vida” y “el vivir”:

Los seres humanos se crean mediante procesos genéticos y biológicos, pero se convierten en sujetos conscientes actuantes a través de la cultura y de las probabilidades de acción que esta ofrece, [y en este sentido] la humanidad es única en su capacidad de obtener inspiración y significado a partir del pasado, de coproducir conocimiento y de utilizarlo para dar significado al presente y al futuro. [...] La única manera de salvar a nuestra especie es asegurando “el vivir”, esto es, la capacidad de los seres humanos de ser conscientes de sus propias capacidades para la acción [...] y de insistir en la convivenciabilidad, en oposición a todas las tendencias divisorias, a fin de garantizar la sostenibilidad. [Entendiendo convivenciabilidad como] aprender a escuchar al otro, establecer vínculos a través de historias, contar la propia y escuchar la del prójimo.

Efectivamente, la pandemia y la crisis climática nos han obligado a repensarnos, a reflexionar sobre lo que hacemos y cómo lo hacemos. Necesitamos un mundo que promueva y reimagine la cultura de la prevención de daños y la justicia. Un movimiento que comience desafiando el *status quo*, escuchando

a diversas audiencias, para juntos reinventar una nueva forma de cuidar y proteger al planeta y a los demás. Las lecciones aprendidas de la pandemia de COVID-19 (Worobey *et al.*, 2022) y otras epidemias apuntan a la necesidad de considerar medidas urgentes como parte del cuidado global y del enfoque de *Una Sola Salud* (WHO, 2017; Leroy *et al.*, 2020), o el movimiento *Reimaginar la Conservación* (Walker-Painemilla, 2021), incluido indudablemente el modo en que cuidamos de los animales (Wyatt *et al.*, 2022). Todo esto apunta a la necesidad de una acción concertada que nos permita transformar fundamentalmente nuestra comprensión colectiva y la relación que queremos construir con nuestro entorno natural (Tuan, 1990). En palabras de la doctora Úrsula Oswald (2020: 6), “¿Qué está haciendo cada uno de nosotros/as para transformar nuestra propia vida y ayudar a despertar a los demás, con el fin de emprender esta gigantesca tarea civilizatoria hacia la supervivencia?”.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ‘t Sas-Rolfes Michael, Daniel W.S. Challender, Amy Hinsley, Diogo Veríssimo, y E.J. Milner-Gulland (2019). “Illegal wildlife trade: scale, processes, and governance”. *Annual Review of Environment and Resources* 44: 201-228.
- Arizpe, Lourdes (2019). *Cultura, Transacciones Internacionales y el Antropoceno*. CRIM UNAM: Porrúa.
- Arroyo-Quiroz, Inés, Ramón Pérez-Gil, y Nigel Leader-Williams (2007). “Mexico in the international reptile skin trade: A case study”. *Biodiversity and Conservation* 16: 931-952.
- Arroyo-Quiroz, Inés (2010). *Developing Countries and the Implementation of CITES: A Case Study of Mexico in the International Reptile Skin Trade*. Germany: VDM Verlag Dr. Müller.
- Arroyo-Quiroz, Inés, y Tanya Wyatt (2019a). “Le commerce et le trafic d’espèces sauvages entre la France et le Mexique. Une étude des symmetries criminogènes”. *Déviance et Société* 43 (4): 569-593.

- Arroyo-Quiroz, Inés, y Tanya Wyatt (2019b). “Tráfico de vida silvestre entre la Unión Europea y México”. *Revista Crítica Penal y Poder* 16: 32-52.
- Arroyo-Quiroz, Inés, Laura Paulina Díaz-Rentería, y Patricia Puente-Guerrero (2021). “Comercio transatlántico de vida silvestre: Un estudio de caso entre México y España”. En *Nuevos desafíos frente a la criminalidad organizada transnacional y el terrorismo*. Coordinado por Julio Ballesteros-Sánchez y Laura Zúñiga-Rodríguez, 269-299. Madrid: Editorial Dykinson, S.L.
- Baker, Sandra E., Russ Cain, Freya van Kesteren, Zinta A. Zommers, Neil D’Cruze, y David W. Macdonald (2013). “Rough trade: Animal welfare in the global wildlife trade”. *BioScience* 63 (12): 928-938.
- Bell, Diana, Scott Robertson, y Paul R. Hunter (2004). “Animal origins of SARS coronavirus: Possible links with the international trade in small carnivores”. *Philosophical Transactions of the Royal Society of London B Biological Sciences* 359 (1447): 1107-1114.
- Berkley, Seth (2020). “Covid-19 needs a big science approach”. *Science* 367(6485): 1407.
- Booth, Hollie, Melissa Arias, Stephanie Brittain, Daniel W. S. Challender, Munib Khanyari, Timothy Kuiper, Yuhan Li, Alegria Olmedo, Rodrigo Oyanedel, Thomas Pienkowski, y E. J. Milner-Gulland (2021). “Saving lives, protecting livelihoods, and safeguarding nature: Risk-based wildlife trade policy for sustainable development outcomes post-COVID-19”. *Frontiers in Ecology and Evolution* 9 (639216): 1-16.
- Brisman, Avi, y Nigel South (2020). “A criminology of extinction: Biodiversity, extreme consumption and the vanity of species resurrection”. *European Journal of Criminology* 17 (6): 918-935.
- Carpio-Domínguez, José Luis (2021). “Crimen organizado (narcotráfico) y conservación ambiental: el tema pendiente de la seguridad pública en México”. *Revista CS* 33: 237-274.
- Carpio-Domínguez, José Luis, Cynthia Marisol Vargas-Orozco, Karla Villarreal-Sotelo, Rafael Santillana-Cantú, e Ignacio Hernández-Rodríguez (2018). “Percepción criminológica de la posesión de anima-

- les del narcotráfico en Tamaulipas, el zoológico del crimen organizado” *Letras Jurídicas* No. 26 Primavera.
- Carpio-Domínguez, José Luis, Inés Arroyo-Quiroz, y Cynthia Marisol Vargas-Orozco (2020). “La criminología verde como elemento fundamental en la formación profesional de criminólogos en México.” *Educiencia* 5 (9): 38-53.
- Carpio-Domínguez, José Luis, Inés Arroyo-Quiroz, M.T. Villarreal-Martínez, y José Ignacio Castro-Salazar (2022). “Trafficking of a tiger (*Panthera tigris*) in northeastern Mexico: A social network analysis”. *Forensic Science International: Animals and Environments* 2: 100039.
- Castro-Salazar, Jesús Ignacio, y Brenda Araceli Bustos-García (2021). “La fauna silvestre en el discurso de la Ley General de Vida Silvestre y su reglamento, y la percepción de los inspectores que aplican la Ley en México”. *Revista de Ciencias Sociales y Humanidades* 30 (60): 104-125.
- Castro-Salazar, Jesús Ignacio, José Luis Carpio-Domínguez, e Inés Arroyo-Quiroz (2022). “Criminología verde, esfuerzo de aplicación de las regulaciones sobre vida silvestre en México entre el 2006 y 2020”. *Constructos Criminológicos* 2 (2).
- Cohen, J. (2020). Wuhan seafood market may not be source of novel virus spreading globally [en línea]. Disponible en <<https://www.science.org/content/article/wuhan-seafood-market-may-not-be-source-novel-virus-spreading-globally>> (consulta: 13 de abril de 2022).
- Conrad, Sebastian (2017). *Historia Global. Una Nueva Visión para el Mundo Actual*. Barcelona: Crítica, Planeta.
- Cook, Robert A. (2005). “Emerging diseases at the interface of people, domestic animals and wildlife. The role of wildlife in our understanding of highly pathogenic avian influenza”. *Yale Journal of Biology and Medicine* 78 (5): 343-353.
- Cooney, Rosie, Dilys Rose, Holly T. Dublin, y Francesca Booker (2018). *Wild Life, Wild Liverhoods: Involving Communities in Sustainable Wildlife Management and Combating the Illegal Wildlife Trade*. Nairobi, Kenya: United Nations of Environmental Programme.

- Corlett, Richard T., Richard B. Primack, Vincent Devictor, Bea Maas, Varun R. Goswami, Amanda E. Bates, Lian Pin Koh, Tracey J. Regan, Rafael Loyola, Robin J. Pakeman, Graeme S. Cumming, Anna Pidgeon, David Johns, y Robin Roth (2020). "Impacts of the coronavirus pandemic on biodiversity conservation". *Biological Conservation* 246: 108571.
- Crutzen, Paul J., y Eugene F. Stoermer (2000). "The Anthropocene". *Global Change Newsletter* 41: 17-18.
- Doody, J. Sean, Joan A. Reid, Klejdis Bilali, Jennifer Diaz, y Nichole Mattheus (2021). "In the post-COVID-19 era, is the illegal wildlife trade the most serious form of trafficking?" *Crime Science* 10: 19.
- Corlett, Richard T., Richard B. Primack, Vincent Devictor, Bea Maas, Varun R. Goswami, Amanda E. Bates, Lian Pin Koh, Tracey J. Regan, Rafael Loyola, Robin J. Pakeman, Graeme S. Cumming, Anna Pidgeon, David Johns, y Robin Roth (2020). "Impacts of the coronavirus pandemic on biodiversity conservation". *Biological Conservation* 246: 108571.
- Gacek, James, y Richard Jochelson (2020). "Animals as something more than mere property: interweaving green criminology and law". *Social Sciences* 9(122): 1-16.
- Cámara de Diputados (2022). *Dictámenes de declaratoria de publicidad con proyecto de decreto por el que se reforman y adicionan diversas disposiciones de la Ley General de Vida Silvestre, en materia de aprovechamiento de animales silvestres como mascotas*. Comisión de Medio Ambiente y Recursos Naturales, Cámara de Diputados, LXV Legislatura, Gaceta Parlamentaria 6012-VII, Palacio Legislativo de San Lázaro, jueves 28 de abril de 2022.
- Felbab-Brown, Vanda (2022). "China-linked wildlife poaching and trafficking in Mexico. Security, strategy and order". *Foreign Policy at Brookings* 47.
- Hall, Matthew, Tanya Wyatt, Nigel South, Angus Nurse, Gary Potter, y Jennifer Maher. (2017). *Greening Criminology in the 21st Century. Contemporary Debates and Future Directions in the Study of Environmental Harm*. Green Criminology Series. UK: Routledge.

- Harrington, Lauren A., Jennah Green, Patrick Muinde, y David W. Macdonald (2020) "Snakes and ladders: A review of ball python production in West Africa for the global pet market". *Nature Conservation* 41: 1-24.
- Human Society International (2020). *Comercio de fauna silvestre y el COVID-19*. Washington, D.C.
- Hierinka, Fleur, Isabelle Bolona, Andrew M. Dursoa, Rafael Ruiz de Castañeda, Carlos Zambrana-Torrelío, Evan A. Eskewc, y Nicolas Raya (2020). "Forty-four years of global trade in CITES-listed snakes: Trends and implications for conservation and public health". *Biological Conservation* 248: 108601.
- Hitchens, Rosemary T, y April M. H. Blakeslee (2020). "Trends in illegal wildlife trade: Analyzing personal baggage seizure data in the Pacific Northwest". *PLoS One* 15 (6): e0234197.
- Hutchinson, Alison, Nathan Stephens-Griffin, y Tanya Wyatt (2021). "Speciesism and the wildlife trade: Who gets listed, downlisted and uplisted in CITES?" *International Journal for Crime Justice and Social Democracy* 10(3): Doi:10.5204/ijcjsd.1945.
- International Institute for Environment and Development e International Union of Conservation of Nature- Sustainable Use and Livelihoods [IIED e IUCN-SULI] (editores) (2019). *Enfoques Liderados por las Comunidades en la Lucha Contra el Comercio Ilícito de Fauna y Flora Silvestres: Estudios de Casos de América Latina*. Londres: IIED.
- Intergovernmental Science-Policy Platform on Biodiversity and Ecosystem Services [IPBES] (2020a) *Workshop Report on Biodiversity and Pandemics of the Intergovernmental Platform on Biodiversity and Ecosystem Services*. Peter Daszak, John Amuasi, Carlos das Neves, David Hayman, Thijs Kuiken, Benjamin Roche, Carlos Zambrana-Torrelío, Peter Buss, Heliana Dunderova, Yasha Feferholtz, Gabor Földvári, Etinosa Igbínosa, Sandra Junglen, Qiyong Liu, Gerardo Suzan, Marcela Uhart, Chadia Wannous, Katie Woolaston, Paola Mosig Reidl, Karen O'Brien, Unai Pascual, Peter Stoett, H. Li y H. T. IPBES Secretariat: Bonn, Germany, 96p.

- Intergovernmental Science-Policy Platform on Biodiversity and Ecosystem Services [IPBES] (2020b). *IPBES Guest Article: COVID-19 Stimulus measures must save lives, protect livelihoods, and safeguard nature to reduce the risk of future pandemics* [en línea]. Disponible en: <https://ipbes.net/covid19-stimulus> (consulta: 12 de abril de 2022).
- Janssen, Jordi, y Lalita Gomez (2021). “An examination of the import of live reptiles from Indonesia by the United States from 2000 to 2015”. *Journal for Nature Conservation* 59: 125949.
- Ji Ruobing, y Yu Cheng (2021). “Thinking global health from the perspective of anthropology”, *Global Health Research and Policy* 6:47.
- Jiménez-Martínez, Nancy Merary, y Raúl García-Barríos (2020) “Antropoceno y Capitaloceno”. En *Feminismo socioambiental. Revitalizando el debate desde América Latina*, coordinado por Ana De Luca Zuria, Erika Fosado-Centeno y Margarita Velázquez-Gutiérrez, 161-188. CRIM, UNAM.
- Kan, Biao, Ming Wang, Huaiqi Jing, Huifang Xu, Xiugao Jiang, Meiyang Yan, Weili Liang, Han Zheng, Kanglin Wan, Qiyong Liu, Buyun Cui, Yanmei Xu, Enmin Zhang, Hongxia Wang, Jingrong Ye, Guichang Li, Machao Li, Zhigang Cui, Xiaobao Qi, Kai Chen, Lin Du, Kai Gao, Yu-Teng Zhao, Xiao-Zhong Zou, Yue-Ju Feng, Yu-Fan Gao, Rong Hai, Dongzhen Yu, Yi Guan, y Jianguo Xu (2005). “Molecular evolution analysis and geographic investigation of severe acute respiratory syndrome coronavirus-like virus in palm civets at an animal market and on farms”. *Journal of Virology* 79 (18): 11892-11900.
- Kock, Richard, y Hernan Caceres-Escobar (2022). *Situation Analysis on the Roles and Risks of Wildlife in the Emergence of Human Infectious Diseases*. Gland, Switzerland: IUCN.
- Leroy, Eric M., Meriadeg Ar Gouilh y Jeanne Brugère-Picoux (2020). “The risk of SARS-CoV-2 transmission to pets and other wild and domestic animals strongly mandates a one-health strategy to control the COVID-19 pandemic”. *One Health* 10: 100133.

- Lorusso, Alessio, Paolo Calistri, Antonio Petrini, Giovanni Savini, y Nicola Decaro (2020). “Novel coronavirus (SARS-COV-2) epidemic: a veterinary perspective”. *Veterinaria Italiana* 56 (1): 5-10.
- Marshall, Benjamin M., Colin Strine, y Alice C. Hughes (2020). “Thousands of reptile species threatened by under-regulated global trade”. *Nature Communications* 11: 4738.
- Maruma-Mrema, Elizabeth (2020). *Statement by acting Executive Secretary, Convention on Biological Diversity on the occasion of World Health Day, April 7th, 2020*.
- Masés-García, Carlos A., Miguel Briones-Salas, y Javier Enrique Sosa-Escalante (2021). “Assessment of wildlife crime in a high-biodiversity region of Mexico”. *Journal for Nature Conservation* 59: 125932.
- Milner-Gulland, Eleanor J. (2018). “Documenting and tackling the illegal wildlife trade: Change and continuity over 40 years”. *Oryx* 52: 597-598.
- Mol, Hanneke, David Rodríguez Goyes, Nigel South y Avi Brisman (eds.) (2017). *Introducción a la Criminología Verde: Conceptos para Nuevos Horizontes y Diálogos Socioambientales*. Universidad Antonio Nariño, Bogotá: Temis.
- Moore, Jason W. (2016). *Anthropocene or Capitalocene? Nature, History, and the Crisis of Capitalism*. Oakland: PM Press.
- National Center for Immunization and Respiratory Diseases [NCIRD] (2022). *Situación actual de la influenza aviar en aves silvestres*. Centros para el Control y la Prevención de Enfermedades, Centro Nacional de Vacunación y Enfermedades Respiratorias (NCIRD) [en línea]. Disponible en: <https://espanol.cdc.gov/flu/avianflu/wildbirds.htm> (consulta: 21 de abril de 2022).
- Nurse, Angus (2016). *An Introduction to Green Criminology and Environmental Justice*. UK: SAGE Publications Ltd.
- Nurse, Angus (2017). El daño a los animales y la criminología verde: cuestiones de derecho y justicia. En *Introducción a la Criminología Verde: conceptos para nuevos horizontes y diálogos socioambientales*, editado por Hanneke

- Mol, David Rodríguez-Goyes y Nigel South Avi Vrisman, 258-275. Universidad Antonio Nariño, Bogotá: Temis.
- Nurse, Angus (2020). "Contemporary perspectives on environmental enforcement". *International Journal of Offender Therapy and Comparative Criminology* 66 (4): 327-344.
- Oswald, Úrsula (2020) "Cómo salvar al Planeta Tierra y no morir por el COVID-19". Notas de coyuntura del CRIM No. 16, mayo 2020.
- Pasmans, Frank, Serge Bogaerts, Johan Braeckman, Andrew A. Cunningham, Tom Hellebuyck, Richard A. Griffiths, Max Sparreboom, Benedikt R. Schmidt, y An Martel (2017). "Future of keeping pet reptiles and amphibians: towards integrating animal welfare, human health, and environmental sustainability". *Veterinary Record* 181 (17): 450.
- Ramos, Ameyali, Philippe LeBillon, Caroline Seagle, Masego Madzwamuse, Kristen Walker Painemilla, Iryna Petriv, y Liliana Jauregui (eds.) (2021). *Policy Matters, Special Issue on Environmental Defenders*. Special Issue 22, Vol. I. Defenders and the many faces of repression. Gland, Switzerland: IUCN.
- Roe, Dilys, Amy Dickman, Richard Kock, E.J. Milner-Gulland, Elizabeth Rihoy y Michael 't Sas-Rolfes (2020). "Beyond banning wildlife trade: COVID-19, conservation and development". *World Development* 136: 105121.
- Rodríguez-Goyes, David (2019). *Southern Green Criminology: A Science to End Ecological Discrimination*. Bingley, UK: Emerald Publishing Limited.
- Scheffers Brett R., Brunno F. Oliveira, Ieuan Lamb, y David P. Edwards (2019). "Global wildlife trade across the tree of life". *Science* 366: 71-76.
- Smith, Katherine F., Michael Behrens, Lisa M. Schloegel, Nina Marano, Stas Burgel, y Peter Daszak (2009). "Reducing the risks of the wildlife trade". *Science* 324: 594-595.
- Smith, Kristine M., Carlos Zambrana-Torrel, Allison M. White, Marianne Asmussen, Catherine Machalaba, Shaun Kennedy, K. Lopez, Tiffany Wolf, Peter Daszak, D. A. Travis, y W. B. Karesh (2017). "Summarizing US wildlife trade with an eye toward assessing the risk of infectious disease introduction". *Ecohealth* 14 (1): 29-39.

- Settele, Josef, Sandra Díaz, Eduardo Brondizio, y Peter Daszak (2020). “Las medidas de estímulo frente a la enfermedad por coronavirus (COVID-19) deben salvar vidas, proteger los medios de vida y salvaguardar la naturaleza para reducir el riesgo de que se produzcan futuras pandemias”. Artículo de opinión de expertos basado en los resultados de los informes de evaluación de la IPBES, 27 de abril de 2020.
- Sollund, Ragnhild (2011). “Expressions of speciesism: The effects of keeping companion animals on animal abuse, animal trafficking and species decline”. *Crime, Law and Social Change* 55: 437-51.
- Sollund, Ragnhild (2019). *The Crimes of Wildlife Trafficking: Issues of Justice, Legality and Morality*. London: Routledge.
- Stretesky, Paul B. Michael A. Long, y Michael J. Lynch (2014). *The Treadmill of Crime Political Economy and Green Criminology*. London: Routledge.
- Stringham, Oliver C., Pablo García-Díaz, Adam Toomes, Lewis Mitchell, Joshua V. Ross, y Phillip Cassey (2021). “Live reptile smuggling is predicted by trends in the legal exotic pet trade”. *Conservation Letters* 14: e12833.
- Tuan, Yi-Fu (1990). *Topophilia. A Study of Environmental Perception, Attitudes, and Values*. New York: Columbia University Press.
- United Nations Office on Drugs and Crime [UNODC] 2016. UNODC World Wildlife Crime Report. *Trafficking in protected species*. United Nations, New York.
- United Nations Office on Drugs and Crime [UNODC] 2020. UNODC World Wildlife Crime Report 2020. *The COVID-19 pandemic has shown that wildlife crime is a threat not only to the environment and biodiversity, but also to human health*. United Nations, New York.
- Walker-Painemilla, Kristen (2021). *A Challenge to Reimagine Conservation in 2022*. *CEESP News* 9 December, IUCN CEESP Commission [en línea]. Disponible en: <<https://www.iucn.org/news/commission-environmental-economic-and-social-policy/202112/a-challenge-reimagine-conservation-2022>> (Consulta: 20 de octubre 2022).
- White, Rob (2011). *Transnational Environmental Crime: Toward an Eco-global Criminology*. London: Routledge.

- World Health Organization [WHO] (2017). *One Health*. World Health Organization [en línea]. Disponible en: <<https://www.who.int/news-room/questions-and-answers/item/one-health>> (Consulta: 20 de octubre 2022).
- Worobey, Michael, Joshua Levy, Lorena Malpica Serrano, Alexander Crits-Christoph, Jonathan E. Pekar, Stephen A. Goldstein, Angela L. Rasmussen, Moritz U. G. Kraemer, Chris Newman, Marion P. G. Koopmans, Marc A. Suchard, Joel O. Wertheim, Philippe Lemey, David L. Robertson, Robert F. Garry, Edward C. Holmes, Andrew Rambaut, y Kristian G. Andersen (2022). "The Huanan seafood wholesale market in Wuhan was the early epicenter of the COVID-19 pandemic". *Science* 377 (6609): 951-959.
- Wyatt, Tanya (2013). *Wildlife Trafficking. A Deconstruction of the Crime, the Victims, and the Offenders*. UK: Palgrave Macmillan.
- Wyatt, Tanya (2022). "The welfare of wildlife: an interdisciplinary analysis of harm in the legal and illegal wildlife trades and possible ways forward". *Crime, Law and Social Change* 77: 69-89.

Hérica Sánchez Larios
Secretaría de Desarrollo Institucional, UNAM

INTRODUCCIÓN

La pandemia de COVID-19 es uno de los mayores desafíos a los que se ha enfrentado el mundo entero en los últimos años. El modelado matemático es parte importante de la investigación teórica de epidemias y se ha utilizado para guiar las estrategias de enfrentamiento a esta enfermedad. Coloquialmente se puede decir que un modelo matemático es una traducción simplificada de un problema del mundo real a una notación matemática, lo que forma un problema matemático correspondiente al problema real. Formular el modelo con expresiones matemáticas proporciona una formalidad y brevedad de descripción. Algunos modelos deben incluir parámetros obtenidos de datos empíricos que forman parte de la información de entrada al modelo. Después de formular un problema se utilizan herramientas, ideas, conceptos y técnicas matemáticas para resolverlo. La solución obtenida se traduce de nuevo al contexto del problema del mundo real. Un modelo matemático ayuda a revelar características importantes de los fenómenos reales. Cuanto más complejo es un fenómeno, o más difícil y costoso es estudiarlo, mayor es el motivo para explorar modelos. De acuerdo con esta lógica, las enfermedades infecciosas en humanos son temas interesantes para modelar, ya que son complejas, y la investigación en poblaciones humanas es difícil y costosa. A los modelos matemáticos que tienen que ver principalmente con la dinámica de la transmisión de enfermedades infecciosas los llamaremos *modelos epidemiológicos*.

Los modelos epidemiológicos ayudan a comprender mejor la dinámica de la transmisión y la propagación de enfermedades infecciosas, a hacer estimaciones de ciertos parámetros y proyecciones de variables, y a identificar los factores que rigen el proceso de transmisión, para así desarrollar estrategias de control efectivas. A su vez, también permiten evaluar la efectividad de las estrategias de vigilancia y las medidas de intervención que se están llevando a cabo en el transcurso de la propia epidemia, para, si fuera el caso, mejorarlas en las etapas futuras o utilizarlas en una próxima emergencia epidémica. Aunque no hay dos epidemias iguales, los modelos centrados en alguna enfermedad infecciosa han resultado útiles en casos posteriores.

Una de las preguntas de interés para los responsables de la salud pública ante una posible epidemia es “¿qué tan grave será una epidemia?”. Esta pregunta puede interpretarse de varias maneras: ¿cuántas personas se verán afectadas y requerirán tratamiento?, ¿a qué velocidad será la propagación de la enfermedad?, ¿a cuántos individuos infectará una persona que se haya contagiado?, ¿cuál es el número máximo de personas que necesitan atención en un momento determinado?, ¿cuánto durará la epidemia?, ¿se puede evitar una epidemia mediante la vacunación de suficientes miembros de la población? o, después de iniciada, ¿a cuántos se debe vacunar para combatir la epidemia?, ¿cuánto beneficio haría la cuarentena de los infectados para reducir la gravedad de la epidemia?, ¿toda la población es igualmente vulnerable?

Las soluciones que los modelos epidemiológicos arrojan ayudan a dar respuesta a estas preguntas, siempre y cuando para el modelado se haya utilizado suficiente información sobre la enfermedad y su historia natural en la población, de modo que el modelo sea capaz de “imitar” los procesos naturales, como los brotes pasados y la tendencia de la enfermedad, y así simular varias situaciones reales o hipotéticas. En la construcción del modelo ayuda identificar las categorías de los individuos que juegan un papel definido e importante en la dinámica de la enfermedad. Por ejemplo, un individuo puede ser susceptible, infeccioso, inmune, portador, recuperado o removido por muerte. Para que el modelado sea relativamente simple y manejable es deseable eliminar los factores sin importancia y retener sólo aquellos que influyen signi-

ficativamente y determinan el mecanismo de los procesos epidemiológicos. Entonces, un modelo representa necesariamente una simplificación de los procesos naturales; sin embargo, debidamente construido, puede simular la evolución natural de una situación epidémica o endémica, lo que permite el estudio de la dinámica de la enfermedad, del efecto de las intervenciones deliberadas sobre el curso natural de transmisión de la infección, y de la incidencia de la enfermedad.

El objetivo socialmente relevante de un modelo es facilitar la mejora en el control y el tratamiento de enfermedades infecciosas por medio de una aplicación más racional de las medidas preventivas y curativas existentes, así como de los recursos disponibles. Evidentemente, existe una importancia científica en el modelado, que puede aportar mucho a la teoría epidemiológica, aumentar la comprensión de los procesos epidémicos y conducir a mejorar la práctica de la salud pública.

BREVE HISTORIA SOBRE EPIDEMIAS Y LOS INICIOS DE SU MODELADO MATEMÁTICO

En la cronología sobre la aparición de enfermedades infecciosas se puede observar que, a pesar de su importancia en las comunidades humanas, hubo pocos trabajos en modelos matemáticos para ellas hasta principios del siglo pasado. Una excepción interesante e importante es un trabajo de Daniel Bernoulli publicado en 1766. En cuanto a la recopilación de datos y estadísticas sobre enfermedades infecciosas, se cree que el primer trabajo se desarrolló hace aproximadamente 350 años, por John Graunt, el cual fue publicado en 1662.

Como es de suponerse, las epidemias han estado presentes desde hace varios siglos. De acuerdo con Maia Martcheva (Martcheva, 2015: 4-6), la primera epidemia importante descrita por los historiadores fue la peste de Atenas, la cual ocurrió entre el 430 y 426 a.C. La descripción más precisa de esa plaga la proporcionó el historiador Tucídides (460-400 a.C.) en su *Historia de la Guerra del Peloponeso*, la cual se basa en su experiencia personal e incluye

síntomas, progresión de la enfermedad y número de muertes. Hipócrates (459-337 a.C.), en su tratado *Epidemias*, describe los factores que afectaron la propagación de la enfermedad en ese momento. De 165 a 180 d.C., el Imperio Romano y Egipto se vieron afectados por la viruela, y decenas de millones de personas murieron. Una epidemia bien documentada que devastó a Europa fue la peste negra. Esta enfermedad se extendió por todo el Mediterráneo y Europa, y se estima que cobró la vida de entre 50 y 100 millones de personas entre los años 1348 y 1350. El patógeno de la peste negra reapareció en múltiples lugares de Europa en el siglo XIX. Otra epidemia, la viruela, atacó a la población azteca en el siglo XVI y se cree que murieron unos 35 millones de personas. En tiempos más recientes, a principios del siglo XX, una pandemia de influenza terminó con aproximadamente 20 millones de personas en el mundo. Ya en el siglo XXI ha habido importantes brotes de epidemias: el síndrome respiratorio agudo severo (SARS) de 2003 y la pandemia de gripe porcina H1N1 de 2009. Las amenazas de epidemias y pandemias existen continuamente, ya que los virus mutan muy rápidamente y además pueden brincar las barreras de las especies infectando a los humanos. Actualmente, desde finales de 2019, estamos padeciendo la pandemia de COVID-19, causada por un coronavirus de tipo 2 que provoca el síndrome respiratorio agudo severo (SARS-COV-2).

Vemos entonces que las epidemias tienen una larga historia y que su primer estudio estadístico relacionado con su propagación tiene unos 350 años, que, como se mencionó previamente, se le atribuye a John Graunt (1620-1674), quien es considerado el fundador de la bioestadística. En su libro *Natural and Political Observations Made upon the Bills of Mortality*, de 1662, Graunt se ocupa de los métodos de las estadísticas de salud pública. Un siglo después, hace aproximadamente 250 años, Daniel Bernoulli publicó en 1766 un trabajo en el que empleó métodos matemáticos para analizar las muertes por viruela y definió los dos parámetros epidemiológicos que hoy en día se denominan *la fuerza de infección* (la tasa anual de adquisición de una infección) y *la letalidad* (la proporción de infecciones que resultan en la muerte). El artículo de Bernoulli está disponible en inglés en la revisión presentada por Blower Sally (Bernoulli y Blower, 2004). El objetivo principal de Bernoulli era influir en la

política pública hacia la *variación*, una técnica de inyección de una cepa leve del virus de la viruela para inducir inmunidad contra la enfermedad completa. El modelo teórico que Bernoulli planteó, surgió de un problema de la vida real, y sus conclusiones se relacionaron de manera directa con acciones prácticas (Daley y Gani, 2005). Pero desde este trabajo de Bernoulli no hubo otros en los que se usaran métodos matemáticos para formalizar y modelar los procesos de transmisión involucrados en las enfermedades infecciosas sino hasta principios del siglo xx, cuando se realizaron trabajos más sistemáticos y no solamente estadísticos, como los que usó Graunt. Uno de esos trabajos fue el de William Hamer, quien estaba interesado en la recurrencia regular de las epidemias de sarampión (Hamer *et al.*, 1906). Otro trabajo importante fue el desarrollado por Ronald Ross, quien demostró que la malaria es transmitida por mosquitos (Ross, 1910). Ross (1911) formuló un modelo matemático determinístico en el que tomó en cuenta algunos parámetros que intervienen en la transmisión del paludismo. En su modelo, se puede determinar el futuro de la enfermedad a partir del número inicial de susceptibles e infecciosos, así como de las tasas de propagación, recuperación, nacimiento y muerte de la población involucrada.

Las observaciones de epidemias de enfermedades infecciosas llevaron a los epidemiólogos a la conclusión de que éstas presentan algunas características regulares (patrones) y que debe haber algunos principios definidos que determinen la evolución de los procesos infecciosos. Por lo tanto, se han realizado esfuerzos para expresar en términos cuantitativos precisos los cambios relacionados con el tiempo en la dinámica de las infecciones y para formular una teoría matemática de las epidemias. Uno de los principios generales del mecanismo de las epidemias fue establecido en 1927 por Kermack y McKendrick, quienes publicaron un artículo clásico (Kermack y McKendrick, 1927) en el que presentan una *condición de umbral* para la propagación de una enfermedad, y proporcionaron una forma para predecir el tamaño final de una epidemia. Kermack y McKendrick (1927) establecieron que la introducción de un individuo infeccioso a una población no dará lugar a un brote epidémico a menos que la densidad de susceptibles sobrepase cierto umbral. En su trabajo,

supusieron que la población es homogénea. Se ha hecho mucho desde que se publicó su artículo por investigar el efecto de eliminar esta suposición poco realista, pues como es bien sabido, el padecimiento de enfermedades crónicas y la edad de los individuos de una población son factores que pueden influir en el nivel de gravedad de la enfermedad infecciosa adquirida por tales individuos, como ocurre con la COVID-19, por lo que una población no puede suponerse homogénea. Por supuesto, en enfermedades actuales y complejas, como la propia COVID-19 y muchas otras, la teoría del umbral de Kermack y McKendrick se sigue aplicando, pero tiene sus limitaciones si las poblaciones no son homogéneas.

ASPECTOS A TOMARSE EN CUENTA EN EL MODELADO DE EPIDEMIAS Y DEFINICIONES DE ALGUNOS TÉRMINOS USADOS EN MODELOS EPIDEMIOLÓGICOS

En el modelado sobre epidemias, en general, se requiere hacer supuestos sobre la población afectada, y la forma en la que se propaga la enfermedad.

Con respecto a la población afectada, se modela:

1. La dinámica de la población: si la población es *cerrada*, de modo que la inmigración, la emigración, el nacimiento y la muerte no relacionada con la enfermedad puedan despreciarse, o *abierta*, en caso contrario.
2. La estructura del estatus de la enfermedad en la población. Una clasificación mutuamente excluyente y exhaustiva de los individuos según su estado de enfermedad. En este sentido, los individuos de la población pueden pertenecer a una de las siguientes clases:

Susceptible. A esta clase pertenecen todas las personas que no están vacunadas, y que pueden enfermar. Si hay reinfección en individuos que ya se habían recuperado de la enfermedad, entonces dichos individuos vuelven a ser susceptibles, como ocurre en la COVID-19.

Latente o expuesto. Infectado por la enfermedad, pero todavía no contagioso. El periodo latente es el periodo de tiempo entre la infección y el inicio de la infecciosidad.

Infeccioso o contagioso. Un individuo puede volverse infeccioso (infectado) antes de que aparezcan los síntomas. El periodo antes de que aparezcan los síntomas es el *periodo de incubación*.

Recuperado o removido. Ya no es infeccioso, ya sea por inmunidad adquirida, aislamiento o muerte. En el caso de COVID-19, un individuo recuperado puede volver a ser susceptible y volver a infectarse.

Portador. En algunas enfermedades, puede haber personas que permanezcan infecciosas durante largos periodos, tal vez de por vida, pero que no muestren ningún síntoma de la enfermedad. Tales portadores pueden ser importantes para el progreso de la enfermedad.

3. Además, en ocasiones, se modela otra estructura de la población, como la edad, el sexo, o el padecimiento de enfermedades crónicas.

Con respecto a la forma en la que se propaga la enfermedad según el medio de transmisión, las enfermedades infecciosas se pueden clasificar de la siguiente manera:

1. Enfermedades de transmisión de persona a persona.
2. Enfermedades de transmisión aérea, en las cuales la transmisión ocurre por inhalación de aire infectado. Incluyen la influenza, la viruela, el sarampión, la varicela, la tuberculosis y la COVID-19, por mencionar algunas. En particular, el SARS-COV-2 y los virus de la influenza se propagan predominantemente por vía respiratoria por medio de gotitas grandes, pero también con un componente significativo de transmisión a través de aerosoles más pequeños.
3. Enfermedades transmitidas por los alimentos y el agua. Se transmiten mediante la ingestión de agua o alimentos contaminados. El cólera es una enfermedad transmitida por el agua y la salmonella es una enfermedad transmitida por los alimentos.

4. Enfermedades transmitidas por vectores. La infección es transmitida por un vector, generalmente un artrópodo, como un mosquito o una garrapata, o un molusco, como un caracol. Algunos ejemplos de enfermedades transmitidas por vectores son la malaria y el dengue.
5. La transmisión vertical. Ésta ocurre cuando una enfermedad se transmite a través de la placenta de una madre a un hijo antes o durante el nacimiento. Ejemplos de tales enfermedades son el VIH, la hepatitis B, la sífilis, la rubéola y el virus del herpes simple.

Finalmente, para fines de modelado, en general se distinguen cuatro tipos de transmisión:

1. Transmisión directa, cuando el patógeno causante se transmite de una persona a otra.
2. Transmitida por vectores, cuando el agente causal se transmite de un vector a un ser humano.
3. Transmisión ambiental, cuando un humano se infecta a través del contacto con un patógeno presente en el medio ambiente.
4. Transmisión vertical, cuando el patógeno se transmite de madre a hijo al nacer.

Las enfermedades transmitidas de persona a persona y las transmitidas por el aire generalmente se modelan como de transmisión directa. Un contacto es la relación entre individuos que permite la transmisión de la infección, lo que constituye un contacto suficiente para la exitosa transmisión que depende de la enfermedad específica. Las enfermedades propagadas por el aire, que se modelan como de transmisión directa, requieren un cierto grado de proximidad física sin necesidad de tocar, como ocurre con la COVID-19.

EL TRAYECTO DESDE LA CONSTRUCCIÓN DE UN MODELO HASTA SU APLICACIÓN EN UNA SITUACIÓN REAL

En realidad, es un gran logro pasar de la construcción de un modelo epidemiológico a su aplicación en una situación concreta relevante para la salud pública. No se puede imitar el proceso natural de una enfermedad infecciosa sin conocerlo. Para construir el modelo, se necesitan datos precisos sobre mediciones cuantitativas de varios factores y parámetros, como el periodo de incubación, la duración de la infectividad y la enfermedad, la duración de los estados de portador, y el grado y la duración de la inmunidad. La mayor parte del conocimiento actual sobre la historia natural de las enfermedades infecciosas se ha heredado del pasado, de otras epidemias.

Cuando se dispone de información sólida sobre la historia natural de una enfermedad es fundamental proceder a la identificación de cada factor epidemiológico y la determinación de su importancia relativa. Si se considera que cierto factor juega un papel importante en la dinámica de la infección, entonces se debe hacer una determinación cuantitativa precisa de este factor. La selección de factores importantes a veces es difícil y en algunos casos se pueden necesitar simulaciones preliminares del modelo para revelar su importancia real, si la hay. Por otro lado, sería erróneo incluir todos los factores posibles, ya que se complejizaría de manera innecesaria el modelo sin contribuir necesariamente a su utilidad. Además, es poco probable que en la práctica de la salud pública todos los datos relevantes sobre una multitud de factores estén disponibles o sean fáciles de recopilar.

La ausencia de información precisa y las grandes variaciones en algunos parámetros epidemiológicos hacen que la construcción de modelos epidemiológicos sea difícil, poco realista, o incluso podría ser imposible. De acuerdo con Cvjetanovic *et al.* (1978), la historia natural de la enfermedad debe ser bien conocida y la infección bien definida para permitir la construcción del modelo. Ellos establecen que el punto de partida es contar con información sobre la *incidencia* y la *prevalencia*. La *incidencia* es la tasa a la que ocurren las infecciones, y la *prevalencia* en una población es la fracción de individuos

infectados. Una de las dificultades para evaluar la incidencia de la enfermedad en la población es el hecho de que la mayoría de las enfermedades infecciosas no se registran en las estadísticas de salud de rutina. Además, por lo general, sólo una parte de la población infectada se reconoce clínicamente como enferma en la mayoría de las infecciones, lo que dificulta determinar la extensión real de la infección. Por supuesto, estos aspectos deben tenerse en cuenta en un modelo epidemiológico sólido.

Al definir la historia natural de la enfermedad y los parámetros sobre los cuales construir el modelo, es necesario examinar críticamente los datos disponibles y a veces corregir las ideas comúnmente aceptadas, pero erróneas, sobre el modo de transmisión y la frecuencia de la infección. Esto apunta a la necesidad de realizar una revisión profunda y crítica del conocimiento común sobre la biología y patogenia de la enfermedad antes de embarcarse en la construcción del modelo. Por ejemplo, en las etapas iniciales de la pandemia por COVID-19, se creía que uno de los principales modos de transmisión era por tocar superficies contaminadas por el virus y luego tocarse los ojos, la nariz o la boca sin haberse lavado las manos. Pero conforme se avanzó en el conocimiento sobre la transmisión del virus, se ha encontrado que es muy baja la probabilidad de contagiarse de esta manera. Así que, si en la construcción de un modelo epidemiológico para esta pandemia se deseara involucrar las formas diferentes de transmisión, se podría descartar la transmisión superficie-persona. Cabe señalar que actualmente se sigue discutiendo sobre las principales formas de transmisión del SARS-COV-2 (Centers for Disease Control and Prevention [CDCP], 2021; Greenhalgh *et al.*, 2021).

Cuando se trata de una enfermedad nueva, como la COVID-19, la situación epidemiológica puede cambiar de forma rápida con nuevas evidencias que surgen continuamente. En las etapas iniciales de la enfermedad, los responsables de la salud hacen recomendaciones a la población con base en la escasa información que se tiene sobre dicha enfermedad hasta ese momento y en los modelos básicos, o con base en enfermedades pasadas. Después, conforme se avanza en la adquisición de conocimiento derivado del propio desarrollo natural de la enfermedad, así como del derivado de la investiga-

ción científica sobre el virus y su afectación a las personas, se busca alguna vacuna (o medicamento) existente para combatirla o se desarrollan nuevas vacunas o medicamentos para que, si la enfermedad es grave, a corto plazo la cantidad de víctimas disminuya o a largo plazo la población pueda “convivir” con la enfermedad. Como resultado de la evidencia cambiante, los modelos para una epidemia se van mejorando, en el sentido de que van representando de manera más aproximada la realidad al utilizar el conocimiento disponible sobre la enfermedad. De acuerdo con Gog y Hollingsworth (2021), algunas expresiones analíticas y aproximaciones de modelos simples han desempeñado un papel fundamental en la comprensión de la epidemiología de las enfermedades infecciosas.

Durante la actual pandemia de COVID-19, si bien ha habido una proliferación de modelos cada vez más complejos, los modelos más básicos han proporcionado el marco central para razonar y tomar decisiones políticas. Por ejemplo, usando modelos simples, que no necesariamente están representando la complejidad de la enfermedad, se puede determinar el impacto de las intervenciones no farmacéuticas (NPI, por sus siglas en inglés) para reducir la transmisión (como el distanciamiento social) y controlar la epidemia emergente, así como lo que sucedería si se aplicara un control insuficiente. Si bien éstos son resultados simples de los modelos epidémicos más básicos, brindan puntos de referencia valiosos para la comparación con los resultados de enfoques de modelado más complejos que surgirán conforme se cuente con más información de la enfermedad. En cuanto a las proyecciones, estos modelos básicos rara vez son apropiados para proyecciones precisas. Sin embargo, pueden brindar puntos de referencia contra los cuales se pueden evaluar los resultados de modelos más complejos: cuando las proyecciones de ambos modelos son muy similares tanto cualitativa como cuantitativamente, da confianza de que los resultados compartidos son sólidos, y cuando difieren, pueden estar resaltando algunos elementos de los modelos más complejos que tienen un efecto importante en el contexto considerado. En resumen, los modelos simples continúan brindando información valiosa y se pueden usar junto con modelos más complejos que se pueden formular conforme avanza el conocimiento

sobre la enfermedad. Gog y Hollingsworth (2021) recomiendan un enfoque anidado: una serie de modelos y resultados que van desde el paso a paso complejo y simplificador hasta un modelo totalmente manejable. Advierten que sería poco probable que tal enfoque sea práctico bajo la presión del tiempo, pero defienden un enfoque pragmático de al menos tener el modelo más simple como punto de referencia para comparar y contrastar.

MODELOS EPIDEMIOLÓGICOS SIMPLES

Se han desarrollado diferentes enfoques de modelado para identificar los factores importantes que influyen en la transmisión de enfermedades dentro de las poblaciones de individuos que interactúan. Los más populares son los *modelos de compartimentos* y los *modelos de redes*. Se dará una descripción de los modelos de compartimentos, que en general son los más utilizados en las etapas iniciales del modelado de una epidemia. Antes de abordarlos, necesitamos conocer una clasificación de los modelos matemáticos en general, pero de interés para los modelos sobre epidemias, que tiene que ver con el tipo de variables y con la aleatoriedad en la tasa de infección y de recuperación de la enfermedad. En cuanto al tipo de variables, los modelos matemáticos pueden ser *discretos* o *continuos*. Evidentemente, los modelos continuos operan con variables continuas, mientras que los modelos discretos operan con variables discretas. Si la variable cambia en pasos discretos (por ejemplo, número de personas, número de animales, número de horas, número de días, etc.), entonces es discreta; y si cambia a lo largo de un intervalo de valores continuos (por ejemplo, el tiempo, el peso de una persona o animal, etc.), entonces la variable es continua. La variable tiempo es una de las que puede variar de las dos formas, dependiendo de si toma valores enteros (número de minutos, días, meses o años), o cualquier valor en un intervalo de números reales.

En los modelos epidemiológicos principalmente interesan los *cambios instantáneos* de las variables involucradas y, por tanto, son modelos continuos, pero existen de los dos. En cuanto a la aleatoriedad, los modelos matemáticos

pueden ser *deterministas* o *estocásticos*. Los deterministas describen qué pasa “en promedio” en una población. En los modelos epidemiológicos deterministas, los parámetros de entrada (por ejemplo, la tasa de aparición de la enfermedad o la tasa de recuperación de las personas) son fijos y, por lo tanto, las predicciones del modelo, como el número de casos que se verán a lo largo del tiempo, están predeterminadas. Los modelos estocásticos, por otro lado, permiten que la cantidad de individuos que pasan de un estado a otro (infeccioso, infectado, recuperado, etc.) se mueven al azar; por ejemplo, la tasa a la que las personas se infectan o a la que los individuos infecciosos se recuperan de la enfermedad puede variar aleatoriamente. Por lo tanto, el modelo puede proporcionar un rango dentro del cual ocurrirá un resultado.

Modelos de red

En los modelos de red, los nodos de la red representan individuos y las aristas (o arcos entre nodos) capturan las interacciones o contactos entre individuos. Aunque el espacio no está explícitamente modelado, la capacidad de restringir las interacciones presentes entre individuos permite la descripción efectiva de la conectividad heterogénea observada en el mundo real. Un modelo de red es uno en el que se modela explícitamente la red de contactos entre individuos. Por ejemplo, el individuo *X* forma una pareja sexual con el individuo *Y*, que tiene una pareja con el individuo *Z*, etc. El riesgo de infección para un individuo en un modelo de red depende de la persona con la que está conectado. Los modelos de red se han utilizado ampliamente para describir la propagación de enfermedades de transmisión sexual.

La gran mayoría de los modelos epidémicos basados en redes investigan la transmisión utilizando redes estáticas, en las que la estructura se fija en el tiempo. Al hacerlo, se ignora el hecho de que en casi todos los sistemas del mundo real la conectividad entre los individuos varía con el tiempo.

Modelos de compartimentos

Muchos de los primeros intentos de proporcionar una descripción cuantitativa de los procesos de propagación de enfermedades implican el uso de modelos de compartimentos. Éstos emplean ecuaciones matemáticas deterministas o estocásticas para describir la transmisión de una enfermedad contagiosa a través de una población que está dividida en compartimentos. Estos compartimentos reflejan el estado clínico de un individuo; por ejemplo, susceptible, expuesto, infectado o recuperado. Los modelos por compartimentos deterministas siguen siendo muy populares hoy en día porque su formulación matemática precisa puede permitir la derivación de soluciones analíticas exactas. Sin embargo, con frecuencia se hacen muchas suposiciones simplificadas para garantizar una solución manejable.

Estructura de los modelos de compartimentos

Es de interés, por su simplicidad, formular las descripciones de la transmisión de enfermedades como modelos compartimentales, con la población bajo estudio dividida en compartimentos y con supuestos sobre la naturaleza de la enfermedad (tomando en cuenta el tiempo de transferencia de la enfermedad de un compartimento a otro) y sobre el periodo de tiempo para el cual se harán las predicciones de las variables involucradas en el modelo. En los modelos compartimentales, las principales consideraciones al describir la estructura de un modelo de epidemias son (Vynnycky y White, 2010: 15):

1. La historia natural de la enfermedad.
2. La precisión y el periodo de tiempo durante el cual se requieren las predicciones del modelo.

Consideración 1: la historia natural de la infección

Un modelo epidemiológico debe reflejar la historia natural de la enfermedad y los procesos epidémicos relevantes. Estos procesos han sido descritos con mayor o menor precisión en observaciones y estudios publicados, y estas descripciones pueden servir como base para la construcción de los modelos.

La historia natural de las enfermedades infecciosas muestra que existen varios estados epidemiológicos, como la susceptibilidad, la resistencia, la incubación, la enfermedad y la infectividad. En consecuencia, para efectos del modelo, es conveniente dividir la población en categorías de individuos que pertenecen a estados epidemiológicos específicos y que se consideran clases epidemiológicas (como conjuntos ajenos y sin intersecciones). En el curso de los procesos infecciosos, los individuos cambian sus respectivos estados y clases epidemiológicos en una secuencia bien definida. Un individuo susceptible, después de ser infectado, entra primero en la clase de personas en incubación; después de que termina el periodo de incubación, pasa a la clase de personas enfermas (infecciosas o no infecciosas); y luego a la clase de portadores (cuando existe un estado de portador) o a la recuperación o muerte. Hay clases adicionales en algunas enfermedades, como la de individuos resistentes, ya sea artificial o naturalmente. Se distinguen claramente las clases y posibles subclases, así como la dirección del flujo de individuos de una a otra. Es conveniente dibujar un diagrama de flujo, llamado *diagrama de compartimentos* para visualizar las distintas clases epidemiológicas y los movimientos entre ellas. Dicho sistema puede no ser del todo cerrado, ya que está sujeto a la dinámica demográfica, por ejemplo, la entrada del recién nacido en él, la salida del difunto y el efecto de posibles migraciones. La Figura 1 muestra algunas de las estructuras por compartimentos de los modelos epidemiológicos más comunes y menos complejos en una población cerrada (Vynnycky y White, 2010: 16).

Existen enfermedades infecciosas en las que un individuo susceptible pasa a ser infeccioso y se queda en ese estado. En este caso, la población se puede dividir en dos compartimentos: susceptibles e infecciosos. La estructura

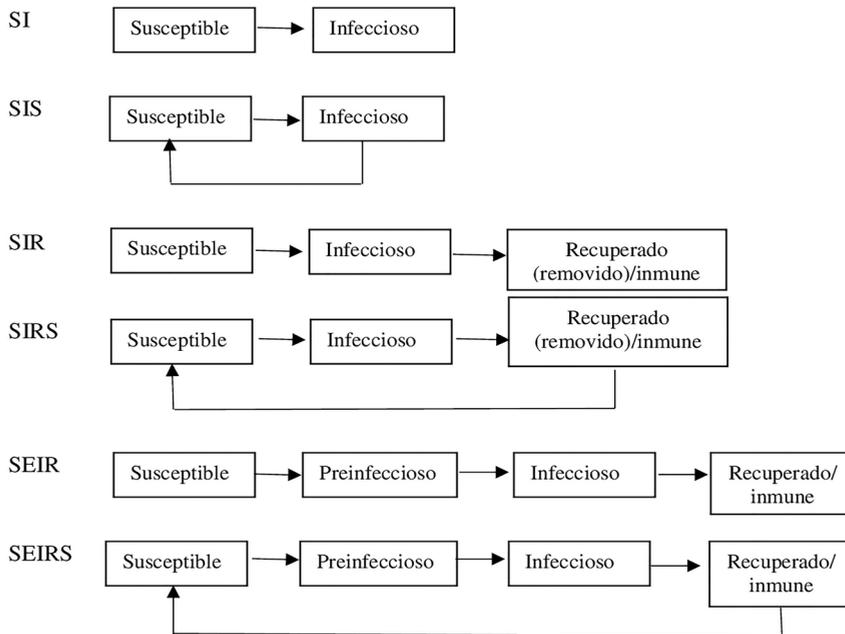


Figura. 1. Representación con diagramas de bloques de los modelos simples de transmisión de enfermedades.

del modelo *Susceptible-Infecioso* (SI) es la forma más sencilla de describir la historia natural del VIH, ya que una vez infectados, los individuos VIH positivos permanecen infectados e infecciosos de por vida. La estructura del modelo *Susceptible-Infecioso-Susceptible* (SIS) se usa con frecuencia para infecciones de transmisión sexual curables, como la gonorrea, en las cuales las personas infectadas son infecciosas hasta que son tratadas o se recuperan.

Para las infecciones inmunizantes, es decir, aquellas en las que los individuos son inmunes a una infección adicional después de haber sido infectados, las estructuras de los modelos *Susceptibles-Preinfecciosos-Infeciosos-Recuperados* (SEIR) o *Susceptibles-Infeciosos-Recuperados* (SIR) son las apropiadas, en las que la categoría preinfecciosa refleja a las personas que han sido infectadas pero que aún no son infecciosas. La clase recuperada en los modelos SIR o SEIR

también se conoce a veces como la clase “removida”, ya que aquellos que son inmunes ya no contribuyen al proceso de infección.

Existen enfermedades en las que hay individuos en la clase R que pueden contraer nuevamente la enfermedad y entonces vuelven a la clase S, como ocurre en la epidemia por COVID-19. En ese caso, un modelo adecuado es uno de la forma SIRS (véase Figura 1) o SEIRS. Las estructuras de los modelos *Susceptible-Preinfectioso-Infectioso-Recuperado-Susceptible* (SEIRS) o *Susceptible-Infectioso-Recuperado-Susceptible* (SIRS) se han utilizado para la tosferina y la influenza estacional, para explorar los cambios en la inmunidad de los individuos a la infección. Los cambios de inmunidad pueden ocurrir debido a cambios en las cepas que circulan en la población o a la disminución de la inmunidad de cada individuo.

Para el diseño de políticas más acordes a una epidemia específica, serían apropiados modelos más elaborados para dar estimaciones cuantitativas más precisas. Quizás la extensión necesaria más inmediata a un modelo, por ejemplo del tipo SIR clásico, para la COVID-19, es la heterogeneidad de la población, tanto en términos de contactos y patrones de mezcla (edad, geografía, estatus social) como de susceptibilidad biológica e infectiosidad, además de muchas otras consideraciones, como la vulnerabilidad a la enfermedad por comorbilidad. Incluso se podría llegar al caso en el que se deba explorar el impacto de las intervenciones relacionadas con la edad (tal como la vacunación de niños o ancianos) y requerir que cada una de las clases del modelo deba estratificarse por edad.

Consideración 2: la precisión y el periodo de tiempo cubierto por las predicciones del modelo

La estructura del modelo también depende de qué tan precisas deben ser sus predicciones. Por ejemplo, es probable que las estimaciones del número diario de casos de COVID-19 basadas en un modelo SIR sean menos confiables que las de un modelo SEIR, ya que el modelo SIR no toma en cuenta el lapso de tiempo entre la infección y el inicio de la infectiosidad. Por lo

tanto, manteniendo todo lo demás igual, se esperaría que un modelo prediga que la COVID-19 se propagaría más rápidamente si se usara una estructura de modelo SIR en lugar de una estructura de modelo SEIR. Por otro lado, dado que en general cada individuo infectado eventualmente se vuelve inmune, los modelos SEIR y SIR deben producir estimaciones idénticas del número total de casos que probablemente se verán al final de una epidemia. Estas estructuras de modelos dejarían sin considerar a los individuos que se vuelven a contagiar por el SARS-COV-2.

Por otro lado, para describir la transmisión a largo plazo de una infección es posible que un modelo deba incorporar aspectos clave de la demografía de la población que se modela (nacimientos, muertes y migración) y posiblemente la variación estacional en los patrones de contacto (por ejemplo, como resultado de cambios en asistencia escolar debido a periodos escolares y vacaciones). Por ejemplo, el número de individuos susceptibles cambia sustancialmente en una población durante un año debido a los nacimientos y muertes, pero cambia poco durante un mes. En consecuencia, podemos encontrar que para hacer predicciones de la propagación de COVID-19 en un periodo corto (por ejemplo, unos meses) se puede ignorar con seguridad los nacimientos y las muertes, pero que las predicciones que abarcan un periodo de varios años son muy sensibles a las suposiciones sobre nacimientos y muertes.

Por último, otra consideración es que las cepas cambian con las enfermedades antigénicas y, por lo tanto, la inmunidad de la población a las cepas circulantes también cambia con el tiempo. Para el caso de la COVID-19, un modelo SEIR o SIR podría ser apropiado para describir la transmisión después de la aparición de una nueva cepa del coronavirus en una población durante un periodo de cierto número de años, y se necesitaría un modelo SEIRS para hacer predicciones durante un periodo de más años.

UN EJEMPLO DE MODELO EPIDEMIOLÓGICO SIMPLE: EL MODELO SIR

Es imposible hablar de modelos epidemiológicos sin incluir ecuaciones matemáticas. Las herramientas matemáticas que se requieren para entender los modelos epidemiológicos simples son cálculo diferencial e integral, y ecuaciones diferenciales ordinarias. Ya no es un problema si no contamos con los conocimientos básicos de estas herramientas, gracias a las facilidades que hoy en día tenemos para acceder a cursos en línea.

Desde el punto de vista matemático, los modelos de epidemias en general son sistemas dinámicos. Un *sistema dinámico* es cualquiera cuyo estado, representado por algún conjunto de variables cuantitativas, cambia con el tiempo con reglas o ecuaciones dadas. Los sistemas dinámicos pueden involucrar las variaciones de la variable tiempo de manera continua o discreta, y entonces se llaman sistemas dinámicos continuos o discretos, respectivamente. También se pueden clasificar en deterministas o estocásticos, como se mencionó anteriormente. Los modelos epidémicos más simples son deterministas porque las ecuaciones involucradas determinan exactamente los valores de todas las variables para todos los tiempos y no hay ningún elemento aleatorio o externo que afecte la evolución cuyo valor no se conozca de antemano.

La teoría de sistemas dinámicos es una rama bien desarrollada de las matemáticas y la física. Un ejemplo simple de un sistema dinámico continuo es uno descrito por una única variable real x que evoluciona de acuerdo con la siguiente ecuación diferencial de primer orden:

$$\frac{dx}{dt} = f(x)$$

donde $f(x)$ es alguna función de x . Por lo general, también se da una *condición inicial* que especifica el valor x_0 tomado por x en algún momento inicial t_0 .

Con fines ilustrativos, se desarrolla el modelo epidemiológico más simple, el modelo SIR, en el que la población involucra a las tres clases que están presentes en la mayoría de las epidemias: susceptibles (S), infectados o infecciosos (I), o recuperados o removidos por muerte (R). El número de individuos en cada clase cambia con el tiempo, es decir, S , I y R son funciones del tiempo, lo cual matemáticamente se denota por $S(t)$, $I(t)$ y $R(t)$, respectivamente. Puesto que la población es cerrada, en cualquier tiempo t tenemos que la suma de las tres clases es igual a la población total: $S(t) + I(t) + R(t) = N$.

En este modelo se hacen dos suposiciones: que los individuos infectados son también infecciosos y que el tamaño de la población permanece constante. Veamos cómo cambian las clases S , I y R con el tiempo: cuando un individuo susceptible entra en contacto con un individuo infeccioso, el individuo susceptible se infecta y pasa de la clase susceptible a la clase infectada. Por tanto, la población susceptible disminuye en una unidad de tiempo por todos los individuos que se infectan en ese tiempo. Al mismo tiempo, la clase de infecciosos aumenta en el mismo número de individuos recién infectados.

Sea β la tasa *per cápita* infecciosa de contactos que conducen a nuevos infecciosos. Surgen nuevos casos de la enfermedad cuando un individuo infectado entra en contacto con un individuo susceptible. Una representación de esta tasa de nuevas infecciones es el producto βIS , llamado *formulación de acción de masas de transmisión*. Lo que nos dice esta formulación es que la tasa a la cual se propaga la enfermedad es proporcional al número de individuos susceptibles por el número de individuos infecciosos. Cabe señalar que el nombre de *acción de masas de transmisión* es tomado en alusión a un principio fisicoquímico llamado *ley de acción de masas*, en el que la tasa de una reacción es una función del producto de las concentraciones de los reactivos que intervienen en un sistema homogéneo. Aplicado a los procesos poblacionales, si los individuos de una población se mezclan de manera homogénea, la tasa de interacción entre dos subconjuntos diferentes de la población es proporcional al producto de los números en cada uno de los subconjuntos en cuestión. En cualquier población es posible que ocurran varios procesos simultáneamente, en cuyo caso se supone que los efectos sobre los números en cualquier

subconjunto dado de la población de estos diversos procesos son aditivos. Así, en el caso del modelado de epidemias, la *ley de acción de masas* se aplica a las tasas de transición de los individuos entre dos categorías de la población que interactúan, como los susceptibles que, como resultado del contacto con los infecciosos, se convierten ellos mismos en infecciosos.

En otras palabras, por la *formulación de acción de masas de transmisión*, la transmisión de la enfermedad es proporcional a los encuentros entre los individuos de las dos subpoblaciones (susceptibles e infecciosos), los cuales son proporcionales al producto de sus tamaños. Los individuos susceptibles que se infectan pasan a la clase I , por tanto, el término βIS debe formar parte de la dinámica de la clase I . Entonces tenemos que las dinámicas para S e I son, respectivamente:

$$\frac{dS}{dt} = -\beta I(t)S(t), \quad \frac{dI}{dt} = \beta I(t)S(t) \quad (1)$$

a βI se le llama *fuerza de infección*, un concepto epidemiológico importante.

En las dinámicas de (1) falta considerar a la clase R (individuos recuperados o removidos). Los individuos que se recuperan o mueren abandonan la clase I con una tasa *per cápita* constante por unidad de tiempo ν , a la cual llamamos *tasa de recuperación*. Por tanto, νI es el número de individuos infectados por unidad de tiempo que se recuperó, y que pasará a la clase R . Entonces, tenemos:

$$dI/dt = \beta IS - \nu I \quad \text{y} \quad dR/dt = \nu I.$$

Por tanto, la dinámica de la enfermedad en el modelo SIR simple está dada por las siguientes tres ecuaciones diferenciales:

$$\begin{aligned} dS/dt &= -\beta IS \\ dI/dt &= \beta IS - \nu I \\ dR/dt &= \nu I. \end{aligned} \quad (2)$$

Para que este sistema esté matemáticamente bien definido, está equipado con las condiciones iniciales dadas: $S(0) = S_0$, $I(0) = I_0$, y $R(0) = R_0$. Esto no es más que establecer el valor de cada una de las variables (S , I y R) al tiempo inicial $t = 0$.

La enfermedad SIR se puede representar mediante un diagrama simple como sigue:



Pensemos en introducir una pequeña cantidad de infecciosos en una población de susceptibles y preguntemos si habrá una epidemia. Observamos que el modelo tiene sentido solo mientras $S(t)$ e $I(t)$ permanezcan no negativos. Por tanto, si $S(t)$ o $I(t)$ llegan a cero, consideramos que el sistema ha terminado.

Cuando formulamos un modelo, debemos preocuparnos por las unidades de las cantidades involucradas. Las unidades también son útiles cuando estimamos parámetros a partir de datos. Las unidades de ambos lados de las ecuaciones en (2) deben ser las mismas. Todas las derivadas dS/dt , dI/dt y dR/dt tienen unidades de número de personas por unidad de tiempo. Por lo tanto, cada término del lado derecho del sistema (2) debe tener las mismas unidades. En la primera ecuación en (2) vemos que, dado que I y S tienen unidades de número de personas, las unidades de β deben ser $1/[\text{número de personas} \times \text{unidad de tiempo}]$. De manera similar, a partir de la segunda ecuación del sistema (2), vemos que las unidades de ν son $1/\text{unidad de tiempo}$, por lo que el término νI tiene unidades número de personas/unidad de tiempo.

En términos generales, un modelo de ecuaciones diferenciales, como el modelo (2), está *bien planteado* si en de cada punto (*condición inicial*) existe una solución única. Los modelos de ecuaciones diferenciales deben estar bien planteados para que sean aceptables matemáticamente y significativos biológicamente. Debido a que las variables dependientes en el modelo denotan cantida-

des físicas, para la mayoría de los modelos en biología y epidemiología también requerimos que las soluciones que parten de condiciones iniciales positivas (no negativas) permanezcan positivas (no negativas) durante todo el tiempo.

Denotamos por N el tamaño de la población total en el momento cero $N = S(0) + I(0) + R(0)$. Sumando las tres ecuaciones en el sistema (2), obtenemos $dN(t)/dt = dS(t)/dt + dI(t)/dt + dR(t)/dt = 0$. Por lo tanto, $N(t)$ es constante e igual a su valor inicial, $N(t) = N$.

Comportamiento de la epidemia a largo plazo

En los modelos de epidemias interesa mucho saber a qué valores tiende la población de susceptibles, infectados, y recuperados o removidos. Esto es con el fin de poder contestar preguntas como: “¿qué pasará a *largo plazo* con las poblaciones S , I , y R ?”. Matemáticamente, esta pregunta equivale a analizar el límite de la variable correspondiente (S , I , o R) cuando el *tiempo tiende a infinito*, lo cual se denota por

$$\lim_{t \rightarrow \infty} S(t), \quad \lim_{t \rightarrow \infty} I(t) \quad \text{o} \quad \lim_{t \rightarrow \infty} R(t), \quad \text{respectivamente.}$$

Aquí $t \rightarrow \infty$ se lee “ t tiende a infinito”.

El modelo de epidemias (2) que describimos arriba tiene una dinámica muy distintiva. Puesto que $-\beta IS < 0$, entonces $dS/dt < 0$ para toda t , lo que significa que el número de individuos susceptibles siempre está disminuyendo, independientemente de la condición inicial $S(0) = S_0$. Es decir, $S(t) \leq S_0$ para toda t . Dado que $S(t)$ es monótona y positiva, tenemos que, a largo plazo, la población susceptible está dada por

$$\lim_{t \rightarrow \infty} S(t) = S_{\infty},$$

donde S_∞ denota la población susceptible a largo plazo, y su valor es llamado *tamaño final de la epidemia*. El valor de S_∞ es importante porque nos va a indicar si a largo plazo la población de susceptibles desaparece o se mantiene en un valor. En el primer caso, indicaría que ya no hay población por infectarse, y en el segundo caso indicaría que siempre habrá individuos susceptibles, y que si la epidemia se acaba no es porque ya no hubo susceptibles, sino por otra razón.

El número de individuos removidos (o recuperados o fallecidos) también tiene un comportamiento monótono, independientemente de las condiciones iniciales. Puesto que $\nu I > 0$, entonces $dR/dt > 0$ para toda t , lo que significa que el número de individuos recuperados R es siempre creciente. Dado que el número de recuperados es monótono y acotado por N , tenemos que la población recuperada R a largo plazo está dada por

$$\lim_{t \rightarrow \infty} R(t) = R_\infty,$$

donde R_∞ denota la población R a largo plazo.

Siguiendo los pasos algebraicos lógicamente válidos, se llega a que a largo plazo S e I son:

$$S_\infty > 0 \text{ e } I_\infty = 0.$$

Podemos concluir que de las propiedades matemáticas del modelo SIR se deduce que la epidemia desaparece por falta de infecciosos y no por falta de susceptibles, pues encontramos que a largo plazo $S_\infty > 0$ e $I_\infty = 0$.

Por otro lado, el número de individuos infectados $I(t)$ puede: *i*) estar decreciendo monótonamente a cero (no hay epidemia); o puede *ii*) tener un comportamiento no monótono al aumentar primero a un nivel máximo y luego disminuir a cero (hay epidemia).

Veamos cuándo ocurre (*i*) y cuándo ocurre (*ii*). Observemos que $dI/dt > 0$, o equivalentemente que $dI/dt = \beta IS - \nu I = (\beta S(t) - \nu)I(t) > 0$ si, y sólo si, $\beta S(t) - \nu > 0$ (es decir, si y sólo si, $S(t) > \nu/\beta$), puesto que $I(t) > 0$. Por lo

tanto, I aumenta mientras $S > \nu/\beta$, pero como S va disminuyendo para todo t , I finalmente disminuye y se aproxima a cero. Es de interés la siguiente pregunta: dados los parámetros β y ν , y conociendo el número inicial de susceptibles S_0 e infecciosos I_0 , “¿cuándo se propagará la infección en la población?”. Esta pregunta se puede responder evaluando el análisis hecho en el tiempo $t = 0$. Supongamos que $I_0 > 0$. Si $S_0 < \nu/\beta$, entonces I disminuye a cero (y no hay epidemia), mientras que si $S_0 > \nu/\beta$, entonces I aumenta primero a un máximo alcanzado cuando $dI/dt = 0$ (es decir, cuando $S = \nu/\beta$) y luego disminuye a cero. En este caso, hay epidemia.

La cantidad $\beta S_0/\nu$ es el número de nuevas infecciones causadas por un individuo infectado que ingresa a una población de individuos susceptibles, y es llamado *factor de reproducción básica* de la enfermedad. Generalmente se denota por R_0 :

$$R_0 = \beta S_0/\nu.$$

Epidemiológicamente, la tasa de reproducción básica da el número de infecciones secundarias causadas por un solo infeccioso introducido en una población totalmente susceptible de tamaño $N \approx S_0$ durante el curso de la infección de este único infeccioso. En la expresión $\beta S_0/\nu$, se puede tener N en lugar de S_0 , esto es, $\beta N/\nu$, por la siguiente razón: en algunas ocasiones una epidemia es iniciada por un miembro de la población en estudio, por ejemplo, al regresar de un viaje con una infección adquirida fuera de casa. En este caso tendríamos $I_0 > 0$ y $S_0 + I_0 = N$. En otras ocasiones una epidemia la inicia un visitante de fuera de la población. En este caso, tendríamos $S_0 = N$.

Forma alternativa de interpretar R_0

Para que el número de personas infecciosas aumente en un momento dado, el número de individuos que se vuelven infecciosos por unidad de tiempo ($\beta I S$) debe exceder el número de individuos infecciosos que dejan de ser infecciosos por unidad de tiempo (νI), es decir:

$$\beta I(t)S(t) > \nu I(t). \quad (3)$$

Si una persona infecciosa es introducida en una población totalmente susceptible, el número de individuos que son susceptibles a la infección al inicio es igual al tamaño de la población (es decir, $S(t) = N$). Sustituyendo $S(t) = N$ en la ecuación (3) se obtiene $\beta I(t)N > \nu I(t)$, o equivalentemente: $\beta N/\nu > 1$, es decir, $R_0 > 1$.

Entonces, $R_0 > 1$ es la condición para la propagación de la enfermedad. Si $R_0 < 1$, la enfermedad se extingue. En las etapas iniciales de la pandemia por COVID-19 se estimó un factor R_0 de aproximadamente 2.3, lo que indicó que habría una propagación de la enfermedad.

DESAFÍOS EN EL MODELADO DE LA PANDEMIA DE COVID-19

Para los modeladores, un buen modelo matemático debe reflejar los datos que utiliza y la realidad que se está modelando. En general, esto no ha sido así en la mayoría de los modelos que se han construido para la pandemia de COVID-19. En esta pandemia, la obtención de datos no precisos parece que está ocurriendo principalmente debido a las variaciones en los procedimientos para registrar casos, la incertidumbre en los síntomas de la enfermedad y el desconocimiento de su historia natural. Los altos costos de las pruebas para detectar la enfermedad también han restringido la recopilación precisa de los datos correspondientes.

Como en cualquier enfermedad infecciosa nueva, en la pandemia de COVID-19 los desafíos básicos a los que se enfrentan los modeladores matemáticos son, de acuerdo con Vishnu *et al.* (2021: 9), los siguientes:

- a. Evolución del patógeno. La COVID-19 también ha sufrido mutaciones, lo que interrumpe el diseño de modelos y cambia dinámicamente los parámetros. Se debe conocer la historia natural de la enfermedad. Hasta ahora, la pandemia de COVID-19 ha tenido múltiples olas, y posiblemente habrá más.

- b. Incertidumbres estadísticas. El impacto de la epidemia en una región en particular depende de factores desconocidos, como la inmunidad subyacente de la población en general. Dichos factores experimentan grandes variaciones temporales y espaciales. En relación con la disponibilidad de datos, el principal obstáculo al que se enfrentan actualmente los modeladores es la falta de datos coherentes, sin ruido y sin retrasos. Esto parece estar ocurriendo principalmente debido a las variaciones en los procedimientos para registrar casos y la incertidumbre de los síntomas de COVID-19. No existen técnicas estadísticas que extraigan parámetros que describan las propiedades y las características de transmisión de la enfermedad a partir de datos de observaciones incompletos y con ruido.
- c. Patrones de contacto. Leyes como *la acción de masas* se basan en la suposición de que los contactos infecciosos entre personas son puramente aleatorios por naturaleza. Sin embargo, si la interacción entre individuos no es aleatoria, resultaría en una saturación localizada de infección y estas leyes perderían su efectividad.
- d. Complejidad en la solución de modelos. La familia de modelos tipo SIR parece estar creciendo rápidamente con consideraciones y variables cada vez mayores, lo cual aumentará la complejidad de las ecuaciones diferenciales involucradas.

La pandemia de COVID-19 ha ejemplificado la importancia de desarrollar modelos no solamente enfocados en la dinámica de transmisión, a la predicción y contención de brotes, sino también enfocados en la logística de respuesta y a la formulación de políticas sobre medidas de intervención no farmacéuticas. Esto es, la pandemia ha dejado ver que se necesita una amplia variedad de *experiencias interdisciplinarias* para abordar los desafíos para modelar una pandemia, que combinen el conocimiento matemático con ideas biológicas y sociales e incluyan la economía de la salud y las capacidades de comunicación. Abordar estos desafíos en la actual pandemia de COVID-19 o

para el futuro requiere una fuerte colaboración interdisciplinaria junto con una estrecha comunicación entre científicos y responsables de la salud.

Desde el comienzo de la pandemia por SARS-COV-2, el modelado matemático ha jugado un papel clave en el apoyo a los responsables de la salud en sus decisiones sobre las medidas de control. Los responsables de la salud desean que los modeladores construyan modelos que proporcionen predicciones sobre el curso futuro de la pandemia, con evaluaciones de qué intervenciones deberían funcionar y con orientación sobre cómo interpretar el número de casos, hospitalizaciones y muertes (McBryde *et al.*, 2020). De acuerdo con Kretzschmar *et al.* (2022: 2), esto pone una gran responsabilidad en aquellos que desarrollan modelos matemáticos y analizan estrategias de intervención. Pero no se parte de cero, ya que afortunadamente se cuenta con las bases bien establecidas para el modelado de enfermedades infecciosas, propuestas por Kermack y McKendrick (1927) y también con los trabajos de varias generaciones posteriores de modeladores matemáticos. La teoría de la dinámica de enfermedades infecciosas descrita en términos de ecuaciones diferenciales se basa en la teoría de los sistemas dinámicos y ha llevado al desarrollo de conceptos clave, como el número de reproducción básica. Sin embargo, quedan desafíos para el modelado de enfermedades infecciosas, muchos de las cuales se hicieron claramente visibles durante la pandemia de COVID-19 y se discuten en detalle en el trabajo de Marion *et al.* (2022).

Kretzschmar *et al.* (2022) establecen que el desafío primordial, como en todo proceso de modelado, es encontrar modelos que sean suficientemente complejos como para reflejar los detalles del sistema, pero lo suficientemente simples como para no perderse en la jungla de los detalles. También dicen que se necesitan herramientas para describir exactamente las estructuras de interés de una manera genérica, es decir, que permitan sacar conclusiones que sean válidas para un amplio rango de valores de los parámetros.

En cuanto a la aplicación de las intervenciones de modelado para el apoyo a las políticas de salud, el principal desafío es la necesidad de definir claramente los objetivos y propósitos del modelo en conjunto con los responsables de las políticas de salud, quienes generalmente consultan a los modela-

dores matemáticos para evaluar cualquier estrategia de intervención que fuera necesaria introducir para minimizar el impacto de una epidemia. Es importante que los responsables de la salud definan los que consideran los objetivos principales de las intervenciones, o más técnicamente, la *función objetivo* que buscan minimizar. Para los patógenos humanos, el objetivo puede ser simplemente minimizar el número de personas que se enferman o mueren por la infección. El objetivo de una intervención, que también puede cambiar con el tiempo, frecuentemente puede afectar de manera crítica qué política de control se considera óptima. Además, puede haber la cuestión de la capacidad de “portabilidad” de las intervenciones: una intervención que funciona en un país no necesariamente es exitosa en otro lugar, por lo que los responsables políticos deben tener en cuenta las circunstancias específicas que son importantes en sus países, pero que tal vez no se pueden incluir en los modelos. Los modeladores y los responsables de la salud deben determinar en la interacción qué preguntas pueden y deben responderse mediante el modelado y cuáles son las limitaciones de los modelos.

Se debe analizar lo que significan los desafíos ya mencionados para varios aspectos del modelado matemático de las intervenciones; por ejemplo, para la recopilación y disponibilidad de datos, para los parámetros biológicos que afectan la efectividad de la intervención, para la estructura social que puede ser dirigida por intervenciones y para el impacto económico de las medidas de intervención.

ESTRATEGIAS DE ERRADICACIÓN Y CONTROL DE EPIDEMIAS Y SU RELACIÓN CON LOS MODELOS MATEMÁTICOS

En general, las medidas para la prevención y el control de las enfermedades infecciosas incluyen la vacunación, el tratamiento, la cuarentena, el aislamiento y la profilaxis.

La *profilaxis* es el conjunto de medidas que se toman para prevenir una enfermedad infecciosa específica. Éstas pueden ser tan simples como lavarse

las manos con agua y jabón, usar equipo de protección o tomar un medicamento para prevenir una enfermedad. El tratamiento es el uso de un agente, procedimiento o régimen, como un fármaco o reposo en cama, en un intento de curar o mitigar una enfermedad. Hoy en día, para la mayoría de las enfermedades infecciosas existen medicamentos que pueden curar o disminuir su impacto, al tiempo que mejoran la vida de los pacientes. Las enfermedades para las que los medicamentos pueden ofrecer una cura incluyen la malaria y la tuberculosis. Las enfermedades para las que los medicamentos ofrecen alivio, pero no cura, incluyen al sida.

La *vacunación* es el proceso mediante el cual los microorganismos muertos (inactivados) o debilitados se introducen en el cuerpo. Nuestro sistema inmunológico reconoce a los agentes de la vacuna como extraños, lo que desencadena una respuesta inmune y se desarrollan anticuerpos contra ellos. Como resultado, si los mismos tipos de microorganismos ingresan nuevamente al cuerpo, los anticuerpos los destruirán mucho más rápido. Por tanto, un individuo inmunizado está protegido contra la enfermedad. Si se vacuna a una gran mayoría de personas, es mucho más difícil que ocurra un brote de enfermedad, y mucho menos probable que se propague. Este efecto se llama *inmunidad de rebaño*. La vacunación es uno de los mayores logros de la salud pública. Ha llevado a la erradicación completa de la viruela en todo el mundo y casi a la erradicación casi total de la poliomielitis. Sin embargo, las vacunas no garantizan una protección completa contra una enfermedad; existe la posibilidad de que una persona vacunada contraiga la enfermedad, como es el caso de la COVID-19. Incluso si el huésped desarrolla anticuerpos, algunos patógenos pueden mutar (los virus del resfriado común y la gripe son muy eficientes en esto) y, en cualquier caso, es posible que el sistema inmunológico aún no pueda vencer la infección. El grado en el que las personas vacunadas están protegidas contra la enfermedad se denomina *eficacia de la vacuna*. El desarrollo de vacunas para una enfermedad nueva es uno de los principales retos de los investigadores del sector de la medicina. Para la actual pandemia de COVID-19 ya se han desarrollado varias vacunas, algunas de ellas muy eficaces. En general, estas vacunas son de tres tipos: vacunas de ARN mensajero

(Pfizer-BioNTech y Moderna), vacunas de vector viral (Janssen y AstraZeneca-Universidad de Oxford) y vacunas de subunidades proteicas (Novavax).

La cuarentena y el aislamiento son dos medidas mediante las cuales las personas expuestas o infecciosas son removidas de la población para evitar una mayor propagación de la infección. La cuarentena se aplica a individuos aparentemente sanos, pero potencialmente infectados, mientras que el aislamiento se aplica a individuos ya infectados. El aislamiento se ha utilizado para controlar muchas enfermedades peligrosas, mientras que la cuarentena se aplica con menos frecuencia y es uno de los primeros métodos de respuesta que se puede utilizar en una emergencia extrema. El factor de reproducción básico depende de las estrategias de control.

Hay dos puntos en los que los modelos de vacunación pueden diferir entre sí. El primero es que algunos modelos suponen que la vacunación es equivalente a pasar por la enfermedad y tratan a los individuos vacunados como individuos recuperados. Por lo tanto, un modelo SIR puede incluir individuos vacunados sin una clase adicional, es decir, manteniendo las tres clases (susceptibles, infecciosos y recuperados o removidos). Otros modelos suponen que los individuos vacunados deben separarse en una clase extra que corresponda a los vacunados. El segundo punto de distinción es que algunos tipos de modelos suponen que los individuos ingresan al sistema en un momento de su vida cuando se vacunan, o se saltan la vacunación y entran al sistema como susceptibles. Otros modelos permiten la vacunación continua de individuos mientras están en el sistema.

Relación de las estrategias de erradicación y control con los modelos matemáticos

Una de las razones para hacer modelos de enfermedades infecciosas es que nos permitan diseñar políticas dirigidas a erradicarlas o al menos controlarlas. Tales políticas de control podrían apuntar a reducir el factor R_0 , la razón reproductiva básica, por debajo de 1. En los modelos más simples (pobla-

ción cerrada), como el SIR, con un $R_0 > 1$, hay tres estrategias disponibles:

- Aumentar ν , la tasa de eliminación de infecciosos.
- Disminuir β , la tasa de contacto infeccioso por pares.
- Disminuir el valor efectivo de N , lo que debe interpretarse como una disminución de la población susceptible inicial.

Las letras ν , β , y N son las utilizadas en el modelo SIR, visto párrafos arriba.

En las etapas iniciales de la pandemia debida al SARS-COV-2, las medidas de control incluyeron el sacrificio de animales infectados (incrementa ν), desinfección y controles de movilidad para prevenir la propagación del virus (se reduce β), y el sacrificio de posibles contactos de los animales infectados (se reduce N). Como bien sabemos, la vacunación tiene como objetivo reducir el número de individuos susceptibles a infectarse con el virus. Una vez que se desarrollaron diversas vacunas contra el SARS-COV-2, en términos matemáticos, con la vacunación se incrementa el valor de ν .

Los elementos de protección personal, tales como el uso de mascarilla y lavado de manos, contribuyen a disminuir el valor de β . El distanciamiento físico también tiene como efecto reducir el valor de β .

COMENTARIOS FINALES

Al inicio de la pandemia de COVID-19 se contaba con un conocimiento mínimo sobre la propia enfermedad, y se tenía la necesidad de tomar decisiones de salud pública urgentes. Desde las etapas iniciales de esta pandemia, los modelos epidemiológicos, principalmente los basados en la teoría, han jugado un papel central: han sido una de las principales fuentes de información y una guía para la toma de decisiones políticas. En particular, los modelos epidemiológicos compartimentales ocuparon, y aún mantienen, una posición destacada. Estos modelos son útiles para predicciones generales sobre la propagación de una enfermedad, particularmente cuando la información empírica es escasa, y explican la dinámica de la propagación de la enfermedad desde una perspec-

tiva a nivel de población. Similarmente, en cuanto a la intervención, son útiles para desarrollar y probar intervenciones que conciernen a grandes subconjuntos de la población, o incluso a toda la población.

Los aspectos relevantes de la enfermedad no se han mantenido constantes durante la pandemia de COVID-19, sino que han cambiado con el tiempo. Cuando la pandemia estalló, los modelos epidemiológicos se centraron principalmente en las muertes esperadas en ausencia de intervención y el efecto potencial de las NPI (intervenciones no farmacéuticas) a nivel de población. Posteriormente, se destacó la importancia de considerar aspectos económicos, sociales, y hasta psicológicos por la pandemia. Por tanto, se requieren nuevos modelos epidemiológicos para hacer frente a los efectos tanto de la enfermedad como de las intervenciones de salud pública en estos aspectos. En cuanto a la disponibilidad de datos confiables, las primeras etapas de la pandemia de COVID-19 se caracterizaron por una incertidumbre, ya que se sabía muy poco sobre los mecanismos de transmisión del SARS-COV-2, los efectos de las NPI consideradas, y la respuesta social a las mismas. Posiblemente, hasta la fecha, hay preguntas que siguen sin respuesta; sin embargo, el conocimiento sobre los aspectos biológicos y sociales de la propagación de la enfermedad ha aumentado significativamente, lo que permite diseñar modelos mejor calibrados por el uso de más parámetros obtenidos de datos empíricos.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Bernoulli, Daniel, y Sally Blower (2004). “An attempt at new analysis of the mortality caused by smallpox and of the advantages of inoculation to prevent it”. *Reviews in Medical Virology* 14 (5): 275-288.
- Centers for Disease Control and Prevention [CDCP] (2021). Science Brief: SARS-COV-2 and Surface (Fomite) Transmission for Indoor Community Environments [en línea]. Disponible en <<https://www.cdc.gov/coronavirus/2019-ncov/more/science-and-research/surface-transmission.html>> (consulta: 22 de abril de 2022).

- Cvjetanovic, Branko, B. Grab, Kazuo Uemura, y World Health Organization (1978). “Dynamics of acute bacterial diseases: epidemiological models and their application in public health”. *Bulletin of the World Health Organization* 56(1). Disponible en <<https://apps.who.int/iris/handle/10665/43033>> (consulta: 22 de abril de 2022).
- Daley, Daryl, y Joe Gani (2005). *Epidemic Modelling: An Introduction*. Cambridge, UK: Cambridge University Press.
- Gog, Julia R., y T. Déirdre Hollingsworth (2021). “Epidemic interventions: insights from classic results”. *Philosophical Transactions of the Royal Society B-Biological Sciences* 376 (1829): 20200263.
- Greenhalgh, Trisha, José L. Jiménez, Kimberly A. Prather, Zeynep Tufekci, David Fisman, y Robert Schooley (2021). “Ten scientific reasons in support of airborne transmission of SARS-COV-2”. *The Lancet* 397 (10285): 1603-1605.
- Hamer, W.H., M.D. Cantab, y F.R.C.P. Lond (1906). “The Milroy lectures on epidemic diseases in England: the evidence of variability and of persistency of type”. *The Lancet* 167 (4305): 569-574.
- Kermack, William Ogilvy, y A. G. McKendrick (1927). “A contribution to the mathematical theory of epidemics”. *Proceedings of the Royal Society of London. Series A, Containig Papers of a Mathematical and Physical Character* 115 (772): 700-721.
- Kretzschmar, Mirjam E., Ben Ashby, Elizabeth Fearon, Christopher E. Overton, Jasmina Panovska-Griffiths, Lorenzo Pellis, Matthew Quaife, Ganna Rozhnova, Francesca Scarabel, Helena B. Stage, Ben Swallow, Robin N. Thompson, Michael J. Tildesley, y Daniel Villela (2022). “Challenges for modelling interventions for future pandemics”. *Epidemics* 38: 1-13.
- Marion, Glenn, Liza Hadley, Valerie Isham, Denis Mollison, Jasmina Panovska-Griffiths, Lorenzo Pellis, Gianpaolo Scalia Tomba, Francesca Scarabel, Ben Swallow, Pieter Trapman, y Daniel Villela (2022). “Modelling: Understanding pandemics and how to control them”. *Epidemics* 39: 1-13.
- Martcheva, Maia (2015). *An Introduction to Mathematical Epidemiology*. New York: Springer.

- McBryde, Emma S., Mivhael T. Meehan, Oyelola A. Adegboye, Adeshina I. Adekunle, Jaime M. Caldwell, Anton Pak, Diana P. Rojas, Bridget M. Williams, y James M. Trauer (2020). "Role of modelling in COVID-19 policy development". *Paediatric Respiratory Review* 35: 57-60.
- Ross, Ronald (1910). *The prevention of Malaria*. Dutton. Disponible en <<https://www.worldcat.org/title/prevention-of-malaria/oclc/1050775746>> (consulta: 5 de diciembre de 2022).
- Ross, Ronald (1911). "Some quantitative studies in epidemiology". *Nature* 87: 466-467.
- Vishnu, Vytla, Sravanth Kumar Ramakuri, Anudeep Peddi, K. Kalyan Srinivas, y N. Nithish Ragav (2021). "Mathematical models for predicting Covid-19 pandemic: a review". *Journal of Physics: Conferences Series* 1-12.
- Vynnycky Emilia, y Richard D. White (2010). *An Introduction to Infectious Disease Modeling*. New York: Oxford University Press Inc.

El papel de las plataformas geoespaciales de monitoreo epidemiológico en la mitigación de las pandemias

10

Adrián Ghilardi
Mauricio Quesada

Escuela Nacional de Estudios Superiores, Unidad Morelia, UNAM

Christopher R. Stephens
Alejandro Salinas-Medina

Gabriel E. García-Peña

José Luis Gordillo

Romel Calero

Pedro Romero Martínez

Constantino González Salazar

Centro de Ciencias de la Complejidad, UNAM

Ilse Ruiz Mercado

Escuela Nacional de Estudios Superiores, Unidad Mérida, UNAM

Antonio Navarrete

Emily Sturdivant

Centro de Investigaciones en Geografía Ambiental, UNAM

Roberto Velasco-Segura

Instituto de Ciencias Aplicadas y Tecnología, UNAM

INTRODUCCIÓN

La severidad de la pandemia de COVID-19 ocurrida durante los años del 2020 al 2022, desencadenó una miríada de investigación en ciencia y tecnología, con el fin primordial de mitigar los impactos en la salud y en la economía causados por el nuevo coronavirus SARS-COV-2. Dada la velocidad con la que SARS-COV-2 se dispersó a través del planeta, se podría decir, con cierta cautela, que algunos de estos desarrollos científicos y tecnológicos llegaron algo tarde, pero serán fundamentales para hacer frente a las nuevas pandemias por venir, las cuales se espera que sean cada vez más frecuentes, considerando las tendencias actuales de deterioro ambiental.

Los desarrollos científicos y tecnológicos para la mitigación de COVID-19 se pueden agrupar en tres líneas generales. Primero, todos aquellos esfuerzos que parten de conocer la estructura genética del virus y su transcriptoma, lo que permitió desarrollar diversas pruebas de diagnóstico en el plazo de uno o dos meses, y vacunas en el plazo de 12 a 18 meses; ambos casos considerados un tiempo récord en la historia de las epidemias (Behrmann y Spiegel, 2020; Uddin *et al.*, 2020). Segundo, los avances para mejorar nuestro entendimiento de los mecanismos de transmisión del virus SARS-COV-2 (Greenhalgh *et al.*, 2021), que se utilizan esencialmente para parametrizar los modelos epidemiológicos (Gallo *et al.*, 2020) y diseñar medidas de prevención eficientes basadas en el comportamiento de la población como, por ejemplo, los confinamientos (Rahman *et al.*, 2021; Stratil *et al.*, 2021). Por último, los avances para el seguimiento espacial y temporal de los casos registrados como potenciales, es decir, el monitoreo y la predicción de brotes en plataformas geoespaciales abiertas a la población y a los tomadores de decisiones (Tang *et al.*, 2019; Ganesan y Subramani, 2021). Existen múltiples interacciones entre estas tres líneas de investigación y desarrollo. Por ejemplo, la información del monitoreo de los brotes se usa constantemente para recalibrar los modelos epidemiológicos y así generar mejores predicciones de la enfermedad, pero asumiendo que las predicciones nunca son definitivas, ya que la información de campo se actualiza de manera periódica.

En la primera sección de este capítulo describimos de manera muy breve y sucinta estas tres líneas de investigación, recordando al lector que la información disponible sobre cada uno de estos temas es extremadamente vasta y que, en la gran mayoría de los casos, las editoriales académicas y los periódicos han decidido mantenerlas accesibles de manera gratuita. En esta sección también abordamos el papel de las plataformas geoespaciales de monitoreo epidemiológico en la mitigación de futuras pandemias, con particular énfasis en la experiencia de una serie de plataformas geoespaciales enfocadas en COVID-19 desarrolladas por la Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM) en colaboración con diversos actores del sector salud del gobierno de México. La segunda sección describe cómo las enfermedades infecciosas emergentes que afectan a los humanos, en especial las que se originan en los animales silvestres (zoonóticas), son reguladores de las poblaciones al funcionar como factores denso-dependientes. Este tema es de gran relevancia porque está vinculado con la recurrencia de enfermedades nuevas, que inexorablemente emergerán, al igual que lo hizo la COVID-19, y para las que debemos estar preparados si queremos mitigar al máximo los efectos en la salud y la economía. La tercera sección se enfoca en la estrategia de monitoreo y predicción de las zoonosis infecciosas emergentes y en el papel de las plataformas geoespaciales de monitoreo como instrumento para la contención de contagios. La cuarta sección trata sobre las epidemias y pandemias como *sistemas complejos adaptativos*. Finalmente, concluimos con una serie de recomendaciones particulares para México, en lo que consideramos puede prepararnos para afrontar no solamente la próxima pandemia, sino las epidemias actuales que año con año azotan al país.

PRINCIPALES LÍNEAS DE INVESTIGACIÓN PARA LA MITIGACIÓN DE COVID-19

Secuenciación genómica para el desarrollo de pruebas y vacunas

El 11 de enero de 2020, investigadores de la República Popular China publicaron el primer borrador del genoma del coronavirus implicado en el brote

de neumonía en la ciudad china de Wuhan en el mes anterior. A partir de ese momento, y de la declaratoria de una emergencia sanitaria de posibles impactos globales, se pusieron en marcha un sinnúmero de investigaciones aplicadas con el fin de secuenciar las variantes, reproducir el virus, desarrollar pruebas para su detección y comenzar la carrera para fabricar la primera vacuna, lo cual ocurrió en el extraordinario lapso de tan sólo un año. Hoy se siguen detectando variantes a un ritmo sin precedentes, lo que permite rastrear cómo se propagan formas específicas del virus a nivel local, nacional e internacional; esto a su vez permitirá el desarrollo de vacunas estacionales, como en el caso de la influenza. El SARS-COV-2 que ocasiona la COVID-19 es el primer brote en la historia de la humanidad que se rastrea casi en tiempo real y a escala global.

Un desarrollo digno de mencionar es la fabricación masiva de pruebas rápidas de antígenos que pueden hacerse de manera personal o “en casa”. Esta herramienta tiene el potencial de convertirse en un futuro en la principal estrategia de monitoreo de campo, registro de casos y contención de las cadenas de contagios si se consigue su uso masivo y casi diario durante brotes de alguna enfermedad epidémica nueva o ya conocida (Mina *et al.*, 2021; Petersen *et al.*, 2021). Esta herramienta no ha sido realmente útil durante la pandemia de COVID-19 porque los costos siguen siendo prohibitivos, pero todo indica que debería jugar un rol primordial en brotes futuros, superando a los sistemas de monitoreo de caso-contacto digitales que probaron ser sumamente costosos y muy poco efectivos (Pegollo *et al.*, 2021; Zetterholm *et al.*, 2021; Alo *et al.*, 2022).

Mecanismos de transmisión

La mayor controversia global entre evidencia científica y recomendaciones para la población por parte de los responsables gubernamentales y organizaciones internacionales fueron los mecanismos de transmisión de SARS-COV-2. Por razones prácticamente dogmáticas, enraizadas desde hace por lo menos un siglo, los responsables de dictar políticas públicas y recomendaciones no comprendieron cabalmente la evidencia que mostraba que el virus se trans-

mite principalmente por aerosoles que se dispersan por el aire como el humo de tabaco. De haber comprendido esto al comienzo de la pandemia, las medidas de mitigación se hubieran concentrado en prohibir las actividades y congregaciones humanas en espacios cerrados o poco ventilados, lo que habría resultado en un impacto menos dramático en la salud y la economía. En el caso de la densamente poblada Ciudad de México, unos pocos autobuses urbanos propagan los contagios con más efectividad que decenas de mercados callejeros al aire libre. Los vendedores ambulantes del centro de la Ciudad de México fueron el primer grupo reconocible con una tasa de contagios y defunciones superior al resto de la población, posiblemente porque no podían quedarse sin trabajar y estaban obligados a tomar el transporte público, aunque estuvieran seguros en sus puestos de trabajo al aire libre. Hoy, el Gobierno de la Ciudad de México aún no reconoce oficialmente los mecanismos de transmisión del SARS-COV-2 aceptados por la Organización Mundial de la Salud (OMS) desde el 24 de diciembre de 2021. Un resumen muy conciso de esta controversia a escala global puede leerse en Greenhalgh *et al.* (2021), publicado varios meses antes de que la OMS reconociera oficialmente la transmisión del virus por vía aérea en las vísperas de la navidad de 2021.

Sin embargo, no todos los virus se transmiten de la misma manera y no resulta fácil medirlo de manera experimental. La pandemia de COVID-19 nos dejó directrices experimentales más claras sobre cómo medir el rol de los diferentes mecanismos de transmisión (por ejemplo, aerosoles, gotículas o fómites) de un virus mortal e inferir qué acciones de comportamiento poblacional van a tener mayor efectividad para prevenir contagios y minimizar las pérdidas económicas y de vidas humanas.

Plataformas geoespaciales de monitoreo y predicción de zoonosis infecciosas emergentes

Las plataformas de análisis e información geoespacial para enfermedades infecciosas emergentes tienen el objetivo de dar seguimiento en tiempo casi real de la dispersión espacio-temporal de los casos. Esto siempre y cuando

exista un mecanismo eficiente y automatizado de integración de las pruebas y devenires clínicos de cada caso en bases de datos consultables por los sistemas web, que también deben ser automatizados, y predecir brotes con alta resolución espacial y temporal (Barbazzia e Ivankovic, 2021; Lyshol y Bogaert, 2021; Riley y Hansen, 2021). Este segundo punto es similar al desarrollo de modelos epidemiológicos, ya que deben recalibrarse de manera frecuente en función del flujo de información de campo entrante.

LA ZONOSIS Y LOS FACTORES QUE REGULAN LAS INTERACCIONES ENTRE ANIMALES Y HUMANOS

Millones de personas alrededor del planeta mueren cada año por diversos tipos de parásitos, que causan gran variedad de infecciones, y muchos millones más quedan debilitadas, con dolencias permanentes para el resto de su vida. Por ejemplo, la Organización Mundial de la Salud reporta que más de 120 millones de personas de más de 70 países tropicales se han visto afectadas por elefantiasis. Esta dolorosa enfermedad que deforma el cuerpo humano es causada por una infección provocada por nemátodos (*Wuchereria bancrofti* y otros), que atacan el sistema linfático de humanos; las larvas de estos gusanos (microfilarias) se transmiten por mosquitos que pican al hospedero vertebrado y luego migran a los vasos linfáticos, donde se desarrollan en adultos y provocan esta terrible enfermedad. En general, las enfermedades emergentes zoonóticas transmitidas por vectores han cambiado el panorama epidemiológico y de salud pública de todo el planeta (Rodríguez-Morales *et al.*, 2021). Hoy se reportan más de 20 enfermedades emergentes, entre las cuales resaltan la chikungunya (Rodríguez-Morales *et al.*, 2016a; Rodríguez-Morales *et al.*, 2016b), el zika (Cardona-Ospina *et al.*, 2019), la fiebre amarilla (Ortiz-Martínez *et al.*, 2017), el dengue (Wilder-Smith *et al.*, 2019), el ébola (Malvy *et al.*, 2019) y pandemias zoonóticas de coronavirus, como el actual SARS-COV-2 (Dhama *et al.*, 2020).

Los parásitos y sus respectivas enfermedades se transmiten de un huésped a otro de manera casi instantánea, y los agentes infecciosos de corta duración son transportados en las gotas de agua de la tos y los estornudos (por ejemplo, influenza, sarampión, COVID-19), o pasan por un periodo de inactividad prolongado hasta llegar a su nuevo huésped. La mayoría de las políticas públicas a nivel mundial han planteado sus protocolos de acción para evitar la transmisión de enfermedades al identificar las enfermedades infecciosas, los parásitos que las provoca, sus hospederos y las formas de transmisión (medios o vectores). Sin embargo, estos protocolos no han considerado los aspectos ecológicos para el control de estas enfermedades como las interacciones bióticas asociadas con las zoonosis y los posibles efectos ambientales sobre estas interacciones en la dinámica de transmisión de enfermedades emergentes. En esta sección se analizan las zoonosis infecciosas emergentes tanto en zonas urbanas como en hábitats naturales por medio de herramientas ecológicas para evaluar su dinámica de transmisión asociada con la tasa de producción de nuevas infecciones en poblaciones tanto de animales como de humanos.

El denominador común de la ecología de los parásitos es que su hospedero siempre está vivo, e involucra otro organismo que es capaz de crecer, en número o en tamaño. Este hospedero tiene el potencial de reaccionar en contra del parásito por medio de un sistema inmune o perecer en el proceso. En el caso de muchos parásitos animales, éstos son móviles y tiene patrones de movimiento que afectan su dispersión de un huésped a otro. Los seres humanos han facilitado a lo largo de su historia el crecimiento poblacional de los parásitos al vivir en poblaciones densas y agregadas, y al obligar a sus animales domésticos y cultivos a hacer lo mismo. Esto implica que la ecología de los parásitos está determinada por factores denso-dependientes que regulan sus poblaciones y las de sus hospederos, que también funcionan como sus hábitats y refugios.

La zoonosis se ha definido tradicionalmente como la transmisión de enfermedades de poblaciones de animales a humanos; sin embargo, debe de considerar modelos de transmisión más dinámicos, con la posibilidad de transmisión de humanos a animales y de éstos, a otros humanos y entre espe-

cies de animales. Además, se debe considerar cómo los efectos ambientales afectan estos procesos de la transmisión de las enfermedades. Estos casos incluirían interacciones de especies intermediarias, en las que un animal silvestre se la pase a otra especie de animal silvestre y éste a un humano, o diferentes combinaciones posibles. Por ejemplo, la epidemia del virus de la fiebre amarilla transmitida por mosquitos viajó a través del Caribe al sur de Centroamérica y luego continuó su migración hasta el sur de México en las décadas de 1940 a 1950, y provocó la muerte de muchos primates humanos y no humanos. Entre 1950 y 1951 se registró la enfermedad en el sureste de Costa Rica, continuó hacia el norte a lo largo del Caribe y finalmente afectó la costa suroeste del Pacífico (Vargas-Mendez y Elton, 1953). Cuando la enfermedad se desplazó a la región de Guanacaste, al noroeste de Costa Rica, se había completado la vacunación y no se registraron muertes humanas y posiblemente se redujo también la transmisión del virus a los primates (no humanos) de la zona norte de Costa Rica (Laemmert y Kumm, 1950; Trapido y Galindo, 1956). Datos de campo y experimentales indican una gran susceptibilidad de los monos aulladores al virus de la fiebre amarilla, pero no de otros primates (Balfour, 1914; Davis y Shannon, 1929, 1930; Laemmert y Kumm, 1950; Trapido y Galindo, 1956). Balfour (1914) reporta que una creencia popular afroamericana en Trinidad a principios de 1900, donde las comunidades rurales utilizaban semáforos rojos epidemiológicos empíricos geoespaciales cuando declaraban en cuarentena ciertas áreas naturales de la isla después de que ocurrían episodios de alta mortalidad de monos aulladores rojos y prevenían a la población humana de permanecer en estas regiones. Este caso parece indicar que los monos aulladores rojos, susceptibles a la fiebre amarilla, eran también transmisores potenciales y huéspedes de esta enfermedad a los humanos, pero la evidencia en Costa Rica indicaba que los humanos también podrían haber transmitido la enfermedad a los monos, ya que después de que se implementaron masivamente los planes de vacunación en humanos contra esta enfermedad en el Pacífico norte en Guanacaste, la enfermedad no migró al norte del continente por el Pacífico, sino por el Caribe hasta llegar al sur de México.

En general, se requiere desarrollar estrategias de monitoreo de zoonosis infecciosas emergentes tanto en zonas urbanas como en poblaciones de animales en sus hábitats naturales, con el fin de proporcionar información a las plataformas geoespaciales de monitoreo que permitan predecir y contener contagios. Hoy se puede decir con bastante certeza que cualquier enfermedad emergente en los últimos 30 o 40 años ha sido resultado del cambio del uso de suelo y la invasión de las áreas naturales por parte de los humanos, que ha causado cambios en la demografía de animales silvestres y de humanos y modificado el ambiente para propiciar la reproducción de los parásitos que infectan a los humanos. Se recomienda que en los programas de monitoreo de zoonosis infecciosas emergentes, tanto en zonas urbanas como en poblaciones de animales en sus hábitats naturales, se utilicen herramientas de análisis ecológico de la dinámica de transmisión (Begon *et al.*, 2002; Begon y Townsend, 2020). Para el caso de la pandemia de COVID-19 se podría utilizar este tipo de análisis y modelos ecológicos.

La dinámica de la transmisión de enfermedades emergentes requiere estimar la tasa de producción de nuevas infecciones en una población que depende de la tasa de transmisión per cápita y la cantidad de huéspedes susceptibles en la población. Además, se requiere estimar la tasa de contacto entre los huéspedes susceptibles y la probabilidad de transmitir la infección por parte de un contacto. La tasa de producción de nuevas infecciones puede ser dependiente de la frecuencia o denso-dependiente. Por lo tanto, el desarrollo de estrategias de monitoreo de zoonosis infecciosas emergentes requiere estimar la tasa de producción de nuevas infecciones, tanto en poblaciones humanas como de animales en regiones, estados o municipios de manera sistemática en el tiempo (incluso diaria, como en el caso de COVID-19). Esto implica que se deben realizar pruebas de monitoreo de estas enfermedades emergentes *in-situ* de manera sistemática en el tiempo. La estrategia de monitoreo tendrá éxito en la medida que esta información alimente a plataformas geoespaciales de monitoreo, como la *Plataforma de Información Geográfica de la UNAM sobre COVID-19 en México*, que permitan predecir y contener contagios de zoonosis

infecciosas emergentes que pueden ser cada vez más frecuentes en esta época del Antropoceno.

MONITOREO Y PREDICCIÓN DE LAS ZONOSIS INFECCIOSAS EMERGENTES

Las enfermedades infecciosas afectan a personas, plantas y animales, y los patógenos puede ser virus, bacterias, hongos, protozoos y otros organismos multicelulares (por ejemplo, helmintos). Como mencionamos en la introducción, nos enfocamos en el monitoreo de enfermedades humanas causadas por virus que se originan en animales, es decir, aquellas denominadas zoonóticas. La emergencia de enfermedades virales zoonóticas tiene diferentes orígenes: pueden surgir *de novo* por mutación, haber existido por décadas sin haber sido identificadas, o aparecer a partir de cambios drásticos en la virulencia de patógenos conocidos (Wilson, 2008). En cualquier caso, la identificación *a priori* de aquellos virus con potencial de enfermar gravemente a un sector de la población a escala global es sumamente compleja (Christaki, 2015).

En la mayoría, si no es que en todas las pandemias, el seguimiento de los casos en el espacio y el tiempo comienza con la identificación de los primeros pacientes, quienes muestran poca o nula inmunidad, una serie de síntomas particulares, a menudo respiratorios, y con clara evidencia de contagio entre humanos (en contraste con el contagio exclusivo de animales a humanos). Eventualmente se identifica un virus nuevo o cepas mutadas que resultan rápidamente en gran cantidad de casos de gravedad. Para el ejemplo de COVID-19, y más allá de las especulaciones sobre el papel del gobierno de China en hacer pública o no la información completa de manera oportuna, pasaron dos o tres semanas entre los primeros casos claros de contagios entre médicos de Wuhan y la declaración de la emergencia por la Organización Mundial de la

Salud (OMS),¹ que a finales del 2021 había cobrado la vida de casi 15 millones de personas.²

Al inicio de la detección de los primeros pacientes sospechosos y cuando exista evidencia de contagio entre humanos, es cuando las plataformas geoespaciales deben estar listas y funcionales para procesar en tiempo real y de manera automática la información de casos que generan los sistemas de salud, y comenzar el proceso iterativo de calibración y validación de modelos predictivos espacio-temporales.

Estadísticas descriptivas de la dispersión: tableros de seguimiento

La información de base que recopilan los sistemas de vigilancia epidemiológica es a nivel de caso o paciente, y casi en tiempo real; esto es, sin retraso entre la llegada del paciente y su registro en la base de datos integrada y en la red. Esta logística no es trivial y mucho menos durante una pandemia, no sólo por la cantidad de casos sino porque las personas llegan enfermas y no pueden ser demoradas preguntándoles datos personales. Idealmente, esto podría solucionarse con los datos personales almacenados electrónicamente en la identificación. Un escaneo y toda la información preclínica del paciente quedaría cargada. Durante un brote repentino de una enfermedad respiratoria grave y no reconocible, contar con información en tiempo real de los datos de cada caso es de suma utilidad para contener o al menos ralentizar los contagios en un primer momento, alertar a los vecindarios y espacios de trabajo, evitar la movilidad habitual de los pacientes y realizar pruebas de detección de manera inmediata. Pero éste no ha sido el caso durante la actual pandemia

¹ Coronavirus: los tres primeros meses tal y como sucedieron (Nature news) - <https://www.nature.com/articles/d41586-020-00154-w> (último acceso 17 de mayo de 2022).

² 14,9 millones de muertes asociadas a la pandemia de covid-19 en 2020 y 2021 - <https://www.who.int/news/item/05-05-2022-14.9-million-excess-deaths-were-associated-with-the-covid-19-pandemic-in-2020-and-2021> (último acceso 17 de mayo de 2022).

de COVID-19. En la Ciudad de México, los casos tardaban hasta tres semanas en volverse visibles en las bases de datos del gobierno, lo que era esperable dado que el llenado de los datos de cada paciente se realiza a mano por el mismo personal de salud que debe atender las emergencias. Sumado a esto, no se hicieron pruebas masivas, ya que no existían las pruebas rápidas a comienzos de 2020, por lo que fue imposible reconocer la dinámica espacio-temporal de los casos y entender el origen y la dinámica de los brotes. Además, el mecanismo de transmisión del virus SARS-COV-2, el cual fue reconocido oficialmente casi dos años después del inicio de la pandemia, dificultó muchísimo la contención de los contagios por medios no farmacológicos.

En cualquier escenario, las bases de datos sobre los casos, independientemente de la calidad de la información, deben agregarse en estadísticas espaciales y temporales que muestren la dispersión de los casos y sinteticen la información agregada más relevante por unidades espaciales de análisis. Estas unidades generalmente se encuentran clasificadas en administrativas, como estados, provincias o vecindarios. Idealmente, y aunque no es muy común, los tableros deben de mostrar tendencias claras, es decir, sin la necesidad de que el usuario deba ver mapas y gráficos al mismo tiempo para poder hacer una interpretación de la información. En el caso de los tableros de la UNAM, los cuales se describen en detalle posteriormente, se utilizaron indicadores de tendencia temporal por unidad administrativa, lo que permite saber si en un determinado lugar los casos, las defunciones o las tasas están aumentando, disminuyendo o se mantiene estables. Los indicadores de tendencias tienen el problema que muestran una tendencia artificial a la baja cuando los retrasos en los registros son importantes, como en el caso de México. Para compensar esto se deben de generar pronósticos inmediatos, los cuales complican los análisis geoespaciales, ya que se modela con proyecciones y no con casos reales.

A modo de conclusión, los tableros de seguimiento en línea son una herramienta relativamente sencilla de programar y pueden ser muy útiles para ralentizar los contagios, siempre y cuando la información suministrada a nivel de paciente sea reciente y precisa.

Predicción de brotes

La predicción de brotes parte también de los tableros o de la información de seguimiento de casos descrita en la sección anterior, pero se combina con las variables llamadas explicativas o que tienen relaciones claras con la localización y temporalidad de los casos. Estas relaciones se utilizan posteriormente para construir modelos prospectivos que se corren del pasado hacia el presente. Las simulaciones al presente se validan con los datos reales y, cuando se tiene un buen ajuste, se hacen proyecciones a futuro. De esta manera se pueden movilizar recursos y alertar a la población con días de anticipación. Los modelos y las técnicas para el modelado prospectivo de brotes son muy variados en complejidad y no se describen en este capítulo, pero sí es importante mencionar que las nuevas técnicas de inteligencia artificial y aprendizaje de máquinas están logrando modelos cada vez más precisos, que no sólo predicen brotes sino otras variables sobre el comportamiento espacio-temporal de casos y defunciones durante una pandemia activa.

Plataformas geoespaciales de la UNAM para el monitoreo y predicción de COVID-19 en México

Hacia marzo del 2020, académicos de la UNAM propusieron el desarrollo de un sistema de monitoreo espacial de casos y defunciones, algo que se comenzaba a ver en otros países, como es el caso de un tablero de la Universidad John Hopkins en Estados Unidos (Dong *et al.*, 2020). En la UNAM se desarrollaron tres plataformas geoespaciales para el seguimiento de COVID-19 en México.

Plataforma de Información Geográfica de la UNAM sobre COVID-19 en México

La plataforma oficial de la UNAM sobre COVID-19 en México, por encargo de la Coordinación de la Investigación Científica y de la Comisión Universitaria

para la Atención de la Emergencia por Coronavirus, se puede consultar en la siguiente liga: <https://covid19comision.unam.mx> (véase la sección de herramientas). El sistema se actualiza diariamente a las 20:00 horas de manera automatizada y ha recibido más de 10 millones de visitas desde su inauguración en abril de 2020. Este desarrollo ha sido reportado por varias decenas de medios de comunicación nacionales e internacionales, incluyendo la televisión china (CGTN). Esta plataforma continuará funcionando siempre y cuando el gobierno publique los datos abiertos a nivel municipal, algo que se espera que siga ocurriendo por algunos años por venir y también para otras enfermedades emergentes. El objetivo de la plataforma es informar a la población sobre la dinámica espacio-temporal de la pandemia de COVID-19 en México.

La plataforma despliega la dinámica espacio-temporal de la pandemia en función de dos grupos de variables: tendenciales, que integran un componente temporal, y estáticas, que representan el valor acumulado más actual de la base de datos abiertos. Las variables tendenciales comparan los casos entre la antepenúltima semana y la penúltima. Se omite la semana más reciente porque los casos se siguen actualizando día con día. Por su parte, las variables estáticas son los datos acumulados en el tiempo. Pese a incluir los valores de la última semana, éstos no se contabilizan hasta pasados varios días, a veces semanas. Las cinco variables que muestran los tableros por municipio y por estado son: la dinámica de casos positivos, las defunciones diarias, la dinámica de casos recuperados netos, la dinámica de hospitalizaciones de las personas que resultan positivas, y la dinámica de la positividad.

Las diversas variables tendenciales y estáticas nos permiten dilucidar el desarrollo y la dinámica de la pandemia en México, exclusivamente a escala estatal o municipal. No se dispone de un mejor nivel de detalle porque la base de datos abierta no permite conocer los casos por código postal o colonia, pues ésta se filtra desde las bases estatales no abiertas al público que tienen mucha más información, incluida la dirección de residencia de cada caso registrado. A nivel municipal, la evolución de la pandemia ha seguido un patrón espacial agregado, en donde los centros urbanos más importantes, las ciudades de frontera y las turísticas concentran la mayoría de los casos. Para

una descripción detallada de este desarrollo, se puede consultar el trabajo de Ghilardi *et al.* (2020).

Monitoreo espacio-temporal de la pandemia en Baja California a nivel de colonia y código postal

La plataforma oficial del gobierno de Baja California tiene como objetivo coadyuvar a cortar las cadenas de contagio y a la estrategia de vacunación del estado. Es una de las tres plataformas, junto con la de Ciudad de México y la de Guadalajara, que presenta la evolución diaria de casos a nivel de colonia y código postal, y la única en México con datos para más de una ciudad. En principio, esta plataforma continuará funcionando e incluso se pretende escalearla para su uso en otras enfermedades emergentes. Esta plataforma ha sido promocionada en los informes de la Secretaría de Salud del estado.³

Sistema de Información Comunitaria en Núcleos Agrarios SICNA-COV19

En México, un alto porcentaje de la población que reside en núcleos agrarios enfrenta desventajas en los determinantes sociales de la salud, lo que acentúan sus vulnerabilidades en relación con la garantía del derecho a la salud. Para lograr que esta población reciba atención de forma oportuna, es indispensable contar con sistemas de información en salud que apoyen la vigilancia comunitaria de enfermedades transmisibles emergentes y reemergentes. El objetivo de la vigilancia en salud pública es proporcionar información para que el personal de salud pueda guiar las intervenciones de manera oportuna, para incentivar en el público en general la prevención y la adecuada respuesta a las directrices de mitigación y control, y para que los tomadores de decisión

³ <https://covid19.ciga.unam.mx> (Véase la sección sobre el estado de Baja California).

de los distintos órdenes de gobierno puedan orientar las políticas y los programas de salud pública.

En el contexto de la emergencia sanitaria por COVID-19, la Procuraduría Agraria tomó la iniciativa de apoyar la labor de la Subsecretaría de Prevención y Promoción de la Salud (SPPS) recabando información sobre el estado de salud de la población que atiende en los núcleos agrarios del país. Por medio de la Dirección General de Información en Salud, la SPPS solicitó la colaboración técnica de la UNAM para el diseño y desarrollo de una plataforma informática que permita sistematizar esa información y desplegarla de forma analítica, para resolver una necesidad urgente de la Secretaría de Salud.

Hasta el momento, el *Sistema de Información Comunitaria de Núcleos Agrarios para Enfermedades de Interés Epidemiológico* (SICNA-EIE) cuenta con el componente para COVID-19 (SICNA-COV19), pero el proyecto busca sumar información sobre otras enfermedades transmisibles, como el paludismo (SICNA-PAL) o el dengue (SICNA-DEN), y sobre conductas que subyacen a la incidencia de enfermedades crónicas no transmisibles, como la diabetes mellitus y la hipertensión arterial (SICNACRON). En este sentido, el SICNA tiene el potencial para convertirse en un pilar central de la vigilancia comunitaria de enfermedades de interés epidemiológico en los núcleos agrarios. El objetivo del SICNA-COV19 es la atención temprana de casos sospechosos en sitios remotos de México.⁴

Canal de consultas

Una funcionalidad particular de los desarrollos de plataformas de la UNAM sobre seguimiento de la pandemia, es un canal de consultas activo y personalizado que complementó al *Call & Chat Center covid-19*.⁵ Las consultas tenían

⁴ <https://gitlab.com/dgis2/nucleos/-/wikis/.Contenido-SICNA-COV19> (Véase la sección sobre la plataforma geoespacial de COVID 19 en núcleos agrarios).

⁵ <http://meditic.facmed.unam.mx/index.php/contactcenter/> (último acceso 17 de mayo de 2022).

la intención de procesar las bases de datos y generar información personalizada almacenada diariamente en un repositorio seguro de la UNAM. Es decir, aunque se recibieron consultas puntuales de información, el papel central del canal de consultas fue integrar nuevos pedazos de código (*code chunks*) para que se procesaran de manera automática y diariamente los datos de entrada, se generara la información requerida por la población, y que ésta se subiera a los repositorios de la UNAM (Figura 1).

Entre 2020 y 2022 se recibieron alrededor de 500 consultas (en comparación con las 13,000 del servicio de chat de la UNAM, *Call & Chat Center Covid-19*), de las cuales unas 50 resultaron en procesos automáticos que subían información nueva al repositorio. Entre las acciones más destacables vale mencionar las siguientes: a) se montaron espejos de las bases de datos abiertas porque al comienzo de la pandemia se saturaba el servicio (entre los usuarios de los espejos de la UNAM estuvo la Universidad de Cambridge); b) se preprocesaron las bases de datos abiertos en formatos legibles o acotados para una variedad de usuarios, entre los que se destaca la Comisión de Salud del Senado de la República, la Secretaría de Agricultura y Desarrollo Rural (SADER), la Universidad Iberoamericana, fábricas y maquilas (por ejemplo, Bosch), transportistas nacionales y estatales, escuelas, y particulares que les interesaban realizar sus propios análisis en zonas de interés del país; y c) se brindó asesoría a otros universitarios y personal de la Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad (CONABIO) para automatizar los tableros día con día, algo que al comienzo de la pandemia, semanas antes de que se publiquen los tableros oficiales de Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACYT) y el CentroGeo, no estaban automatizados.

Además de haber respondido todas y cada una de las consultas, recibimos decenas de mensajes de agradecimiento por medio del canal de consultas, y vislumbramos que, aunque algunas veces la información que presentábamos era similar a otros tableros o fuentes de información, las personas confiaban en la UNAM como su fuente de información preferente. Los desarrollos de la UNAM dotaron de una confianza extra sobre la veracidad de los datos y las proyecciones reportadas.

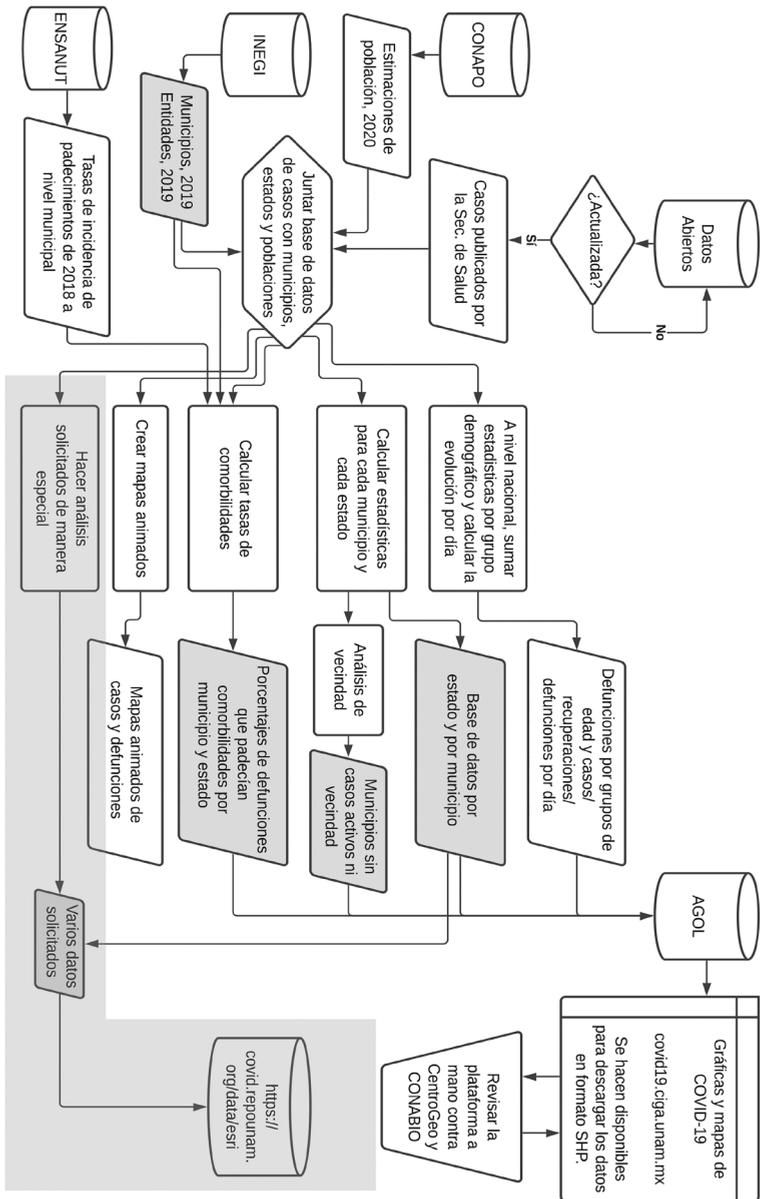


Figura 1. Diagrama de flujo de la Plataforma de Información Geográfica de la UNAM sobre COVID-19 en México, resaltando el canal de consultas personalizado. Fuente: Tomado de Ghilardi *et al.* (2020).

EPIDEMIAS Y PANDEMIAS COMO SISTEMAS COMPLEJOS ADAPTATIVOS

Complejidad – “muchas causas para cada efecto”

Se han mencionado líneas arriba tres distintos enfoques (a distintas escalas) relacionados con las epidemias y pandemias de enfermedades infecciosas: a) un enfoque micro asociado con la interacción entre un patógeno y su ambiente a un microescala, por ejemplo, con el sistema inmune de su hospedero o vector; b) un enfoque meso asociado con las distintas vías y mecanismos de la transmisión entre individuos (agentes) involucrados en el ciclo de transmisión; y c) un enfoque macro asociado con aspectos sociales, demográficos, económicos y políticos a nivel poblacional. Esta multifactorialidad en cada escala y sus interacciones es lo que caracteriza la complejidad del análisis de una pandemia. El otro problema fundamental es que una pandemia involucra la adaptación y la evolución en todos los niveles, desde la mutabilidad del virus hasta su propagación en las poblaciones humanas. Esta dinámica hace difícil predecir la evolución de la pandemia en espacio y tiempo, y la emergencia de nuevas variantes. Es importante enfatizar que, aunque la ciencia logró desarrollar vacunas eficaces en tiempo récord, no se han encontrado métodos para solucionar otros problemas asociados con el comportamiento de las personas, como el uso de cubrebocas e incluso el aceptar vacunarse. La pandemia de COVID-19 nos ha mostrado la complejidad en diferentes niveles y lo multifactorial del problema, que desafían a la ciencia actual y las medidas por adoptarse como parte de la política pública en materia de salud.

Pandemias como resultado de la conducta y la toma de decisiones

Aunque el hecho de que alguien se contagie por SARS-COV-2 es la causa directa asociada con un cuadro clínico de COVID-19, la causa más próxima es conductual y se relaciona con la toma de decisiones. Por ejemplo, la probabili-

dad de contagio depende de si alguien usa o no un cubrebocas, y si lo usa correctamente. Esto a su vez, puede depender de las políticas públicas, o del modelo mental de la persona (por ejemplo, cómo percibe el riesgo), que a su vez depende de sus creencias, su nivel de escolaridad o su nivel socioeconómico, entre otras variables. En realidad, existe una cadena de causalidades muy extensa en la que la identificación de causa y efecto es difícil. Efectivamente, la pandemia de SARS-COV-2, o cualquier epidemia o pandemia, es principalmente un resultado de la toma de decisión y las conductas asociadas en un ambiente patogénico. Si se quiere entender y predecir la evolución en espacio y tiempo de una pandemia, es necesario entender y predecir también las decisiones y conductas que son las causas fundamentales de esa evolución.

El concepto de nicho ecológico aplicado a las epidemias y pandemias

En las pandemias por zoonosis, el concepto de nicho ecológico contribuye a caracterizar las condiciones bióticas y abióticas que favorecen la presencia de una especie de cualquier organismo vivo. Por ejemplo, si se identifican los factores ambientales que determinan la presencia o ausencia de una especie, se pueden modelar los sitios donde es probable encontrar la especie. La relación entre la presencia-ausencia de una especie y los factores que la afectan puede ser proyectado por un modelo de nicho ecológico (Hutchinson, 1978).

En el contexto de una zoonosis, el concepto de un nicho ecológico ha sido muy utilizado para caracterizar las condiciones climáticas que pueden favorecer o no la presencia de un vector, de un hospedero o del patógeno mismo. Aunque la inclusión de factores bióticos ha sido menos común, se puede ver el impacto de la presencia de un hospedero en la presencia de un vector. Sin embargo, la aplicabilidad del concepto de nicho ecológico en el contexto de la pandemia de COVID-19 ha tenido diversos resultados (Araújo *et al.*, 2020; Araújo y Naimi, 2020; Contina *et al.*, 2020; Coro, 2020; Stephens *et al.*, 2022). Esto se debe a la complejidad para poder determinar, por ejemplo, los factores físicos y bióticos relevantes de un patógeno y de su hospedero intermediario

de manera sincrónica y simpátrica. Por otro lado, actualmente los modelos de nicho no tienen en cuenta la dinámica de una enfermedad y también son innecesariamente restrictivos en el conjunto de variables de nicho consideradas. No obstante, recientemente se han establecidos marcos teóricos-prácticos para el estudio y modelación de otros sistemas biológicos complejos (Johnson *et al.*, 2019; Prieto-Torres *et al.*, 2020).

EpI-PUMA - Plataforma Universitaria de Inteligencia Epidemiológica sobre SARS-COV-2

Los retos para predecir la evolución en espacio y tiempo de una pandemia como la de COVID-19 son muchos, dada la multifactorialidad y la adaptabilidad en múltiples escalas espaciales y temporales. Además, la conducta humana, tanto en el nivel individual como organizacional, con toda su gran complejidad, es un factor fundamental para explicar la dinámica de una pandemia.

Ante estos retos, el proyecto *EpI-PUMA - Plataforma Universitaria de Inteligencia Epidemiológica sobre SARS-COV-2*,⁶ pretende tener una nueva dirección innovadora que aborde el problema de la predicción de las pandemias desde una nueva perspectiva. El proyecto contiene dos principales innovaciones; por un lado, un conjunto de modelos predictivos para varias variables epidemiológicas de relevancia y, por el otro, un software disponible para todo público (*plataforma-como-un-servicio*) para poder construir tales modelos. *EpI-PUMA 1.0* está basado en el concepto de un ensamble de “lugares”, término que se refiere a un municipio, aunque pueden ser usadas a otras escalas espaciales. Por ejemplo, permite crear modelos predictivos de riesgos

⁶ Se puede encontrar más información sobre el Proyecto EpI-PUMA en el url <https://chilam.c3.unam.mx/en/projects/about-epi-puma>. También en el sitio de Chilam (<https://chilam.c3.unam.mx/en/home>) se puede encontrar información sobre otros proyectos relacionados, como SPECIES para predicción de la distribución en espacio y tiempo de la biodiversidad; Epi-Species – dedicado a la modelación de zoonosis y Proyecto 42 para obesidad y enfermedades metabólicas.

epidemiológicos con base en datos de contagios por periodos y predecir qué municipios tendrán mayores probabilidades de contagios. Actualmente, en esta plataforma se pueden construir modelos para más de 30 aspectos epidemiológicos, incluyendo casos confirmados, defunciones, pruebas, incidencias, mortalidad, letalidad, y otros.

La versión 1.0 de esta plataforma⁷ permite la construcción de una gran variedad de modelos predictivos. Éstos se basan en la creación de clasificadores bayesianos (modelos de aprendizaje de máquina) y cuentan con varias innovaciones significativas. Por un lado, los predictores pueden ser representados por cualquier capa de datos (datos vectoriales como puntos, líneas y polígonos, rásters, etc.) independientemente de su formato o su resolución espacial o temporal. Por lo tanto, pueden abordar cualquier capa de datos de cualquier disciplina (clima, factores sociodemográficos, factores socioeconómicos, movilidad, casos de enfermedades, colectas puntuales, etc.). La plataforma puede buscar, analizar y validar correlaciones en espacio y tiempo entre cualquier par de elementos de estas capas de datos y lidiar con relaciones entre variables no lineales arbitrarias. Además, permite la construcción de modelos dinámicos que no dependen de una condición de equilibrio.

Después de seleccionar una pregunta epidemiológica de interés, se selecciona el conjunto de predictores potenciales que se usará para caracterizar los municipios con mayor número de casos. Como en el caso de nichos ecológicos se requiere el involucramiento de expertos de dominio para una correcta interpretación. En este capítulo no se puede dar más que una prueba del trabajo de investigación que entra en el proyecto *EPI-PUMA*. Tampoco podemos detallar sobre sus múltiples funcionalidades y las de sus plataformas hermanas (*SPECIES*, *Epi-Species* y Proyecto 42). Invitamos a los lectores a aprender más de estos proyectos y del tipo de ciencia nueva que presentan en el sitio del laboratorio virtual Chilam.⁸ Para un repaso más detallado de las innovaciones teóricas que representa *EpI-PUMA* se puede consultar Stephens *et al.* (2022).

⁷ https://covid19.c3.unam.mx/geoportal_v0.1.html

⁸ <http://chilam.c3.unam.mx>.

CONCLUSIONES

¿Hacia dónde debemos enfocar los esfuerzos de monitoreo de enfermedades de interés epidemiológico durante los próximos años de la década COVID en México (2020-2030)? ¿Cómo podemos evitar que los nuevos brotes zoonóticos se conviertan en pandemias y dejen millones de muertes en su camino? Éstas son dos de las preguntas fundamentales que debemos de responder para poder contar con una estrategia integral para la contención de enfermedades como la pandemia de COVID-19. Fue a partir de ésta y su impacto en la población y economía globales, que se ha logrado un mayor consenso internacional sobre la necesidad de inversión en el desarrollo de vacunas y diagnósticos antes de que surjan nuevos brotes. En otras palabras, aunque la amenaza de una pandemia por un coronavirus nuevo fue sistemáticamente ignorada por gobiernos y tomadores de decisiones durante las últimas décadas, hoy en día la postura de la mayoría es diferente. Sabemos que si invertimos en investigación y desarrollo, los impactos de una pandemia futura serán mucho menores, como si fuera un seguro médico global.

En términos de monitoreo, existe consenso global sobre la necesidad apremiante de fortalecer los sistemas de salud nacionales para que, mediante protocolos estandarizados de vigilancia epidemiológica y uso de pruebas diagnósticas masivas, permitan identificar la próxima enfermedad de interés epidemiológico a la brevedad posible, y que esta información sea disponible para el mundo entero en cuestión de horas. Estos protocolos en efecto ya existen, aunque su aplicación y funcionamiento es limitado, como lo demuestra el número de fallecidos por COVID-19.

De manera particular al tema que hemos tratado en este capítulo, ¿cuál debe ser el rol de las plataformas geoespaciales de monitoreo epidemiológico en la mitigación de futuras pandemias? La respuesta es que las herramientas geoespaciales para el seguimiento de casos, ya sean descriptivas o predictivas, son útiles si se integran las siguientes acciones: a) están conectadas a sistemas de vigilancia epidemiológica eficientes, lo que sólo es posible con sistemas de salud fortalecidos; b) se integran con trabajo de campo (brigadas de salud para

la atención temprana, de vacunación, de toma de muestras, de caso-contacto, etc.); c) fungen como plataformas interdisciplinarias, en las que se conjuntan la epidemiología, la ecología, la geografía, las ciencias sociales y la psicología, entre otras disciplinas; y d) cuentan con el aparato oficial de difusión.

A modo de conclusión general, debemos aprovechar la experiencia aprendida durante los primeros dos años de COVID-19 para desarrollar, bajo directrices del sector salud, sistemas de vigilancia geoespacial predictivos que ayuden a contener los próximos brotes antes de que se transformen en otra pandemia que deje millones de muertes y cientos de millones de afectados económicamente. Se tiene en México el conocimiento y la tecnología, pero falta la voluntad política y la coordinación entre los sectores de gobierno, académicos y empresariales.

AGRADECIMIENTOS

Al PAPIIT IV100520 (Descripción larga: EPI-SPECIES: Una Plataforma Universitaria de Inteligencia Epidemiológica de SARS-COV2. Corresponsables: Christopher Rhodes Stephens (ICN, UNAM), Adrián Ghilardi (CIGA, UNAM), Juan Pablo Gutiérrez Reyes (CIPPS, UNAM). Proyecto n° IV100520. Financiado por el Programa de Apoyo a Proyectos de Investigación e Innovación Tecnológica (PAPIIT), de la Dirección General de Asuntos del Personal Académico (DGAPA), Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM). Ene 2021-Dic 2023).

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Alo, Uzoma Rita, Friday Onwe Nkwo, Henry Friday Nweke, Ifeanyi Isaiah Achi, y Henry Anayo Okemiri (2022). "Non-pharmaceutical interventions against COVID-19 pandemic: Review of contact tracing and social distancing technologies, protocols, apps, security and open research directions". *Sensors* 22 (280): 280.

- Araújo, Miguel B., Frederico Mestre, y Babak Naimi (2020). “Ecological and epidemiological models are both useful for SARS-COV-2”. *Nature Ecology & Evolution* 4: 1153-1154.
- Araújo, Miguel B., y Babak Naimi (2020). “Spread of SARS-COV-2 coronavirus likely to be constrained by climate”. *The Preprint Server for Health Sciences*.
- Balfour, Andrew (1914). “The wild monkey as a reservoir for the virus of yellow fever”. *The Lancet* 183 (4739): 1176-1178.
- Barbazza, E., y D. Ivankovic (2021). “What makes COVID-19 dashboards actionable? Lessons learned from international and country-specific studies of COVID-19 dashboards and with dashboard developers in the WHO European Region”. *European Journal of Public Health* 31 (3): 184.
- Begon, Michael, Malcolm Bennett, R. G. Bowers, Nigel P. French, S. M. Hazel, y J. Turne (2002). “A clarification of transmission terms in host-microparasite models: numbers, densities and areas”. *Epidemiology and Infection* 129: 147-153.
- Begon, Michael, y Colin R. Townsend (2021). *Ecology: from Individuals to Ecosystems*. 5th Edition. New Jersey: John Wiley & Sons.
- Behrmann, Ole, y Martin Spiegel (2020). “COVID-19: from rapid genome sequencing to fast decisions”. *Lancet Infectious Diseases* 20: 1218-1218.
- Cardona-Ospina, Jaime A., Valentina Henao-SanMartin, Wilmer F. Acevedo-Mendoza, Katherinn Melissa Nasner-Posso, Dayron F. Martinez-Pulgarin, Abril Restrepo-Lopez, Valentina Valencia-Gallego, Matthew H. Collins, y Alfonso J. Rodriguez-Morales (2019). “Fatal Zika virus infection in the Americas: A systematic review”. *International Journal of Infectious Diseases* 88: 49-59.
- Contina, Andrea, Scott W. Yanco, Alison K. Pierce, Michelle DePrenger-Levin, Michael B. Wunder, Andreas M. Neophytou, C. Phoebe Lostroh, Richard J. Telford, Blas M. Benito, Joseph Chipperfield, Robert B. O'Hara, y Colin J. Carlson (2020). Comment on “A global-scale ecological niche model to predict SARS-COV-2 coronavirus infection rate”, author Coro. *Ecological Modelling* 436: 109288.

- Coro, Gianpaolo (2020). "A global-scale ecological niche model to predict SARS-COV-2 coronavirus infection rate". *Ecological Modelling* 431: 109187.
- Christaki, Eirini (2015). "New technologies in predicting, preventing and controlling emerging infectious diseases". *Virulence* 6 (6): 554-561.
- Davis, Nelson C., y Raymond C. Shannon (1929). "Studies on South American yellow fever III. Transmission of the virus to Brazilian monkeys - Preliminary observations". *Journal of Experimental Medicine* 50: 81-85.
- Davis, Nelson C., y Raymond C. Shannon (1930). "The location of yellow fever virus in infected mosquitoes and the possibility of hereditary transmission". *American Journal of Hygiene* 11 (2): 335-344.
- Dhama, Kuldeep, Sharun Khan, Ruchi Tiwari, Shubhankar Sircar, Sudipta Bhat, Yashpal Singh Malik, Karam Pal Singh, Wanpen Chaicumpa, D. Katterine Bonilla-Aldana, y Alfonso J. Rodriguez-Morales (2020). "Coronavirus disease 2019-COVID-19". *Clinical Microbiology Reviews* 33 (4): e00028-20.
- Dong, Ensheng, Hongru Du, y Lauren Gardner (2020). "An interactive web-based dashboard to track COVID-19 in real time". *Lancet Infectious Diseases* 20: 533-534.
- Gallo, Luciana Guerra, Ana Flavia de Moraes Oliveira, Amanda Amaral Abrahao, Leticia Assad Maia Sandoval, Yure Rodrigues Araujo Martins, Maria Almiron, Fabiana Sherine Ganem dos Santos, Wildo Navegantes Araujo, Maria Regina Fernandes de Oliveira, y Henry Maia Peixoto (2020). "Ten epidemiological parameters of COVID-19: Use of rapid literature review to inform predictive models during the pandemic". *Frontiers in Public Health* 8: 598547.
- Ganesan, Sashikumaar, y Deepak Subramani (2021). "Spatio-temporal predictive modeling framework for infectious disease spread". *Scientific Reports* 11.
- Ghilardi, Adrián, Ilse Ruiz-Mercado, Antonio Navarrete, Emily Sturdivant, Roberto Velasco-Segura, Adrián Orozco, Ivan Franch-Pardo, Alejandra Larrazábal, Mariana Gascón, Carolina Teutle-Ixehuatl, Paola Salmán, y Antonio Vieyra (2020). "Plataforma de información geográfica de la UNAM sobre COVID-19 en México". *BioTecnología* 24 (3): 39-53.

- Greenhalgh, Trisha, Jose. L. Jimenez, Kimberly A. Prather, Zeynep Tufekci, David Fisman, y Robert Schooley (2021). “Ten scientific reasons in support of airborne transmission of SARS-COV-2”. *Lancet* 397: 1603-1605.
- Hutchinson, Evelyn G. (1978). *An Introduction to Population Ecology*. New Haven: Yale University Press.
- Johnson, Erica, Luis Escobar, y Carlos Zambrana-Torrel (2019). “An ecological framework for modeling the geography of disease transmission”. *Trends in Ecology & Evolution* 34 (7): 655-668.
- Laemmert, Hugo W., y Henry W. Kumm (1950). “The Susceptibility of howler monkeys to yellow fever virus”. *American Journal of Tropical Medicine* 30 (5): 723-731.
- Lyshol, Heidi, y Petronille Bogaert (2021). “Dashboards for COVID-19: Lessons learned”. *European Journal of Public Health* 31 (3): 183.
- Malvy, Denis, Anita K. McElroy, Hilde de Clerck, Stephan Gunther, y Johan van Griensven (2019). “Ebola virus disease”. *Lancet* 393 (10174): 936-948.
- Mina, Mina J., Tim E. Peto, Marta Garcia-Finana, Malcolm G. Semple, e Iain E. Buchan (2021). “Clarifying the evidence on SARS-COV-2 antigen rapid tests in public health responses to COVID-19”. *The Lancet* 397 (10283): 1425-1427.
- Ortiz-Martínez, Yeimer, Andrés M. Patiño-Barbosa, y Alfonso J. Rodríguez-Morales (2017). “Yellow fever in the Americas: the growing concern about new epidemics”. *F1000Research* 6.
- Pegollo, L., C. Mazza, D. Girardi, E. Maggioni, G. Valente, M. Gaeta y A. Odone (2021). “Use and effectiveness of digital contact tracing during COVID-19 pandemic: a systematic review”. *European Journal of Public Health* 31: Issue Supplement 3.
- Petersen, Irene, Alexander Crozier, Iain Buchan, Michael J. Mina, y Johathan W. Bartlett (2021). “Recalibrating SARS-COV-2 antigen rapid lateral flow test relative sensitivity from validation studies to absolute sensitivity for indicating individuals shedding transmissible virus”. *Clinical Epidemiology* 13: 935-940.

- Prieto-Torres, David, Octavio Rojas-Soto, y Andrés Lira-Noriega (2020). “Ecological niche modelling and other tools for the study of avian malaria distribution in the Neotropics: a short literature review”. En *Avian malaria and related parasites in the Neotropical region: ecology, evolution, and systematics*, Diego Santiago-Alarcón, y Alfonso Marzal (eds.), pp. 251-280. New York: Springer International Publishing.
- Rahman, Mokhlesur, Kamal Chandra Paul, Amjad Hossain, Nawaz Ali, Shahinoor Rahman, y Jean-Claude Thill (2021). “Machine learning on the covid-19 pandemic, human mobility and air quality: A review”. *Ieee Access* 9: 72420-72450.
- Riley, Neil, y Johan Hansen (2021). “What is a covid dashboard?”. *European Journal of Public Health* 31.
- Rodríguez-Morales, Alfonso J., Jaime A. Cardona-Ospina, Silvia Fernanda Urbano-Garzon, y Juan Sebastian Hurtado-Zapata (2016a). “Prevalence of post-chikungunya infection chronic inflammatory arthritis: A systematic review and meta-analysis”. *Arthritis Care Research* 68 (12): 1849-1858.
- Rodríguez-Morales, Alfonso J., Wilmer E. Villamil-Gomez, y Carlos Franco-Paredes (2016b). “The arboviral burden of disease caused by co-circulation and co-infection of dengue, chikungunya and Zika in the Americas”. *Travel Medicine and Infectious Disease* 14 (3): 177-179.
- Rodríguez-Morales, Alfonso J., Alberto E. Paniz-Mondolfi, Álvaro A. Faccini-Martinez, Andrés F. Henao-Martinez, Julian Ruiz-Saenz, Marlen Martinez-Gutierrez, Lucia. E. Alvarado-Arnez, Jorge E. Gomez-Marin, Ruben Bueno-Mari, Yenddy Carrero, Wilmer E. Villamil-Gomez, D. Katterine Bonilla-Aldana, Ubydul Haque, Juan D. Ramirez, Juan-Carlos Navarro, Susana Lloveras, Kovy Arteaga-Livias, Cristina Casalone, Jorge L. Maguiña, Angel A. Escobedo, Marylin Hidalgo, Antonio C. Bandeira, Salim Mattar, Jaime A. Cardona-Ospina, y Jose A. Suarez (2021). “The constant threat of zoonotic and vector-borne emerging tropical diseases: Living on the edge”. *Frontiers in Tropical Diseases* 2: 676905.

- Stephens, Christopher R., Constantino González-Salazar, y Pedro Romero Martínez (2022). “Does a respiratory virus have an ecological niche, and if so, can it be mapped? Yes and yes”. *The Preprint Server for Health Sciences*.
- Stratil, Jan M., Renke L. Biallas, Jacob Burns, Laura Arnold, Karin Geffert, Angela M. Kunzler, Ina Monsef, Julia Stadelmaier, Katharina Wabnitz, Tim Litwin, Clemens Kreutz, Ana H. Boger, Saskia Lindner, B. Verboom, Stephan Voss, y Ani Movsisyan (2021). “Non-pharmacological measures implemented in the setting of long-term care facilities to prevent sars-cov-2 infections and their consequences: a rapid review (Protocol)”. *Cochrane Database of Systematic Reviews 9: CD015085*.
- Tang, Xueying, Yang Yang, Hong-Jie Yu, Qiao-Hong Liao, y Nikolay Bliznyuk (2019). “A spatio-temporal modeling framework for surveillance data of multiple infectious pathogens with small laboratory validation sets”. *Journal of the American Statistical Association* 114: 1561-1573.
- Trapido, Harold, y Pedro Galindo (1956). “The epidemiology of yellow fever in Middle America”. *Experimental Parasitology* 5: 285-323.
- Uddin, Mohammed, Farah Mustafa, Tahir A. Rizvi, Tom Loney, Hanan AlSuwaidi, Ahmed H. Hassan Al-Marzouqi, Afaf Kamal Eldin, Nabeel Alsabeeha, Tomas E. Adrian, Cesare Stefanini, Norbert Nowotny, Alawi Alsheikh-Ali, y Abiola C. Senok (2020). “SARS-COV-2/COVID-19: Viral genomics, epidemiology, vaccines, and therapeutic interventions”. *Viruses-Basel* 12 (526).
- Vargas-Mendez, O., y N. W. Elton (1953). “Naturally acquired yellow fever in wild monkeys of Costa-Rica”. *American Journal of Tropical Medicine and Hygiene* 2 (5): 850-863.
- Wilder-Smith, Annelies, Eng-Eong Ooi, Olaf Horstick, y Bridget Wills (2019). “Dengue”. *The Lancet* 393 (393): 350-363.
- Wilson, Mary Elizabeth (2008). “New and emerging infectious diseases preface”. *Medical Clinics of North America* 92 (6): XIII-XVIII.
- Zetterholm, My Villius, Yanqing Lin, y Päivi Jokela (2021). “Digital contact tracing applications during COVID-19: A scoping review about public acceptance”. *Informatics-Basel* 8 (3): 48.

Efectos de la pandemia por COVID-19 en la contaminación ambiental

11

Pamela Chávez-Ortíz
José Alberto Morón-Cruz

Posgrado en Ciencias Biológicas, UNAM

INTRODUCCIÓN

La pandemia ocasionada por el virus SARS-COV-2 que se detectó por primera vez en Wuhan, China en 2019, trajo cambios indudables en nuestro modo de vida. Para controlar la transmisión de la enfermedad de COVID-19, en muchos países se utilizaron medidas como el confinamiento y el aislamiento social, el cierre de industrias, la detención de actividades no esenciales, la utilización de cubrebocas o mascarillas faciales para la población en general y el personal médico, y la utilización de otros tipos de equipos de protección como guantes y caretas de plástico. Además, al no tener un medicamento específico para detener la propagación del nuevo virus, se recetaron tratamientos con medicamentos existentes, ya fuera para tratar síntomas como fiebre, dolor e inflamación o para intentar desactivar el virus en el organismo y tratar infecciones secundarias. Sin embargo, más allá del efecto de estas medidas en el control del contagio del virus y en la disminución de casos graves y de decesos, es importante analizar los efectos ambientales a corto y largo plazo que podrían tener nuestras acciones durante el periodo de esta pandemia. Para este capítulo investigamos, con base en diversas publicaciones científicas, los datos reportados sobre estos impactos ambientales, específicamente los relaciona-

dos con la contaminación ambiental, los efectos del confinamiento y el cierre de industrias en la calidad del aire, los riesgos ambientales potenciales por el aumento de desechos plásticos provenientes del uso de equipo de protección médica, y la potencial contaminación del agua debido al aumento en el empleo de algunos medicamentos.

Efectos en la atmósfera

Calidad del aire, salud y cambios de las concentraciones de contaminantes en el mundo

La calidad del aire se ve afectada por contaminantes atmosféricos, conformados principalmente por una mezcla de gases, materia particulada (PM) y materiales biológicos que constituyen un problema de salud crítico global que afecta a la población mundial (Viteri *et al.*, 2021). La diferencia entre la calidad del aire aceptable e inaceptable es su asociación con el daño a los seres humanos en términos de enfermedades respiratorias asociadas con los contaminantes del aire (Vallero, 2014). Los contaminantes atmosféricos son de extrema importancia, pues además de tener distintos efectos sobre la química de nuestro planeta, como la ruptura de la capa de ozono (O_3) y el efecto invernadero, también repercuten en la salud, pues de acuerdo con la Organización Mundial de la Salud (OMS) se estima que anualmente alrededor de 4.2 millones de muertes son causadas por la contaminación del aire y que el 91% de la población mundial vive en lugares donde los niveles de contaminación exceden los límites establecidos (World Health Organization [WHO], 2022).

Los estudios de contaminación atmosférica se enfocan en evaluar principalmente las concentraciones de los gases y las partículas que causan daños tanto a la salud como al ambiente, como óxidos de nitrógeno [(NO_x)] (principalmente dióxido de nitrógeno (NO_2)), dióxido de carbono (CO_2), monóxido de carbono (CO), dióxido de azufre (SO_2), ozono (O_3), la materia particulada con un diámetro menor a 2.5 micrómetros ($PM_{2.5}$) o menor a 10 micrómetros

(PM_{10}) y compuestos orgánicos volátiles (COV). La materia particulada consiste en agregados de distintas moléculas que son formadas y transportadas en el aire por diversos procesos. No es un compuesto químico específico, sino mezclas de partículas diferentes, con diversidad en cuanto a tamaño, composición y propiedades químicas (Vallero, 2014). Si las partículas son lo suficientemente pequeñas y de poca masa, como en el caso de las $PM_{2.5}$, pueden quedar suspendidas en el aire durante largos periodos de tiempo. Las emisiones de $PM_{2.5}$ se atribuye principalmente a las industrias, el transporte, los procesos de combustión y el manejo de residuos y polvos (Chen *et al.*, 2020). Las PM_{10} , que son partículas más grandes, se encuentran sobre todo en el humo u hollín (Vallero, 2014). Las $PM_{2.5}$ son las de mayor preocupación para la salud humana, ya que tienen la capacidad de penetrar directamente en los pulmones (Vallero, 2014).

Para controlar la transmisión del virus SARS-COV-2, en muchos países se establecieron medidas de restricción, detención de actividades no esenciales y confinamiento de la población, lo cual provocó efectos en las emisiones de contaminantes atmosféricos (Selvam *et al.*, 2020; Xiang *et al.*, 2020; Vega *et al.*, 2021). En la mayor parte del mundo, la pandemia detuvo actividades económicas y de transporte, incluyendo el turismo, la industria, el transporte público, los vuelos y los barcos turísticos, con lo que se redujo la demanda y suministro de energía, así como la disminución de las emisiones de distintos gases que afectan la calidad del aire (Marinello *et al.*, 2021). De hecho, durante el confinamiento por la pandemia del COVID-19, varios estudios reportaron disminuciones de $PM_{2.5}$ y PM_{10} debido a la disminución de actividad industrial en países como India (Selvam *et al.*, 2020) y debido a la disminución del volumen del tráfico en Estados Unidos, India y Colombia (Méndez-Espinosa *et al.*, 2020; Xiang *et al.*, 2020; Vega *et al.*, 2021). En Estados Unidos se determinó que en lugares donde se redujeron en mayor medida las $PM_{2.5}$ fueron aquellos con grandes áreas urbanas, en los que el tráfico excedía los promedios nacionales en condiciones anteriores al confinamiento por COVID-19 (Chen *et al.*, 2020).

Otros compuestos que también disminuyeron durante el periodo de confinamiento por el COVID-19 fueron los óxidos de nitrógeno (NO_x), que incluyen el óxido nítrico (NO) y el dióxido de nitrógeno (NO_2). El NO_2 es un

contaminante crítico según los Estándares Nacionales de Calidad del Aire Ambiental (NAAQS, por sus siglas en inglés) de Estados Unidos, ya que tiene efectos directos sobre la salud. La exposición a corto plazo al NO_2 puede provocar efectos respiratorios, como el número y la gravedad de los episodios de asma, así como causar inflamación de las vías respiratorias en personas sanas (Vallero, 2014). Las principales fuentes de emisiones de NO_x son el transporte, la producción de energía y el sector comercial (Marinello *et al.*, 2021). En países como la India, Estados Unidos, China, Brasil, Colombia, Austria, España, Nueva Zelanda y ciudades como Londres, se identificaron reducciones de algún NO_x durante el periodo de confinamiento por el COVID-19 (Méndez-Espinosa *et al.*, 2020; Patel *et al.*, 2020; Selvam *et al.*, 2020; Xiang *et al.*, 2020; Hörmann *et al.*, 2021; Vega *et al.*, 2021; Viteri *et al.*, 2021).

Además de los efectos sobre la salud asociados con la exposición al NO_2 , gran parte de la preocupación por regular las emisiones de compuestos de nitrógeno se centra en suprimir las reacciones en la atmósfera que generan la molécula altamente reactiva de ozono. Los NO_x , junto con los compuestos orgánicos volátiles (COV), juegan un papel clave en la formación del ozono (O_3). El ozono se forma fotoquímicamente, es decir, la reacción es provocada o acelerada por la energía de la luz en la troposfera (Vallero, 2014). Dado que los humanos y otros organismos viven y respiran en la troposfera, el ozono troposférico causa problemas de salud en los humanos y daños a la vegetación y la vida silvestre (Vallero, 2014). Por ejemplo, la entrada de concentraciones elevadas de ozono a los pulmones provoca tos, dificultad en la respiración y dolor al respirar profundamente, además de que es altamente reactivo con los tejidos y causa enfermedades cardiopulmonares (Vallero, 2014).

Durante el confinamiento por COVID-19, el ozono (O_3) mostró tendencias opuestas a los otros gases estudiados, pues algunos trabajos reportaron un aumento de sus concentraciones en India, Reino Unido y Brasil (Selvam *et al.*, 2020; Siciliano *et al.*, 2020; Vega *et al.*, 2021). Sin embargo, en algunos lugares, como distintas ciudades de Estados Unidos, China y en algunas regiones de India, el O_3 no presentó un patrón claro, mostrando aumentos y disminuciones (Chen *et al.*, 2020; Singh *et al.*, 2020; Liu *et al.*, 2021). Se reporta que en

regiones donde disminuyeron los óxidos de nitrógeno (NO_x), pero en los que había disponibilidad de compuestos orgánicos volátiles (COV), hubo aumento de O_3 (Marinello *et al.*, 2021), lo cual ocurrió en las zonas más pobladas. Al igual que como sucede con los NO_x , una de las fuentes principales de COV es el tráfico vehicular (Liu *et al.*, 2021), específicamente los vehículos ligeros y motocicletas. Siciliano *et al.* (2021) determinaron que la composición química de los combustibles es un factor que debe controlarse para disminuir los COV que ocasionan el aumento de los niveles de O_3 . Además, debido a que este contaminante es producto de reacciones fotoquímicas, la disminución de humo y hollín debido a la disminución del transporte pesado puede aumentar la incidencia de luz ultravioleta, lo que acelera la formación de O_3 (Dantas *et al.*, 2019).

El dióxido de carbono (CO_2), uno de los gases de efecto invernadero producto de las emisiones provenientes del transporte, fábricas y producción de energía, también mostró una disminución durante la pandemia. De acuerdo con Le Quéré *et al.* (2021), las emisiones de CO_2 en el año 2020, disminuyeron 2.6 gigatoneladas (Gt), una reducción que no había sido observada anteriormente.

Por último, otros dos gases cuantificados en diversos estudios de calidad del aire durante el periodo de aislamiento por el COVID-19, pero en menor medida, fueron el monóxido de carbono (CO) y el dióxido de azufre (SO_2). El CO es producto de la combustión incompleta de compuestos orgánicos. Diversos estudios realizados concuerdan con que las emisiones de CO disminuyeron, debido al menor tráfico de vehículos que utilizan combustibles fósiles y a las restricciones en la industria manufacturera y a las plantas de producción de energía (Chen *et al.*, 2020; Selvam *et al.*, 2020; Singh *et al.*, 2020; Xiang *et al.*, 2020; Vega *et al.*, 2021; Viteri *et al.*, 2021). El CO provoca varios efectos en la salud al unirse e interferir con las proteínas hemo (por ejemplo, la hemoglobina que se encuentra en la sangre). Otros efectos potenciales incluyen daño al sistema nervioso central, al sistema respiratorio y a la reproducción y desarrollo prenatal. En concentraciones suficientemente altas, la exposición al CO puede ser mortal.

El dióxido de azufre (SO_2), en cambio, es un gas que forma ácidos en la atmósfera, especialmente el ácido sulfúrico (H_2SO_4), que es un componente clave de la lluvia ácida, por lo que causa daños materiales y a los cultivos cuando se depositan aerosoles ácidos tanto líquidos y sólidos. El SO_2 también tiene repercusiones en la salud debido a que es un irritante respiratorio y causa problemas de visibilidad, especialmente cuando las partículas de sulfato están suspendidas en la atmósfera (Vallero, 2014). El SO_2 es producido principalmente por operaciones industriales y procesos de generación de energía. El SO_2 ha sido uno de los contaminantes menos estudiados durante el periodo de confinamiento de acuerdo a una revisión realizada por Marinello *et al.* (2021). La mayoría de los trabajos que cuantificaron este compuesto reportaron disminuciones (Selvam *et al.*, 2020; Marinello *et al.*, 2021).

Cabe mencionar que la mayor parte de las reducciones de contaminantes atmosféricos fueron observadas en zonas urbanas, con actividades industriales y de transporte, mientras que en zonas rurales no se observaron las mismas tendencias. Durante la pandemia, se observó un aumento en la deforestación (McNeely, 2021), que es una actividad de preocupación para la incidencia de enfermedades respiratorias, como la COVID-19, debido a que la subsecuente quema de la biomasa forestal puede hacer más susceptible a la población cercana a problemas respiratorios (Brancalion *et al.*, 2020). Algunos de los contaminantes atmosféricos liberados por las quemaduras de bosques son las $\text{PM}_{2.5}$ (Lelieveld *et al.*, 2015), el monóxido de carbono (CO) y el dióxido de carbono (CO_2) (Malilay, 1999). Además, la deforestación aumenta las interacciones entre la vida silvestre y los seres humanos, lo que propicia el surgimiento de nuevas enfermedades de origen zoonótico (Brancalion *et al.*, 2020). De acuerdo con el World Resources Institute, hubo una pérdida 12% mayor de bosques primarios en el 2020 en comparación con el 2019, y un 11% mayor en comparación con el 2021, principalmente debido a pérdidas por incendios (Weisse y Goldman, 2021). Este aumento se le atribuye a la relajación de medidas de protección de las áreas naturales durante la pandemia, y al recorte de presupuesto a organizaciones ambientales, que desencadenó una disminución en la vigilancia (Comisión Económica para América

Latina y el Caribe [CEPAL], 2020; McNeely, 2021). Brasil fue uno de los países más afectados durante el 2020, pues las multas ambientales disminuyeron un 72% en la región del Amazonas; sin embargo, la deforestación alcanzó los 4,719 km² en el periodo de enero a julio de 2020, el mayor nivel de deforestación alcanzado desde el comienzo de los registros en 2015 (Vale *et al.*, 2021), lo cual ha sido atribuido principalmente al cambio de uso de suelo para la ganadería (McNeely, 2021). En México, se reportó una disminución del área total de bosque primario húmedo del 1.5% en el año 2020, en comparación con el 2019 (Global Forest Watch, 2022).

Calidad del aire y COVID-19 en México y en otros países

México ha sido poco estudiado en cuanto a las emisiones de contaminantes del aire durante la pandemia. De acuerdo con la revisión realizada por Marinello *et al.* (2021), los países con más trabajos relacionados con la contaminación atmosférica durante este periodo fueron China e India, seguidos de Italia, Estados Unidos y España, que a su vez son los países que inicialmente fueron más afectados por la pandemia. En un trabajo realizado por Vega *et al.* (2021), se estudiaron los cambios en ciudades que no cumplían con los límites establecidos por la Organización Mundial de la Salud (OMS) relacionado con los contaminantes del aire, entre éstas, la Ciudad de México. En el periodo estudiado de enero a agosto del 2020, se encontró que en la Ciudad de México disminuyeron los contaminantes PM_{10} , $PM_{2.5}$, dióxido de nitrógeno (NO_2) y monóxido de carbono (CO), siendo el CO el contaminante con mayor cambio (una reducción del 40%). Sin embargo, se encontró un aumento en las concentraciones de ozono (O_3). Estos cambios pueden estar relacionados principalmente en una reducción del tráfico vehicular (en un 59%) en la Ciudad de México.

Debido a que la COVID-19 es una enfermedad respiratoria que puede empeorar debido a niveles altos de contaminantes atmosféricos, Cabrera-Cano *et al.* (2021) investigaron si la mortalidad de esta enfermedad se relacionaba con una mayor concentración de algún contaminante atmosférico en 25 ciu-

dades mexicanas,¹ tomando como criterio de inclusión que éstas contaran con un sistema de monitoreo continuo de calidad del aire, considerando los niveles de PM_{10} , $PM_{2.5}$ y NO_2 , además de casos confirmados de SARS-COV-2. En este estudio se encontró una asociación significativa entre el NO_2 y el incremento de la tasa de mortalidad de COVID-19, aumentando ésta en un 3.5% por cada incremento de $1 \mu g m^{-3}$ de NO_2 . Resultados similares se han obtenido en otros países, como en Inglaterra (Travaglio *et al.*, 2021), donde los óxidos de nitrógeno (NO y NO_2) resultaron predictores significativos para el aumento de casos de COVID-19, independientemente de la densidad de la población, y junto con la concentración de ozono y la densidad poblacional, para el número de muertes. En Estados Unidos, Liang *et al.* (2020) identificaron también asociaciones positivas entre NO_2 y las tasas de mortalidad por COVID-19. Copat *et al.* (2020) identificaron a los contaminantes $PM_{2.5}$ y NO_2 como factores que aumentan la propagación y letalidad del COVID-19. Paital y Agrawal (2021) explican que esto se debe a que los contaminantes como NO_2 y $PM_{2.5}$, aumentan la expresión de una enzima llamada ACE-2, presente en células epiteliales de los pulmones. Esta enzima es el receptor en las células humanas para los SARS-COV-1 y SARS-COV-2, lo que explica un aumento en la severidad de la enfermedad en lugares con niveles altos de contaminantes (Paital y Agrawal, 2021).

La disminución de contaminantes atmosféricos durante el confinamiento puede haber sido por lo tanto una ventaja para sobrellevar la pandemia. Un análisis en España reportó que la disminución de 45% de los niveles de NO_2 se asoció con una disminución significativa del número de muertes (Achebak *et al.*, 2021). Otro estudio realizado en China y Europa (Giani *et al.*, 2020) reportó que la disminución de partículas finas ($PM_{2.5}$) de 29.7% y 17.1%, respectivamente, evitó aproximadamente 24,200 muertes prematuras en China entre el 1 de febrero y 31 de marzo y 2,190 muertes en Europa en el periodo de 21 de febrero al 17 de mayo de 2020. Achebak *et al.* (2021) mencionan que las

¹ Ciudad de México, Celaya, Durango, Guadalajara, Guanajuato, Irapuato, León, Mérida, Mexicali, Monterrey, Morelia, Nogales, Oaxaca, Pachuca, Piedras Negras, Puebla, Salamanca, Silao, San Luis Potosí, San Miguel de Allende, Tepic, Tijuana, Toluca, Villahermosa y Zacatecas.

reducciones permanentes en las emisiones de contaminantes tendrían efectos positivos, incluyendo menores impactos de epidemias causadas por enfermedades respiratorias.

CONTAMINACIÓN POR AUMENTO DE RESIDUOS PLÁSTICOS

Una gran preocupación derivada del manejo de la pandemia de COVID-19 ha sido el aumento de residuos plásticos, entre los cuales destacan los cubrebocas, los plásticos derivados de la realización de pruebas para la detección del virus y los desechos médicos, como envases de desinfectantes, jeringas, caretas y guantes. Se estima que durante los primeros meses del 2020 se utilizaron al mes 129,000 millones de cubrebocas y 65,000 millones de guantes desechables en todo el mundo (Prata *et al.*, 2020). Las mascarillas desechables están compuestas de distintos polímeros plásticos, como polipropileno, poliuretano, poliacrilonitrilo, poliesterino, policarbonato y poliéster (Fadare y Okoffo, 2020), y los guantes protectores están hechos principalmente de polietileno, látex y nitrilo (Benson *et al.*, 2021). Todos estos materiales generan contaminación por plásticos y partículas plásticas (Fadare y Okoffo, 2020).

El mal manejo de residuos de polímeros plásticos genera microplásticos, los cuales tienen grandes impactos ambientales, incluyendo impactos en la biota acuática (Aragaw, 2020). Los microplásticos son el resultado de la degradación de plástico bajo condiciones ambientales por procesos como hidrólisis, degradación térmica, fotodegradación y degradación termo-oxidativa (Sharma y Chatterjee, 2017). Los microplásticos son fragmentos menores a 5 mm de diámetro que pueden ser ingeridos por distintos organismos y, por lo tanto, entran a la cadena alimenticia más fácilmente que los plásticos grandes, acumulándose en la biomasa de los organismos (Wagner *et al.*, 2014). Además, estas partículas pueden adsorber contaminantes orgánicos del medio y servir como vectores de éstos al ser ingeridos. Los contaminantes orgánicos de mayor preocupación en cuanto a la adsorción en microplásticos son los contaminantes orgánicos persistentes (COP), compuestos químicos difíciles de

degradar en el ambiente, que persisten en suelos, sedimentos, aire y biota y tienen una vida media (periodo que tardan en degradarse) desde años hasta décadas en suelos y sedimentos (Jones y De Voogt, 1999). Algunos de los contaminantes orgánicos persistentes reportados que pueden adsorberse a microplásticos son aquellos derivados de los hidrocarburos, como el fenantreno, y plaguicidas hidrofóbicos, como el DDT (Bakir *et al.*, 2012). Los microplásticos, por lo tanto, son considerados un problema global emergente y pueden llegar a contaminar sistemas acuáticos por la disposición directa de residuos en estos ecosistemas y a partir de efluentes provenientes de plantas de tratamiento de residuos sólidos o por la escorrentía proveniente de los tiraderos municipales (Shen *et al.*, 2021).

Existen pocos estudios que hayan determinado la contaminación por estos desechos asociados con la actual pandemia de COVID-19. Akhbarizadeh *et al.* (2021) encontraron diferentes tipos de equipo de protección para COVID-19 desechados en la costa del Golfo Pérsico, con predominancia de mascarillas (1578) y guantes (804) en un periodo de cuatro muestreos realizados a lo largo de 40 días. Con ayuda de observaciones al microscopio, se encontró que más del 10% de los residuos tuvieron un daño significativo en su estructura física, lo que indica que este material pudo haber generado una cantidad significativa de microplásticos que probablemente se liberaron en los sistemas acuáticos. Shen *et al.* (2021) determinaron que una sola mascarilla después del primer uso, al colocarse dentro de un contenedor con agua, liberaba 24,000 elementos de microplásticos, lo que aumentaba si la mascarilla era lavada con alcohol (27,000 elementos) o con detergente (28,800 elementos); esto para simular la reutilización de mascarillas desechables que se llegó a dar durante la pandemia debido a su escasez. En este mismo trabajo, se determinó que la cantidad de microplásticos liberados aumenta con el tiempo de uso, y que al desechar la mascarilla, puede liberar más de 100 millones de partículas de microplásticos en un periodo de dos meses en condiciones ambientales naturales (Shen *et al.*, 2021).

Menos estudios existen relacionados con los residuos plásticos en el suelo; sin embargo, un trabajo realizado a lo largo de un transecto de 250 km en

Quebec, Canadá, reportó que en un periodo de 10 días de muestreo se encontraron 70 mascarillas faciales, de las cuales el 76% eran desechables (France, 2022). La disposición correcta de equipos de protección médica, incluyendo mascarillas, guantes y otros objetos, involucra su destrucción por calor o incineración, debido al riesgo potencial de contaminación biológica; sin embargo, estos lineamientos están diseñados para personal médico y no para la población en general (Benson *et al.*, 2021), por lo que es necesario revisar alternativas a la utilización de equipos plásticos. En México, la Secretaría del Medio Ambiente (SEDEMA) propone que estos residuos potencialmente biológico-infecciosos deben de desecharse en bolsas separadas marcadas como “residuos inorgánicos sanitarios no reciclables” (SEDEMA, 2020). Algunas alternativas propuestas para evitar generar más residuos plásticos, consisten en el desarrollo de equipo de protección médico fabricado por plásticos biodegradables (Haddad *et al.*, 2021). En el caso de las mascarillas o cubrebocas de uso no médico, se ha determinado que la mejor alternativa es utilizar materiales como algodón de 600 TPI (Hartanto y Mayasari, 2021).

EFECTOS DE LA CONTAMINACIÓN DEL AGUA POR FÁRMACOS

Distintos productos farmacéuticos, como antibióticos, antirretrovirales, anti-palúdicos, antiinflamatorios no esteroideos y analgésicos, se han utilizado para tratar la COVID-19 y sus síntomas, como la fiebre y el dolor agudo (Gwenzi *et al.*, 2022). Sin embargo, existe una creciente preocupación sobre la contaminación potencial de sistemas acuáticos con estos medicamentos debido al incremento en su uso.

En los sistemas acuáticos podemos encontrar residuos de medicamentos y fármacos sin metabolizar. Las inyecciones y los ungüentos tienen un bajo riesgo de contaminación ambiental debido a su asimilación en el organismo, mientras que los fármacos orales tienen un mayor riesgo, ya que se metabolizan en menor medida y pueden excretarse como sustancias activas, por lo que a través de los drenajes de casas, hospitales, clínicas e industrias farmacéuticas

terminan en las plantas de tratamiento de aguas residuales, cuyos efluentes son descargados eventualmente en sistemas acuáticos superficiales y subterráneos, por medio de escurrientías, descargas directas, derrames accidentales e infiltraciones (O'Flynn *et al.*, 2021; Gwenzi *et al.*, 2022). Los fármacos son, por lo tanto, considerados contaminantes de preocupación emergente, que se definen como sustancias que tienen el potencial de entrar al ambiente y ocasionar efectos adversos ecológicos y a la salud humana, pero que aún no están regulados y cuyo destino y efectos secundarios son poco entendidos (O'Flynn *et al.*, 2021).

Durante la pandemia ocasionada por el virus SARS-COV-2 hubo un aumento de producción de aquellos fármacos que potencialmente podían controlar los síntomas de la enfermedad y un aumento de su utilización a medida que el número de casos de contagios aumentaba. Entre estos fármacos se encuentran analgésicos, como paracetamol; antibióticos como azitromicina; algunos medicamentos contra el cáncer como antroquinol, ruxolitinib y tamoxifeno; antipalúdicos como cloroquina e hidroxicloroquina; antiinflamatorios no esteroideos como aspirina (ácido acetilsalicílico), dexametasona e ibuprofeno; antivirales como ribavirina y oseltamivir; antirretrovirales como lopinavir; e incluso antiparasitarios de uso veterinario, como la ivermectina (Gwenzi *et al.*, 2022). La estructura química de cada uno de estos fármacos determina su solubilidad en agua, bioacumulación, biotransformación, degradación por fotólisis, degradación microbiana, adsorción en partículas de sedimentos, destino ambiental, persistencia en el ambiente y riesgo para animales y humanos (Gwenzi *et al.*, 2022).

No se encontraron trabajos que evaluaran concentraciones de medicamentos en sistemas acuáticos comparando el periodo del COVID-19 con años anteriores. Sin embargo, sí se reportaron predicciones y estimaciones que fueron utilizados en diversos trabajos para evaluar el riesgo ambiental potencial de algunos de los fármacos más utilizados como tratamiento para el virus del SARS-COV-2. Tarazona *et al.* (2021) tomaron en cuenta los datos reportados de toxicidad de los fármacos para diferentes organismos (peces, algas, bacterias, crustáceos e invertebrados) y la concentración en que los fár-

macos pueden llegar a encontrarse en el agua, con lo que concluyeron que hay un mayor riesgo ambiental para los medicamentos ivermectina y azitromicina, y menor riesgo para las cloroquinas y la dexametasona, a pesar de que el primero tuvo una vida media mayor en el agua (su periodo de degradación es más largo). En cambio, Kuroda *et al.* (2021) predijeron un mayor riesgo ecotóxico para antivirales como favipiravir, lopinavir, umifenovir y ritonavir; un riesgo medio para cloroquina, hidroxicloroquina, remdesivir y ribavirin; y un riesgo bajo para dexametasona y osetalmivir, al utilizar un análisis que predecían las concentraciones ambientales de los medicamentos calculadas a partir de un número estimado de pacientes tratados con los fármacos.

Es importante tomar en cuenta el uso desmedido que se le puede dar a algunos medicamentos para determinar el impacto ambiental que éstos podrían causar. En mayo de 2021 fue publicado un estudio hecho en México sobre la efectividad de la ivermectina para tratamiento del COVID-19. Sin embargo, en febrero de 2022, el artículo fue retractado debido a que difundía información engañosa, así como otros problemas éticos (SocArXiv, 2021, 2022). Este artículo fue de los más leídos en la revista SocArXiv durante el 2021, y se reportó que el gobierno de la Ciudad de México compró 293,000 cajas de ivermectina (Camahí, 2022; Sarabia, 2022), que entregó a ciudadanos como kit de tratamiento de la enfermedad de COVID-19 cuando resultaban positivos al virus. Este medicamento no está aprobado por la Organización Mundial de la Salud (OMS) como tratamiento para el COVID-19; sin embargo, está confirmado que tiene una toxicidad moderada para peces y algas, y extremadamente alta para invertebrados (Domingo-Echaburu *et al.*, 2021), que es capaz de reducir significativamente poblaciones de nemátodos y que puede bioacumularse en los organismos acuáticos que consumimos como alimento (Essid *et al.*, 2020; Tarazona *et al.*, 2021). Además, se estima que su uso y descarga en aguas residuales por el 0.05% de la población mundial puede tener impactos ambientales negativos, no sólo en el agua, sino también en suelos, debido a que puede llegar a éstos por la aplicación de lodos provenientes del tratamiento de aguas residuales como fertilizantes en cultivos agrícolas (Domingo-Echaburu *et al.*, 2021; Tarazona *et al.*, 2021). La presencia

de estos fármacos y de otros antimicrobianos, puede ocasionar cambios en la microbiota nativa del suelo, y alterar las poblaciones de microorganismos como bacterias y hongos benéficos que regulan los ciclos biogeoquímicos de los nutrientes en el suelo (Usman *et al.*, 2020).

La tasa de consumo de ciertos medicamentos antimicrobianos (antivirales, antifúngicos y antibióticos) ha aumentado durante la pandemia de COVID-19 en un esfuerzo de minimizar los riesgos de infecciones severas y de mortalidad (Kumar *et al.*, 2021). La Organización Panamericana de la Salud (OPS) estima que un 90% de pacientes hospitalizados por COVID-19 llegaron a recibir tratamiento antimicrobiano, a pesar de que sólo el 7% mostró infecciones secundarias (OPS, 2021). El aumento del consumo de fármacos antimicrobianos aumenta su concentración en los efluentes de hospitales, casas y plantas de tratamiento de aguas residuales, donde también pueden encontrarse microorganismos patógenos (virus, bacterias y hongos) y ocasionar un aumento en la resistencia a antibióticos (Kumar *et al.*, 2021).

Los medicamentos que potencialmente pueden causar estos efectos son antivirales como remdesivir, ravipiravir, umiferovir, ritonavir; antiparasitarios como ivermectina y clorquinona; y antibióticos como azitromicina y ciprofloxacino (Kuroda *et al.*, 2021; O'Flynn *et al.*, 2021). Algunos medicamentos, como la azitromicina y el ciprofloxacino se han detectado en sistemas acuáticos de Estados Unidos por encima de las concentraciones límite permitidas, lo que puede llevar al desarrollo, mantenimiento y dispersión de las bacterias resistentes en ambientes naturales (O'Flynn *et al.*, 2021).

En países como México, se ha detectado un aumento de microorganismos de interés médico resistentes a antibióticos, principalmente bacterias. En México, se reportó que en el periodo de 2007 al 2015, bacterias como *Acinetobacter baumannii*, *Enterococcus faecium*, *Klebsiella pneumoniae* y *Pseudomonas aeruginosa* aumentaron su resistencia a distintos grupos de antibióticos, como cefalosporinas y carbapenémicos (Center for Disease Dynamics, Economics & Policy [CDDEP], 2022). Durante la segunda mitad de 2020, el año en que llegó el virus SARS-CoV-19 a México, se reportó un aumento de resistencia antimicrobiana, en comparación con el segundo semestre de 2019, para

Klebsiella pneumoniae, *Enterococcus faecium*, *Escherichia coli*, *Pseudomonas aeruginosa* y *Staphylococcus aureus* (López-Jácome *et al.*, 2022). Actualmente, la Organización Panamericana de la Salud (OPS), junto con otras organizaciones, trabajan en conjunto para crear un plan global que ayude a controlar la resistencia antimicrobiana (Secretaría de Salud, 2021). Es importante tomar en cuenta el aumento de resistencia a antibióticos por la contaminación de sistemas acuáticos y, por lo tanto, realizar nuevas investigaciones sobre cómo mejorar nuestras plantas de tratamiento de aguas residuales municipales para llevar a cabo procesos que aumenten la eficiencia de eliminación de antibióticos y otros fármacos.

CONCLUSIONES

La pandemia causada por el virus SARS COV-2 indudablemente ocasionó distintos impactos ambientales, algunos de ellos positivos, como la disminución de contaminantes atmosféricos (NO_x , CO, $\text{PM}_{2.5}$, PM_{10} , SO_4). La realización de estudios sobre el cambio en estos contaminantes durante la pandemia fue una oportunidad para probar los posibles efectos de políticas y estrategias dedicadas a mejorar la calidad del aire que pueden ser utilizadas en un futuro. La disminución en la contaminación atmosférica se dio principalmente en las ciudades más pobladas, donde se realizan más actividades industriales y hay una mayor movilidad vehicular. Sin embargo, en diversos estudios se identificó que estos cambios fueron temporales y el retorno a las actividades ha ocasionado que las concentraciones de estos gases vuelvan a sus concentraciones iniciales, anteriores a la pandemia.

Por otra parte, la pandemia favoreció al incremento de residuos sólidos como mascarillas, guantes y demás equipo de protección médica fabricado con materiales plásticos. Esto generó impactos negativos para los sistemas acuáticos, debido a la posible generación de microplásticos, que llevan consigo moléculas tóxicas para los peces y otros organismos y que pueden llegar a los seres humanos por medio de la cadena alimentaria. Debido a que a la fecha la

utilización de cubrebocas o mascarillas sigue siendo reglamentaria en lugares de trabajo, escuelas, comercio y transporte público, es necesario comenzar a buscar opciones para una mejor disposición y un mejor manejo de residuos plásticos. La población en general, para disminuir la generación de este tipo de residuos, puede optar por la utilización de cubrebocas reutilizables, como aquellos fabricados en tela de algodón. Sin embargo, el personal médico necesita equipo que brinde mayor protección, por lo que es indispensable continuar con investigaciones sobre materiales biodegradables que a su vez puedan cumplir con los requerimientos necesarios para proteger contra enfermedades infecciosas.

Por último, para disminuir las consecuencias por la contaminación de agua por fármacos, es indispensable promover el uso responsable de medicamentos y evitar la automedicación, ya que el empleo descontrolado de medicamentos antimicrobianos puede generar efectos como la ecotoxicidad y el aumento de la resistencia microbiana.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Achebak, Hicham, Hervé Petetin, Marcos Quijal-Zamorano, Dene Bowdalo, Carlos Pérez García-Pando, y Joan Ballester (2021). "Trade-offs between short-term mortality attributable to NO₂ and O₃ changes during the COVID-19 lockdown across major Spanish cities". *Environmental Pollution* 286: 117220.
- Akhbarizadeh, Razegheh, Sina Dobaradaran, Iraj Nabipour, Mahbubeh Tangestani, Delaram Abedi, Fatemeh Javanfekr, Faezeh Jeddi, y Atefeh Zendehtoodi (2021). "Abandoned Covid-19 personal protective equipment along the Bushehr shores, the Persian Gulf: An emerging source of secondary microplastics in coastlines". *Marine Pollution Bulletin* 168: 112386.
- Aragaw, Tadele A. (2020). "Surgical face masks as a potential source for microplastic pollution in the COVID-19 scenario". *Marine Pollution Bulletin* 159: 111517.

- Bakir, Adil, Steven J. Rowland, y Richard C. Thompson (2012). “Competitive sorption of persistent organic pollutants onto microplastics in the marine environment”. *Marine Pollution Bulletin* 64 (12): 2782-2789.
- Benson, Nsikak U., David E. Basse, y Thavamani Palanisami (2021). “COVID pollution: impact of COVID-19 pandemic on global plastic waste footprint”. *Heliyon* 7(2): e06343.
- Brancalion, Pedro H. S., Eben N. Broadbent, Sergio de-Miguel, Adrián Cardil, Marcos R. Rosa, Catherine T. Almeida, Danilo R. A. Almeida, Shourish Chakravarty, Mo Zhou, Javier G. P. Gamarra, Jingjing Liang, Renato Crouzeilles, Bruno Héroult, Luiz E. O. C. Aragão, Carlos A. Silva, y Angélica M. Almeyda-Zambrano (2020). “Emerging threats linking tropical deforestation and the COVID-19 pandemic”. *Perspectives in Ecology and Conservation* 18 (4), 243-246.
- Cabrera-Cano, Ángel Arturo, Julio César Cruz-de la Cruz, Ana Berenice Gloria-Alvarado, Urinda Álamo-Hernández, y Horacio Riojas-Rodríguez (2021). “Asociación entre mortalidad por Covid-19 y contaminación atmosférica en ciudades mexicanas”. *Salud Pública de México* 63 (4): 470-477.
- Camhaji, Elías (2022). “El reparto de ivermectina vuelve a sacudir a México”. *El País México*. 07 de Febrero.
- Center for Disease, Dynamics Economics & Policy [CCDEP] (2022). Resistance Map: Antibiotic Resistance in Mexico [en línea]. Disponible en <[https://resistancemap.cddep.org/CountryPage.php?countryId=83&country=-Mexico+](https://resistancemap.cddep.org/CountryPage.php?countryId=83&country=-Mexico+>)>. (consulta: 20 de marzo 2022).
- Comisión Económica para América Latina y el Caribe [CEPAL] (2020). *El rol de los recursos naturales ante la pandemia por el COVID-19 en América Latina y el Caribe | Comisión Económica para América Latina y el Caribe*. <https://www.cepal.org/es/enfoques/rol-recursos-naturales-la-pandemia-covid-19-america-latina-caribe>.
- Chen, L.-W. Antony, Lung-Chang Chien, Yi Li, y Ge Lin (2020). “Nonuniform impacts of COVID-19 lockdown on air quality over the United States”. *Science of the Total Environment* 745: 13-16.

- Copat, Chiara, Antonio Cristaldi, Maria Fiore, Alfina Grasso, Pietro Zuccarello, Salvatore Santo Signorelli, Gea Oliveri Conti, y Margherite Ferrante (2020). "The role of air pollution (PM and NO₂) in COVID-19 spread and lethality: A systematic review". *Environmental Research* 191.
- Dantas, Guilherme, Bruno Siciliano, Letícia Freitas, Eduardo Guedes de Seixas, Cleyton M. da Silva, y Graciela Arbilla (2019). "Why did ozone levels remain high in Rio de Janeiro during the Brazilian truck driver strike?". *Atmospheric Pollution Research* 10 (6): 2018-2029.
- Domingo-Echaburu, Saioa, Gorka Orive, y Unax Lertxundi (2021). "Ivermectin & COVID-19: Let's keep a One Health perspective". *Sustainable Chemistry and Pharmacy* 21: 100438.
- Essid, Naceur, Mohamed Allouche, Mourina Lazzem, Abdel Halim Harrath, Lamjed Mansour, Saleh Alwasel, Ezzedine Mahmoudi, Hamouda Beyrem, y Fehmi Boufahja (2020). "Ecotoxic response of nematodes to ivermectin, a potential anti-COVID-19 drug treatment". *Marine Pollution Bulletin* 157: 111375.
- Fadare, Oluniyi, y Elvis D. Okoffo (2020). "COVID-19 face masks: A potential source of microplastic fibers in the environment". *Science of the Total Environment* 737: 140279.
- France, Robert L. (2022). "First landscape-scale survey of the background level of COVID-19 face mask litter: Exploring the potential for citizen science data collection during a 'pollution pilgrimage' of walking a 250-km roadside transect". *Science of the Total Environment* 816: 151569.
- Giani, Paolo, Stefano Castruccio, Alessandro Anav, Don Howard, Wenjing Hu, y Paola Crippa (2020). "Short-term and long-term health impacts of air pollution reductions from COVID-19 lockdowns in China and Europe: a modelling study". *The Lancet Planetary Health* 4 (10): e474-e482.
- Global Forest Watch (2022). *Mexico Deforestation Rates & Statistics* | GFW. <https://www.globalforestwatch.org/dashboards/country/MEX/?category=summary&location=WyJjb3VudHJ5IiwiTUVYYiI0%3D&map=eyJjZW50ZXIiOmsibGF0IjoyMy45NDQ4MDEyNjA2NTI5NDU-sImxuZyI6LTUwMi41MjgyNjMwODk5NTY5MX0sInpvc20iOjMuMT-M4ODQzODAxNTMyODAxLCJyYW5Cb3VuZCI6ZmFsc2Us>

- Gwenzi, Willis, Rangabhashiyam Selvasembian, Nnanake-Abasi Offiong, Alaa El Din Mahmoud, Edmond Sanganyado, y Joyabrata Mal (2022). "COVID-19 drugs in aquatic systems: a review". *Environmental Chemistry Letters* 20: 1275-1294.
- Haddad, Mohamed Ben, Gabriel E. De-la-Torre, Mohamed Rida Abelouah, Sara Hajji, y Aicha Ait Alla (2021). "Personal protective equipment (PPE) pollution associated with the COVID-19 pandemic along the coastline of Agadir, Morocco". *Science of the Total Environment* 798: 149282.
- Hartanto, Broto Widya, y Dyah Samti Mayasari (2021). "Environmentally friendly non-medical mask: An attempt to reduce the environmental impact from used masks during COVID-19 pandemic". *Science of the Total Environment* 760: 144143.
- Hörmann, Siegfried, Fatima Jammoul, Thomas Kuenzer, y Ernst Stadlober (2021). "Separating the impact of gradual lockdown measures on air pollutants from seasonal variability". *Atmospheric Pollution Research* 12 (2): 84-92.
- Jones, Kevin C., y Pim de Voogt (1999). "Persistent organic pollutants (POPs): state of the science". *Environmental Pollution* 100 (1-3): 209-221.
- Kumar, Manish, Kiran Dhangar, Alok Thakur, Bhagwana Ram, Tushara Chaminda, Pradeep Sharma, Abhay Kumar, Nirav Raval, Vaibhav Srivastava, Jörg Rinklebe, Keisuke Kuroda, Christian Sonne, y Damia Barcelo (2021). "Antidrug resistance in the Indian ambient waters of Ahmedabad during the COVID-19 pandemic". *Journal of Hazardous Materials* 416: 126125.
- Kuroda, Keisuke, Cong Li, Kiran Dhangar, y Manish Kumar (2021). "Predicted occurrence, ecotoxicological risk and environmentally acquired resistance of antiviral drugs associated with COVID-19 in environmental waters". *Science of the Total Environment* 776: 145740.
- Lelieveld, Jos, Jeffrey S. Evans, Mohammed Fnais, Despina Giannadaki, y Andrea Pozzer (2015). "The contribution of outdoor air pollution sources to premature mortality on a global scale". *Nature* 525: 367-371.
- Le Quéré, Corinne, Glen P. Peters, Pierre Friedlingstein, Robbie M. Andrew, Josep G. Canadell, Steven J. Davis, Robert B. Jackson, y Matthew W. Jones

- (2021). "Fossil CO2 emissions in the post-COVID-19 era". *Nature Climate Change* 11(3): 197-199.
- Liang, Donghai, Liuhua Shi, Jingxuan Zhao, Pengfei Liu, Joel Schwartz, Song Gao, Jeremy Sarnat, Yang Liu, Stefanie Ebel, Noah Scovronick, y Howard H. Chang (2020). "Urban air pollution may enhance COVID-19 case-fatality and mortality rates in the United States". *The Innovation* 1(3): 100047.
- Liu, Yiming, Tao Wang, Trissevggeni Stavrou, Nellie Elguindi, Thierno Doumbia, Claire Granier, Idir Bouarar, Benjamin Gaubert, y Guy P. Brasseur (2021). "Diverse response of surface ozone to COVID-19 lockdown in China". *Science of the Total Environment* 789: 147739.
- López-Feldman, Alejandro, Carlos Chávez, María Alejandra Vélez, Hernán Bejarano, Ariaster B. Chimeli, José Féres, Juan Robalino, Rodrigo Salcedo, y César Viteri (2020). "COVID-19: impactos en el medio ambiente y en el cumplimiento de los ODS en América Latina". *Desarrollo y Sociedad* 86: 104-132.
- Malilay, Josephine (1999). A review of factors affecting the human health impacts of air pollutants from forest fires. En: Goh, Kee-Tai, Dietrich Schwela, Johann G. Goldammer, y Orman Simpson (eds.) *Health guidelines for vegetation fire events: Background papers*. Lima Perú. WHO/UNEP/WMO. pp. 255-270.
- Marinello, Samuele, Maria Angela Butturi, y Rita Gamberini (2021). "How changes in human activities during the lockdown impacted air quality parameters: A review". *Environmental Progress and Sustainable Energy* 40 (4): 1-18.
- McNeely, Jeffrey A. (2021). "Nature and COVID-19: The pandemic, the environment, and the way ahead". *Ambio* 50 (4): 767-781.
- Méndez-Espinosa, Juan F., Nestor Y. Rojas, Jorge Vargas, Jorge E. Pachón, Luis C. Belalcazar, y Omar Ramírez (2020). "Air quality variations in Northern South America during the COVID-19 lockdown". *Science of the Total Environment* 749: 141621.
- O'Flynn, Dylan, Jenny Lawler, Azeez Yusuf, Anne Parle-McDermott, Denise Harold, Thomas Mc Cloughlin, Linda Holland, Fiona Regan, y Blánaid White (2021). "A review of pharmaceutical occurrence and pathways in

- the aquatic environment in the context of a changing climate and the COVID-19 pandemic”. *Analytical Methods* 13 (5): 575-594.
- Organización Panamericana de la Salud [OPS] (2021). “*Aumentan las infecciones resistentes a los medicamentos en las Américas debido al mal uso de los antimicrobianos durante la pandemia*” 17 de Noviembre.
- Paital, Biswaranjan, y Pawan K. Agrawal (2021). “Air pollution by NO₂ and PM_{2.5} explains COVID-19 infection severity by overexpression of angiotensin-converting enzyme 2 in respiratory cells: a review”. *Environmental Chemistry Letters* 19 (1): 25-42.
- Patel, Hamesh, Nick Talbot, Jennifer Salmond, Kim Dirks, Shanju Xie, y Perry Davy (2020). “Implications for air quality management of changes in air quality during lockdown in Auckland (New Zealand) in response to the 2020 SARS-COV-2 epidemic”. *Science of the Total Environment* 746: 141129.
- Prata, Joana C., Ana L. P. Silva, Tony R. Walker, Armando C. Duarte, y Teresa Rocha-Santos (2020). “COVID-19 Pandemic repercussions on the use and management of plastics”. *Environmental Science and Technology* 54 (13): 7760-7765.
- Sarabia, Dalila. (2022). “CDMX gastó 29 mdp en tratamiento con ivermectina no autorizado contra COVID”. *Animal Político*. 1 de Febrero.
- Secretaría de Salud (2021). “518. Resistencia antimicrobiana, una amenaza para la salud pública”. *Secretaría de Salud*. 22 de Noviembre.
- Secretaría del Medio Ambiente [SEDEMA]. (2020). “Separar correctamente los residuos evita la propagación de COVID-19”. 01 de Abril.
- Selvam, S., P. Muthukumar, S. Venkatramanan, P.D. Roy, K. Manikanda Bharath, y K. Jesuraja (2020). “SARS-COV-2 pandemic lockdown: Effects on air quality in the industrialized Gujarat state of India”. *Science of the Total Environment* 737: 140391.
- Sharma, Shivika, y Subhankar Chatterjee (2017). “Microplastic pollution, a threat to marine ecosystem and human health: a short review”. *Environmental Science and Pollution Research* 24 (27): 21530-21547.
- Shen, Maocai, Zhuotong Zeng, Biao Song, Huan Yi, Tong Hu, Yaxin Zhang, Guangming Zeng, y Rong Xiao (2021). “Neglected microplastics pollution

- in global COVID-19: Disposable surgical masks”. *Science of the Total Environment* 790: 148130.
- Siciliano, Bruno, Guilherme Dantas, Cleyton da Silva, y Graciela Arbilla (2020). “Increased ozone levels during the COVID-19 lockdown: Analysis for the city of Rio de Janeiro, Brazil”. *Science of the Total Environment* 737: 139765.
- Singh, Vikas, Shweta Singh, Akash Biswal, Amit P. Kesarkar, Suman Mor, y Khaiwal Ravindra (2020). “Diurnal and temporal changes in air pollution during COVID-19 strict lockdown over different regions of India”. *Environmental Pollution* 266: 115368.
- SocArXiv (2021). *SocArXiv Papers | Ivermectin and the odds of hospitalization due to COVID-19: evidence from a quasi-experimental analysis based on a public intervention in Mexico City*. <https://osf.io/preprints/socarxiv/r93g4/>
- SocArXiv (2022). “On withdrawing “Ivermectin and the odds of hospitalization due to COVID-19,” by Merino et al”. <https://socopen.org/2022/02/04/on-withdrawing-ivermectin-and-the-odds-of-hospitalization-due-to-covid-19-by-merino-et-al/>
- Tarazona, José V., Marta Martínez, María-Aránzazu Martínez, y Arturo Anadón (2021). “Environmental impact assessment of COVID-19 therapeutic solutions. A prospective analysis”. *Science of the Total Environment* 778: 146257.
- Travaglio, Marco, Yizhou Yu, Rebeka Popovic, Liza Selley, Nuno Santos Leal, y Luis Miguel Martins (2021). “Links between air pollution and COVID-19 in England”. *Environmental Pollution* 268: 115859.
- Usman, Muhammad, Muhammad Farooq, y Khalil Hanna (2020). “Environmental side effects of the injudicious use of antimicrobials in the era of COVID-19”. *Science of the Total Environment* 745: 141053.
- Vale, Mariana M., Erika Berenguer, Marcio Argollo de Menezes, Ernesto B. Viveiros de Castro, Ludmila Pugliese de Siqueira, y Rita de Cássia Q. Portela (2021). “The COVID-19 pandemic as an opportunity to weaken environmental protection in Brazil”. *Biological Conservation* 255: 108994.

- Vallero, Daniel A. (2014). *Fundamentals of Air Pollution*. Fifth Edition. Elsevier Academic Press.
- Vega, Everardo, Anil Namdeo, Lindsay Bramwell, Yosune Miquelajauregui, Cintia G. Resendiz-Martinez, Mónica Jaimes-Palomera, Francisco Luna-Falfan, A. Terrazas-Ahumada, Kamal J. Maji, Jane A. Entwistle, Juan C. Nuñez Enríquez, Juan M. Mejia, Aurélie Portas, Louise Hayes, y Richard McNally (2021). “Changes in air quality in Mexico City, London and Delhi in response to various stages and levels of lockdowns and easing of restrictions during COVID-19 pandemic”. *Environmental Pollution* 285: 117664.
- Viteri, Guilherme, Yolanda Díaz de Mera, Angel Rodríguez, Diana Rodríguez, Mercedes Tajuelo, Alberto Escalona, y Alonso Aranda (2021). “Impact of SARS-COV-2 lockdown and de-escalation on air-quality parameters”. *Chemosphere* 265: 129027.
- Wagner, Martin, Christian Scherer, Diana Alvarez-Muñoz, Nicole Brennholt, Xavier Bourrain, Sebastian Buchinger, Elke Fries, Cécile Grosbois, Jörg Klasmeier, Teresa Marti, Sara Rodriguez-Mozaz, Ralph Urbatzka, A Dick Vethaak, Margrethe Winther-Nielsen, y Georg Reifferscheid (2014). “Microplastics in freshwater ecosystems: what we know and what we need to know”. *Environmental Sciences Europe* 26 (1): 1-9.
- World Health Organization [WHO]. (2022). “Air pollution” [en línea]. Disponible en <https://www.who.int/health-topics/air-pollution#tab=tab_1> (Consulta: 31 de marzo 2022).
- Xiang, Jianbang, Elena Austin, Timothy Gould, Timothy Larson, Jeffry Shirai, Yisi Liu, Julian Marshall, y Edmund Seto (2020). “Impacts of the COVID-19 responses on traffic-related air pollution in a Northwestern US city”. *Science of the Total Environment* 747: 141325.

Ecología, medio ambiente y sustentabilidad. Conclusiones y perspectivas

12

Ken Oyama
Felipe García-Oliva

En el libro *Ecología, medio ambiente y sustentabilidad* se presenta un análisis de la pandemia de COVID-19 y sus características en México con la contribución de especialistas en diversos campos de la ecología, las ciencias ambientales y la sustentabilidad. En este capítulo se presentan las principales conclusiones que derivan de los diferentes análisis, las revisiones de la literatura especializada y las propias experiencias académicas y personales de los autores de este libro.¹ Asimismo, esta experiencia analítica y reflexiva ha permitido delinear nuevas líneas de investigación y colaboración, y vislumbrar nuevas perspectivas de cómo enfrentar futuras pandemias, en el entendido de que éstas forman parte de un problema global que aqueja a la humanidad y que requiere de soluciones globales.

La aparición de enfermedades infecciosas emergentes no es una novedad. En las últimas décadas, la humanidad ha experimentado diversos episodios con consecuencias graves a nivel local y regional.² Se han registrado más de 400 eventos de enfermedades infecciosas en todo el mundo ocasionados por diver-

¹ Aprovechamos este momento para agradecer la generosidad de los académicos que contribuyeron con sus conocimientos y reflexiones para que este libro llegara a buen término.

² El síndrome respiratorio agudo severo (SARS), el síndrome respiratorio del Medio Oriente (MERS) y las enfermedades virales del zika, ébola, hendra y nipah han constituido amenazas importantes para la salud pública.

sos agentes.³ Existe una clara tendencia al incremento de las enfermedades zoonóticas, cuyo origen se remite al contacto entre los animales silvestres o domésticos portadores de los patógenos y el ser humano.⁴ Estas enfermedades representan una de las amenazas más significativas de salud global, con fuertes consecuencias en todos los ámbitos sociales, económicos y ambientales. La pandemia de COVID-19 ha mostrado de forma clara cómo un problema inicial de salud pública en un país se convirtió rápidamente en una crisis mundial sin precedentes. El contagio y la propagación de las enfermedades se aceleran por la gran movilidad humana.⁵

El acelerado crecimiento de la población humana, con más de ocho mil millones de personas en esta década, nos envuelve en una encrucijada que demanda cada vez más la explotación y el uso de los recursos naturales del planeta. La pobreza extrema, la desigualdad social, las crisis políticas y ambientales en diferentes regiones del mundo reflejan en gran medida la imposibilidad de satisfacer las necesidades básicas de una gran parte de la población. El crecimiento poblacional no es uniforme y cada país enfrenta ritmos y retos específicos. Sin embargo, la producción de alimentos, el uso del agua, los requerimientos de energía, el desarrollo urbano y todos los bienes y servicios que requiere cualquier sociedad ya no dependen exclusivamente de lo que sucede en cada país. Es por ello por lo que cualquier conflicto trae consecuencias inmediatas en la provisión de los servicios que requieren los países. Esta demanda de bienes y servicios ha ocasionado que los ecosistemas naturales hayan sufrido una degradación tal que procesos básicos como la erosión y la pérdida de la fertilidad del suelo, la contaminación, los cambios en el régimen hidrológico, los cambios en los ciclos biogeoquímicos, la deforestación y la pérdida de la biodiversidad han alcanzado niveles tan graves que se considera que estamos

³ Virus, bacterias, hongos, helmintos, protozoarios y artrópodos.

⁴ Se calcula que hay entre 540,000 y 850,000 virus en animales que pueden infectar al ser humano, evento cuyo riesgo aumenta conforme se incrementa la superficie de contacto entre animales domésticos, silvestres y el ser humano.

⁵ Se estima que los viajes a través de distintos medios de transporte pero particularmente por vía aérea se han multiplicado en las últimas décadas.

ante una de las grandes crisis ambientales a nivel global.⁶ El modelo de desarrollo actual, comúnmente citado como el *modelo civilizatorio moderno*, ha provocado que los procesos naturales que regulan la estabilidad y resiliencia del sistema Tierra están siendo rebasados, con graves riesgos de generar cambios ambientales tan abruptos e irreversibles que comprometan la integridad de la biosfera.

La importancia de las enfermedades zoonóticas de reciente aparición ha favorecido la colaboración transdisciplinaria en la investigación con la inclusión de disciplinas como la biología evolutiva, la ecología, la antropología y la sociología, entre otras, a los campos de la medicina y la salud pública. La pandemia de COVID-19 ha puesto de relieve que las epidemias y pandemias son el resultado de interacciones entre distintas especies⁷ como consecuencia de la transformación de los ecosistemas naturales. Estas interacciones múltiples presentan dinámicas propias a diferentes escalas espaciales y temporales. Los virus y los patógenos están en continua interacción con sus hospederos y son el resultado de una larga evolución conjunta que probablemente se remonta al origen de estas especies. Los animales silvestres y prácticamente todos los seres vivos somos portadores de cientos de microorganismos, la mayoría benéficos, que son y han sido fundamentales en el origen y la evolución de la vida en la Tierra. Los animales silvestres a su vez proveen de muchos servicios ecosistémicos a los humanos.

La geografía de la vida está cambiando continuamente y la distribución geográfica de los organismos (incluyendo los microorganismos) cambia por diversos factores. Entre los factores más importantes detrás de estos cambios están los efectos del cambio climático.

Los estudios bioquímicos, genómicos y filogenéticos de los coronavirus han permitido conocer las estructuras de las proteínas, los mecanismos de transmisión, las respuestas inmunológicas de los animales hospederos intermediarios y los procesos de infección a los humanos. Esta información

⁶ La deforestación y la pérdida de la diversidad biológica están ligadas al menos con el 31% de las enfermedades infecciosas emergentes.

⁷ Patógenos, animales silvestres, animales domésticos y poblaciones humanas.

ha permitido generar nuevos modelos analíticos para entender la aparición de nuevas variantes (mutaciones), la predominancia de los distintos linajes virales en el mundo y la naturaleza de las variantes que son importantes para la supervivencia de las personas. Los estudios comparativos en primates no humanos⁸ y entre personas no contagiadas y contagiadas también han demostrado su utilidad en el desarrollo de las vacunas y terapias para contender con esta epidemia.

Los modelos matemáticos forman parte fundamental en la investigación de las enfermedades, para diseñar estrategias de control y regulación. Estos modelos pueden extenderse para comprender las dinámicas del contagio y propagación, así como para trazar las posibles trayectorias de la interacción entre la estacionalidad y la variación geográfica del clima con la susceptibilidad y la transmisión de la enfermedad. Estos modelos pueden incluir las tasas de propagación de la enfermedad, la exploración de posibles escenarios futuros, la evaluación retrospectiva de la eficiencia de intervenciones específicas y la identificación de estrategias prospectivas. También pueden combinar datos demográficos, patrones de contagio, la severidad de la enfermedad y la capacidad de los sistemas de salud de un país o de una región para entender mejor la calidad de las intervenciones para controlar la enfermedad. Los modelos al integrar datos de la ecología, genética y biogeografía de los múltiples interactuantes, contribuyen a entender su evolución. El modelado de los nichos ecológicos de las especies involucradas en la transmisión de una zoonosis es una de las mejores estrategias de investigación en este campo. Las plataformas informáticas para el monitoreo y seguimiento espacial y temporal de las enfermedades en todas sus etapas son fundamentales para entender su dinámica y delinear las medidas por tomar en cada una de ellas. Aunado a esto, el desarrollo tecnológico en la secuenciación de los genomas virales, la sofisticación de nuevos métodos de análisis estadístico y la computación de alto rendimiento permitirán construir modelos más robustos para entender mejor la dinámica de las enfermedades y su control. Esto implica la necesidad de tra-

⁸ Como macacos, babuinos y monos títies.

bajar de forma transdisciplinaria para el estudio de la salud humana y la salud ecosistémica.

La conservación y el manejo adecuado de la fauna silvestre es fundamental para enfrentar las enfermedades infecciosas emergentes y reemergentes. Está demostrado que el aumento en el contacto entre animales silvestres y domésticos y el ser humano es la causa principal del inicio de los contagios de estas enfermedades. El comercio de la fauna silvestre se ha extendido no sólo como producto alimenticio sino también con diversos fines medicinales o espirituales. Los animales silvestres son portadores naturales de muchos microorganismos que no les afectan, pero que al pasar al humano pueden causar enfermedades muy graves. No se cuenta con estadísticas precisas sobre la magnitud de este tipo de negocio; sin embargo, los datos existentes muestran que es una escala millonaria, de alto impacto en la economía de algunos países y que debe regularse para evitar otros desastres en el futuro, no sólo en términos de salud pública, sino por la importancia de esta fauna en sus ecosistemas naturales.

La pandemia causada por el virus SARS-COV-2 indudablemente ocasionó distintos impactos ambientales, algunos de ellos positivos, como la disminución de contaminantes atmosféricos.⁹ A pesar de que estos “experimentales naturales” fueron a corto plazo y sin un diseño previo,¹⁰ han sido una oportunidad para probar los posibles efectos de políticas y estrategias dedicadas a mejorar la calidad del aire que pueden ser utilizadas en un futuro. La disminución en la contaminación atmosférica se dio principalmente en las ciudades más pobladas, donde se realizan más actividades industriales y hay una mayor movilidad vehicular. Sin embargo, en diversos estudios se identificó que estos cambios fueron temporales y el retorno a las actividades ha ocasionado que las concentraciones de estos gases vuelvan a niveles previos a la pandemia.¹¹

⁹ NO_x, CO, PM_{2.5}, PM₁₀, SO₄

¹⁰ Los estudios dependieron de los periodos de confinamiento en algunos países.

¹¹ No hay que olvidar que los niveles de contaminación atmosférica son muy altos en todas las grandes ciudades. Además, la contaminación de los suelos y los cuerpos acuáticos por metales pesados, insecticidas, pesticidas, plásticos, etc., van en aumento

Para la contención del contagio de la pandemia se requirió del uso de mascarillas, guantes y demás equipo de protección, la mayoría fabricado con materiales plásticos. Esto generó impactos negativos en los sistemas acuáticos¹² debido a que estos materiales contienen microplásticos, que llevan consigo moléculas tóxicas para los peces y otros organismos, y que pueden llegar a los seres humanos por medio de la cadena alimentaria. Es urgente buscar opciones para una mejor disposición y un mejor manejo de este tipo de residuos plásticos.¹³

En esta etapa post-COVID-19 se requieren cambios importantes, como establecer nuevas estrategias que beneficien la conservación de la biodiversidad y protejan la salud humana mediante un cambio de la economía global para una nueva era de bienestar y prosperidad que nos conduzca hacia una sociedad sustentable. Una política global de prevención de enfermedades es social y económicamente más rentable y menos costosa que enfrentar las pandemias una vez que están presentes. Los marcos conceptuales como *Una Salud (One Health)*, *EcoSalud (EcoHealth)*, *GeoSalud (GeoHealth)* y *Salud Planetaria (Planetary Health)*, entre otros, muestran la necesidad de aproximaciones integrales en la solución de los grandes problemas globales que enfrenta la humanidad.¹⁴ La complejidad de los retos es de tal magnitud que es necesario fortalecer todas las iniciativas encauzadas por diferentes organizaciones e instituciones internacionales. La tarea es tomar iniciativas en diversas escalas espaciales y temporales, para mitigar desde los efectos de las pandemias hasta los del cambio climático. Es importante comprender que si

en la mayor parte del planeta.

¹² Aún no existen datos para otro tipo de ecosistemas pero seguramente se empezarán a publicar los resultados de las investigaciones de los efectos de la pandemia sobre otros ecosistemas.

¹³ Debido a que hasta hace poco la utilización de cubrebocas o mascarillas era reglamentaria en lugares de trabajo, escuelas, comercio y transporte público en casi todo México, y sigue siéndolo en otros países.

¹⁴ Se ha destacado la necesidad de desarrollar estrategias de trabajo conjunto e interdisciplinario, que permitan prevenir, anticipar y gestionar de una mejor manera los brotes epidémicos y sus consecuencias. Por supuesto, en esta discusión, el tema de la conservación y el cuidado de los ecosistemas y la biodiversidad debe ser prioritario.

no evitamos la destrucción de los ecosistemas naturales y la extinción de los seres vivos no podremos evitar futuras catástrofes ambientales o emergencias sanitarias, como las pandemias. No es en vano el reclamo generalizado de ir construyendo una sociedad cada vez más sustentable que garantice la supervivencia de la vida tal y como la conocemos en el corto y largo plazo. La pandemia de COVID-19 ha sido una excelente lección que debemos de asimilar lo más pronto posible por el bien de la humanidad y de nuestro planeta.

La primera edición de *Ecología, medio ambiente y sustentabilidad*, coordinada por Ken Oyama y Felipe García-Oliva, editada por la Coordinación de Humanidades de la Universidad Nacional Autónoma de México, se terminó de imprimir el 10 de junio de 2023 en los talleres de Litográfica Ingramex, S. A. de C. V., Centeno 162-1, Granjas Esmeralda, Iztapalapa, 09810, Ciudad de México. El tiraje consta de 300 ejemplares en papel Holmen Book Cream de 55 g los interiores y en cartulina sulfatada de 14 puntos los forros; tipo de impresión: digital; encuadernación en rústica pegada. En la composición se utilizó la familia tipográfica Minion Pro de 8, 9 y 12 pt. Cuidado de la edición: Ken Oyama, Felipe García-Oliva, Daniela Hernández Pérez, Adriana Núñez Macías y Francisco J. Acosta Espinosa; corrección de originales y lectura de pruebas: Arturo Sánchez y Gándara; diseño tipográfico y diagramación: Irma G. González Béjar; formación: Rosa Alicia Castillo Jaén; diseño de la identidad visual de la colección: Fernando Garcés Poó; coordinación y gestión editorial de la colección: Yuritzí Arredondo Martínez. La coordinación editorial de este tomo estuvo a cargo de Ken Oyama.

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