

Una sola salud

LAS ZONOSIS Y LAS ÁREAS NATURALES PROTEGIDAS DE LA REGIÓN CENTRO DE MÉXICO



Una sola salud
*Las zoonosis y las áreas
naturales protegidas de la
región Centro de México*

Agradecimientos:

Deutsche Gesellschaft für Internationale Zusammenarbeit (GIZ) GmbH | Apoyo a la Iniciativa para América Latina y el Caribe - “Diálogo sobre la Pandemia” financiado por el Ministerio de Relaciones Exteriores de Alemania con el apoyo del Laboratorio de Epidemiología Viral del Instituto de Virología de la Charité.

A Vania Olmos Lau y Andrea Rasche.

Una sola salud

LAS ZONOSIS Y LAS ÁREAS NATURALES PROTEGIDAS DE LA REGIÓN CENTRO DE MÉXICO



Publicado por

Deutsche Gesellschaft für
Internationale Zusammenarbeit (GIZ) GmbH
Friedrich-Ebert-Allee 36 + 40, 53113 Bonn,
Alemania; T +49 228 44 60-0
Dag-Hammaskjöld-Weg 1-5, 65760 Eschborn,
Alemania; T +49 61 96 79-0
E info@giz.de
I www.giz.de

Primera edición: 01 de febrero de 2022,
Ciudad de México

Responsable/Editor

Proyecto Conservación de la Biodiversidad
en el Eje Neovolcánico (COBEN II)

Elaboración del documento

Francisco Javier Botello López, Instituto de
Biología, Universidad Nacional Autónoma
de México - Conservación Biológica y Desa-
rrollo Social A.C. (CONBIODES)

Saul Rafael Castañeda Contreras, Conser-
vación Biológica y Desarrollo Social A.C.

Jacqueline Sarmiento, Conservación Bioló-
gica y Desarrollo Social A.C.

Víctor Manuel G. Sánchez-Cordero Dávila,
Instituto de Biología, Universidad Nacional
Autónoma de México.

Coordinación y revisión institucional

Comisión Nacional de Áreas Naturales Pro-
tegidas (CONANP) [https://www.gob.mx/
conanp](https://www.gob.mx/conanp)

Diseño gráfico

Ghiju Díaz de León Opitz
Anabel Arteaga Martínez

Créditos fotográficos

Archivo CONANP
Páginas: 10, 13, 24, 28, 58, 80 David Colón
Quezada/Archivo CONANP
Página: 9
Luis Antonio Guzmán Atilano
Página: 14

© Creative Commons-Zephyris (Richard
Wheeler). English Wikipedia.[https://es.wi-
kipedia.org/wiki/Leishmania_mexicana#/
media/Archivo:LeishmaniaMexicana_Pro-
mastigote_SEM.jpg](https://es.wikipedia.org/wiki/Leishmania_mexicana#/media/Archivo:LeishmaniaMexicana_Pro-mastigote_SEM.jpg)

Página: 17
Luis Antonio Guzmán Atilano
Página: 15
© Freepik
Páginas: 16, 18, 20, 21, 25, 29, 31, 36, 41,
42, 46, 56
Colección de fotocolectas biológicas, UNAM
Página: 22
CONBIODES, A. C.
Páginas: 13, 22, 26, 27, 77
Guadalupe Velázco
Página: 28
César Hernández Hernández
Página: 78

Forma de citar

Botello, F., Castañeda S., Sarmiento J.,
& Sánchez-Cordero V. (2022). Una Sola
Salud. Las Zoonosis y las Áreas Natu-
rales Protegidas de la Región Centro de
México. Conservación de la Biodiver-
sidad en el Eje Neovolcánico (COBEN
II) – Deutsche Gesellschaft für Interna-
tionale Zusammenarbeit (GIZ) GmbH,
Comisión Nacional de Áreas Naturales
Protegidas, Instituto de Biología, Uni-
versidad Nacional Autónoma de Méxi-
co, Conservación Biológica y Desarrollo
Social, A. C. Ciudad de México, México.

D. R. © Deutsche Gesellschaft für In-
ternationale Zusammenarbeit (GIZ)
GmbH

ISBN: en trámite

Por encargo del Ministerio Federal Alemán
de Cooperación Económica y Desarrollo
(BMZ), la GIZ es responsable del contenido
de esta publicación.

Prohibida su reproducción parcial o total
por cualquier medio sin autorización escri-
ta del titular de los derechos patrimoniales.

ÍNDICE

8	PREFACIO
10	APORTES TEÓRICOS Y METODOLÓGICOS PARA UN ENFOQUE INTEGRADOR
11	Historia del enfoque de <i>Una sola salud</i>
14	Andamiaje teórico para una aproximación integrada
14	¿Cómo enfrentar el reto de medir la salud de los ecosistemas?
20	Ciencias sociales y <i>Una sola salud</i> : epidemiología cultural
22	LAS ZONOSIS
25	Análisis de las zoonosis de las ANP del Centro de México
29	Análisis de las zoonosis de las ANP en literatura científica-métodos
30	Análisis de las zoonosis de las ANP en literatura científica-resultados
36	Fichas sobre las enfermedades zoonóticas-bacterias
37	<i>Borreliosis</i>
38	<i>Ehrlichiosis</i>
39	<i>Peste</i>
40	<i>Tifus</i>
42	Fichas sobre las enfermedades zoonóticas-protozoarios
43	<i>Leishmaniasis</i>
44	<i>Tripanosomiasis americana</i>
46	Fichas sobre las enfermedades zoonóticas-virus
47	<i>Chikungunya</i>
48	<i>Dengue</i>
50	<i>Encefalitis equina</i>
51	<i>Influenza aviar</i>
53	<i>Rabia</i>
55	<i>Zika</i>
57	Análisis de las zoonosis de las ANP con base en la distribución de vectores y huéspedes-métodos
59	Análisis de las zoonosis de las ANP con base en la distribución de vectores y huéspedes-resultados
78	CONCLUSIONES
81	Algunas recomendaciones puntuales para el territorio dentro de las ANP y sus zonas de influencia
82	GLOSARIO
86	REFERENCIAS
108	CRÉDITOS

PREFACIO

Desde hace décadas, se ha alertado sobre la necesidad de modificar sustancialmente los procesos mediante los cuales las sociedades humanas se relacionan con su entorno dadas las consecuencias que tienen, en diferentes ámbitos, los procesos de producción, consumo y movilidad, entre otros. Las situaciones críticas como la derivada de por la enfermedad causada por el coronavirus SARS-CoV-2 (la COVID-19), que ha tenido impacto en la salud humana, en la mortalidad a nivel mundial, en los sistemas educativo y económico, resaltan 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. El llamado “regreso a la normalidad”, implica la necesidad de mejora en todos niveles; sin embargo, la recuperación económica tendrá que considerar la irrefutable obligación de conseguirlo sin provocar más daño al entorno. Más aún tendremos que asegurar la restauración de la biodiversidad y procurar la integridad de los ecosistemas que han sido afectados durante décadas. Así, la recuperación económica y social tendrá que ir de la mano con la mejora ambiental.

El concepto *Una sola salud* (*One health*) refiere a un enfoque integrador que consolida décadas de avances en la medicina humana, animal y en la gestión de la salud pública. Con *Una sola salud* se reconoce de manera tácita la relevancia que guarda la relación que tiene el entorno biofísico con lo que se considera la salud animal, humana y de los ecosistemas como los ejes fundamentales que se deben tomar en cuenta para evitar situaciones como la actual pandemia. En este aspecto, el trabajo de la CONANP tiene especial relevancia y puede posicionar a la conservación como el eje rector para que se fomente la salud, junto con los demás componentes del bienestar humano.

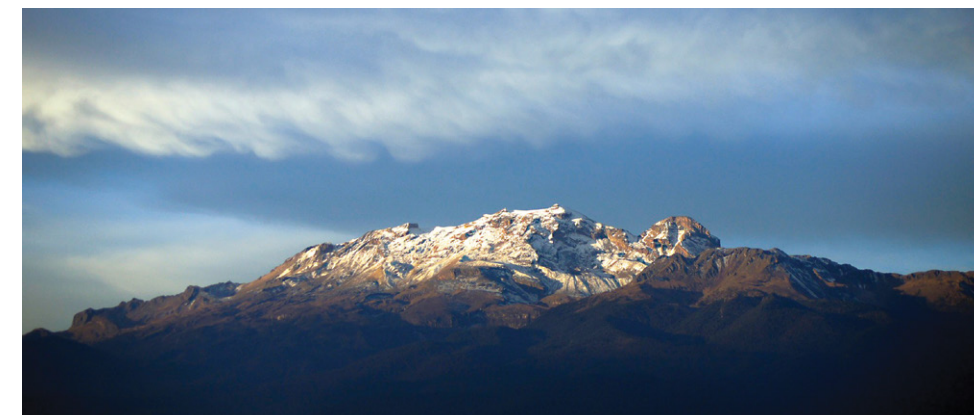
Prestar atención al sano equilibrio de los ecosistemas resulta muy eficiente para poder entender, desde el sector salud, la importancia de la conservación. Sin embargo, desde el punto de vista de la biología de la conservación o desde la ecología, es necesario poder analizar y evaluar objetivamente el estado en el que se encuentran. Considerando el objetivo de la CONANP, es importante utilizar indicadores que aporten esta información, lo cual se puede lograr mediante el enfoque de integridad ecosistémica, que incluye ejes de análisis sobre la composición, estructura, función y presiones antrópicas que los afectan.

Para lograr el reconocimiento de la importancia que tiene el enfoque de *Una sola salud*, es fundamental tener presente que el adecuado manejo de la biodiversidad disminuye el riesgo de transmisión de agentes infecciosos; una de las vías es a través del efecto de dilución, hipótesis que plantea que en los ecosistemas con alto nivel de integridad, elevado número de especies y densidades poblacionales equilibradas, la probabilidad de brotes epidémicos es menor respecto a sitios altamente antropizados. En este contexto, un reto importante es la incorporación de las percepciones que tienen las personas acerca de las formas en que interactúan de manera positiva o negativa con los ecosistemas y cómo se ven beneficiadas o afectadas; este vínculo se puede expresar con el enfoque socioecosistémico, que permite entender cómo las condiciones socioeconómicas, las prácticas culturales, los medios y las formas de producción, el tipo de vivienda e incluso los medios de comunicación, influyen en nuestro contacto y relaciones con la fauna silvestre y doméstica.

Las Áreas Naturales Protegidas (ANP) del centro de México son sitios con una biodiversidad importante, alto nivel de endemismos y una prominente diversidad de ecosistemas.

La probabilidad de coincidencia espacial entre huéspedes y vectores de agentes infecciosos puede llegar a ser elevada. Por ejemplo, en este documento se reporta que para las ANP del centro de México se identificaron 24 especies como vectores de zoonosis ocasionadas por agentes bacterianos, 16 especies para zoonosis producidas por protozoarios, y 6 para zoonosis virales. Los artrópodos representan la mayoría de los vectores identificados. Para contar con un ejemplo de lo que representa lo anterior para las ANP, se puede tomar como muestra el Parque Nacional El Tepozteco, que cuenta con un número importante de visitantes y se ubica cerca de dos de las más grandes urbes de México; aquí se presenta coincidencia espacial de la distribución potencial de, al menos, 66 huéspedes y 8 vectores relacionados con 12 zoonosis, sin embargo, es importante notar que se desconoce el número existente validado de agentes, vectores y huéspedes, por lo que se requiere investigación constante al respecto.

Por lo anterior, el adecuado manejo y conservación de la biodiversidad en el contexto de *Una sola salud* es fundamental para evitar riesgos de emergencia o reemergencia de zoonosis. Existe evidencia de que con ecosistemas íntegros y enfrentando los factores que aumentan la probabilidad de contacto entre el humano, la fauna silvestre y la doméstica, se puede disminuir el riesgo de que se presenten brotes epidémicos; el tráfico de especies silvestres y la cacería, la pérdida de vegetación natural, la presencia de granjas intensivas con protocolos deficientes de control de aves (*i. e.*, gallinas) o mamíferos (*i. e.*, cerdos) y la aplicación excesiva de antibióticos que aumenta la probabilidad de resistencia antimicrobiana (RAM), entre otros factores, son problemas que se deben de enfrentar de manera integral. Además, el cambio climático podría afectar la distribución de huéspedes y vectores, incrementando la probabilidad de coincidencia espacial y de consecuentes brotes de zoonosis. *Una sola salud* brinda el marco teórico metodológico adecuado para desarrollar la normatividad y las políticas públicas de manera que se reduzca el riesgo de emergencia y reemergencia de zoonosis. En este documento se presenta una serie de recomendaciones basadas en el entendimiento de que el humano, los animales silvestres y domésticos se encuentran inmersos y son parte de los ecosistemas en los que habitan, haciendo énfasis en el importante papel que desempeñan las áreas naturales protegidas como sistemas de conservación, recuperación y desarrollo sostenible de nuestro país.



Una sola salud, las zoonosis y las áreas naturales protegidas de la región Centro de México.





I. APORTES TEÓRICOS Y METODOLÓGICOS PARA UN ENFOQUE INTEGRADOR



Historia del enfoque de *Una sola salud*

Esta sección tiene el objetivo de presentar conceptos y categorías analíticas que sirvan para aplicar el enfoque de *Una sola salud* al contexto de las áreas naturales protegidas. Dicho enfoque no es la única ni la primera perspectiva que buscó integrar diferentes áreas del conocimiento relacionadas con la salud. En el contexto de la tradición grecolatina, la historia de estos vínculos puede remontarse hasta el siglo I con la formulación de la teoría de los humores. Hipócrates diferenciaba cuatro diferentes tipos de humor (bilis negra, bilis amarilla, flema y sangre), los cuales, en interacción con condiciones ambientales, podrían producir enfermedades en los individuos. Tales consideraciones fueron retomadas entre los siglos XVI a XVIII a través de los humanistas, que basaron sus estudios en textos clásicos. Se trataba de una visión que incorporaba las influencias del ambiente para explicar las enfermedades. Bresalier, et al. (2020) señalan históricamente que han existido tres puntos clave de intersección entre la medicina humana y animal en la era premoderna:

1. Los animales se usaron para trabajar la anatomía y fisiología del cuerpo humano.
2. Los animales fueron estudiados en comparación con los humanos para analizar las relaciones entre ellos.
3. La teoría y práctica de la medicina animal atrajeron la atención de médicos (generalmente como un fin en sí mismo, pero también para comparar con la medicina humana).

Aunque estas fuertes conexiones posibilitaron pensar la medicina como una práctica unificada, durante el siglo XVIII, con el desarrollo de la ciencia y, en particular, de la medicina veterinaria, las relaciones entre los campos se modificaron. En la medicina veterinaria hubo movimientos de aproximación y trabajo conjunto con médicos, así como movimientos de diferenciación como consecuencia de la especialización. Durante la primera parte del siglo XIX, la medicina humana y veterinaria estuvieron fuertemente conectadas, compartiendo profesores y aun espacios institucionales. En particular, el desarrollo de la teoría evolutiva dio lugar al estudio de la medicina comparada y la historia evolutiva de las enfermedades; en este escenario, se crea el campo de la salud pública veterinaria y comienza a utilizarse el término *zoonosis*.

Sin embargo, aunque los vínculos entre medicina humana y animal se reforzaron con investigaciones provenientes de la biología, predominó una interpretación de las enfermedades que sólo consideraba los agentes infecciosos y los cuerpos, apartándose de sus contextos. Es decir, la intensificación de los vínculos posibilitó pensar la medicina de una manera unificada, pero la relación con otros campos de conocimiento se volvió más lejana.

Este vínculo es retomado a través del concepto de *Una medicina*, acuñado por Calvin Schwabe en 1984, aparentemente a partir de una reflexión sobre los escritos de William Osler y que se funda en el reconocimiento de las estrechas interacciones entre humanos y animales para la nutrición, el sustento y la salud (Zinsstag et al., 2011). Los autores señalan que este concepto no surgió de la reflexión teórica, sino del trabajo de Schwabe con los pastores dinka (etnia de Sudán del Sur), y remarcan la práctica de los pastores de tratar las dolencias en el ganado y en humanos de maneras similares.

Una medicina no lograba incorporar aspectos del entorno que de forma evidente influían en la salud; algunos años más tarde, a principios de la década de 1990, se comienza a utilizar el concepto de *salud ambiental*, en el cual, aun cuando la salud humana sigue siendo el foco de atención, se incorpora al ambiente, considerado como el conjunto de factores externos (atmosféricos, climáticos, hidrológicos, geológicos y biológicos) que actúan sobre los organismos. Con esto, en 1993, se da un avance importante cuando la Organización Mundial de la Salud (OMS) definió a la *salud ambiental* como “aquella disciplina que comprende aspectos de la salud humana, incluida la calidad de vida, que son determinados por factores ambientales físicos, químicos, biológicos, sociales y psicosociales. También se refiere a la teoría y práctica de evaluar, corregir, controlar y prevenir aquellos factores en el medio ambiente que pueden potencialmente afectar adversamente la salud de presentes y futuras generaciones” (León-Cortés et al., 2018). Así, aunque el concepto integra a la salud y al ambiente, dicha línea de trabajo tiene la limitación de continuar el abordaje desde una mirada antropocéntrica y salubrocéntrica, en la que predominan las definiciones y conceptos de la medicina formal. Desde su formulación, se han producido importantes aportes no sólo en cuanto a la investigación y análisis de casos, sino también en cuanto a la formación de recursos humanos y la conformación de un espacio disciplinar que se pensó con identidad propia, como una nueva disciplina.

En 1996, se acuñó el término *medicina de la conservación*.

Poco después, en 1996, se acuñó el término *medicina de la conservación*. Se trata de un enfoque que reúne los ámbitos de medicina veterinaria, medicina humana y salud ambiental, pero que intenta resaltar la importancia de la conservación de los ecosistemas; incluyendo términos como *salud ecológica*; asimismo, pone énfasis en señalar que las enfermedades zoonóticas pueden tener un impacto importante en la viabilidad de las poblaciones de animales y, por tanto, en su conservación (Arrivillaga y Caraballo, 2009).

Al final de la década, la propuesta de *Una medicina* fue proyectada a problemas más amplios, integrando la salud de los ecosistemas y aspectos sociales (Martínez Abreu et al., 2014, p. 407). Este enfoque fue el antecedente directo que lleva al desarrollo de *Una sola salud* en el año de 2004, un concepto que busca la integración de diferentes actores sociales, disciplinas y ámbitos de la gestión pública, desde la reflexión y acción sobre problemáticas comunes. Durante las décadas siguientes, su evolución conceptual acompañó el desarrollo de la epidemia de SARS en 2003, de la H5N1 y H1N1. Como resultado, la agenda de temas llegó a ser muy amplia y transversal a diferentes ámbitos de acción y escalas que van desde análisis moleculares hasta poblacionales, con lo que se recalca la importancia de considerar el trabajo desde una perspectiva menos lineal y antropocéntrica que los términos anteriormente acuñados (Zinsstag et al., 2012). Hoy en día, nos encontramos en un momento de intensa investigación y reflexión que promoverá, sin dudas, la evolución del enfoque de *Una sola salud*, y para los actores que tienen dentro de su mandato y atributos buscar la conservación de la biodiversidad y los ecosistemas, el concepto es fundamental para manejar de manera adecuada el territorio; éste es el mandato de la Comisión Nacional de Áreas Naturales Protegidas (CONANP).



Una sola salud, las zoonosis y las áreas naturales protegidas de la región Centro de México.



Andamiaje teórico para una aproximación integrada

¿CÓMO ENFRENTAR EL RETO DE MEDIR LA SALUD DE LOS ECOSISTEMAS?

Como se describió en el capítulo anterior, el desarrollo del concepto de *Una sola salud* tiene la particularidad de incluir la salud de los ecosistemas como un factor que tiene una estrecha relación con la salud humana y animal, pero desde el punto de vista de la biología, ecología o la conservación, ¿cómo enfrentamos el reto de determinar el nivel de salud de los ecosistemas? Difícilmente se podrían utilizar los términos médicos para definirla, hablar de enfermedad, padecimientos o síntomas del ecosistema sería sumamente confuso y, definitivamente, poco preciso. De manera adicional, para el interés de la CONANP, ¿cómo se puede integrar el enfoque de *Una sola salud* desde sus objetivos de conservación?

Aquí hay dos necesidades, la primera es continuar con el enfoque integral que se ha logrado con el concepto de *Una sola salud*, reconociendo que el humano, los animales domésticos y las actividades productivas no se encuentran separados de los ecosistemas; es decir, los sistemas naturales y sociales son complejos, y la interacción entre ambos se ve afectada por diferentes niveles de impacto sobre la conservación de ecosistemas. El término *socioecosistema* (Castro, 2014) resalta la importancia de los distintos tipos de manejo que las sociedades humanas hacen de los ecosistemas, acercándose más aún al reconocimiento explícito del humano como parte de ellos (fig. 1).

Figura 1

Un gradiente de paisaje, que incluye un poblado, rodeado de una actividad antrópica (cultivos, ganado, etc.) y rodeado, a su vez, de hábitat natural con distintos niveles de integridad. El humano y animales domésticos se encuentran inmersos en socioecosistemas en donde la integridad de los sistemas naturales es fundamental: la disminución de la biodiversidad y el incremento en la abundancia de algunas pocas especies puede incrementar notablemente el riesgo de contagios. Al efecto positivo de mantener altos niveles de biodiversidad se le conoce como *efecto de dilución*.



La segunda necesidad es identificar un marco teórico-metodológico que permita medir de manera adecuada distintos atributos de los ecosistemas, no solamente respecto a su composición (*i. e.*, diversidad de especies), sino también en cuanto a las interacciones y su configuración espacial y temporal, así como también el modo en que se ven afectados todos estos atributos por el manejo del humano. El término de *integridad ecológica* nos permite abordar esta problemática: “La *integridad ecológica* es 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, p. 852).

La integridad ecológica abarca la salud del ecosistema, la biodiversidad, la estabilidad, la naturalidad, la naturaleza salvaje y la belleza. Su valoración se puede definir como “una evaluación de la estructura, composición y función de un ecosistema, en comparación con ecosistemas de referencia que operan dentro de los límites de los regímenes de perturbaciones naturales o históricas” (Faber-Langendoen et al., 2012).

En este contexto, al reconocer que el humano y los animales domésticos son parte de los ecosistemas, se evidencia que la salud mutua depende en gran medida de la integridad ecosistémica. Ésta es la herramienta para medir la salud de los ecosistemas y enfrentar el desafío de trabajar desde una perspectiva de conservación para disminuir los riesgos de zoonosis en las áreas naturales protegidas.



El paradigma del socioecosistema usado para establecer estrategias de prevención de zoonosis de importancia en salud pública, tiene un impacto benéfico en aspectos económicos, de salud y de cuidado al medio ambiente (Ramsey et al., 2012). Dos factores resaltan, por su importancia, en el impacto de las zoonosis emergentes de importancia en salud pública, referentes a los procesos de antropización: la deforestación y el cambio climático (recuadros 1 y 2).



Recuadro 1

La relación de la enfermedad de Chagas y la antropización

Los métodos tradicionales para la prevención de la enfermedad de Chagas provocada por el agente *Trypanosoma cruzi*, que es transmitido por chinches (por ejemplo, *Triatoma pallidipennis*), se basan en la reducción de la cantidad de vectores a nivel doméstico a través de la fumigación, sin embargo, este enfoque puede ser inadecuado.

Usualmente la enfermedad de Chagas se transmite al humano a través de chinches que depositan heces en la piel. Los reservorios son principalmente perros, pero hay un número importante de especies silvestres y domésticas que también son reservorios y huéspedes.

En este estudio de caso Ramsey et al., (2012), documentaron que existe una elevada conectividad entre los sistemas urbanos y su entorno a través de un diseño de muestreo de chinches y hospederos (roedores, tlacuaches y fauna doméstica [perros]) que incluyó tres hábitats (doméstico, peridoméstico y natural). Los resultados mostraron chinches infectadas del patógeno en los tres sitios a lo largo del gradiente paisajístico.

Con esto es evidente que si se busca aminorar la tasa de transmisión al humano del patógeno de la enfermedad de Chagas, una medida aislada como la fumigación intensiva del poblado tiene pocos resultados a mediano plazo, puesto que hay dispersión de chinches infectadas con el patógeno al lugar, pero además, esto presenta resultados adicionales desfavorables, ya que, semanas después de la fumigación, se registra un alto costo ecológico (mortalidad de muchas especies de insectos polinizadores), de salud (exposición a insecticidas) y económico.

Por otro lado, una solución basada en el reconocimiento de la interconectividad de todos los elementos del paisaje en el socioecosistema, permite ofrecer medidas de prevención más efectivas y económicas: limpieza frecuente de la casa, dormir con mosquiteros y un control de roedores y perros callejeros, como principales hospederos del patógeno. Esta serie de medidas son integradoras, cercanas al concepto de *Una sola salud*; implica reconocernos como parte del ambiente que afectamos y que a su vez nos afecta si carece de salud.



Trypanosoma cruzi
(T. cruzi).

Recuadro 2

El cambio climático y el riesgo de transmisión de zoonosis emergentes

Se conoce, con amplia certidumbre, que el clima tiene una fuerte influencia en la distribución de las especies. De esta manera, se pueden producir modelos de distribución de especies bajo escenarios de cambio climático, usando información científica consensuada por grupos de investigación de alto prestigio (i. e., *Panel Intergubernamental de Cambio Climático*; IPCC).

Distribución predictiva de especies de *Lutzomyia diabólica*, un flebótomo responsable de la transmisión del patógeno de *Leishmania mexicana* al humano y que produce la enfermedad de leishmaniasis, bajo escenarios de cambio climático: (a) B2 escenario, modelos Hadley 2020; (b) B2 escenario, modelo Hadley, 2050; (c) B2 escenario, modelos Hadley, 2080; (d) A2 escenario, modelo CSIRO, 2020; (e) A2 escenario, modelo CSIRO, 2050, y (f) A2 escenario, modelo CSIRO, 2080. Se observa el desplazamiento geográfico hacia el norte en Estados Unidos y sur de Canadá (González et al., 2010).

Estos modelos pueden proyectarse bajo escenarios climáticos actuales, así como de cambio climático a futuro. Uno de los resultados más importantes de este enfoque teórico-metodológico es la predicción y detección de zonas geográficas de riesgo para zoonosis, en lugares donde los vectores y huéspedes se van a desplazar, ubicando las condiciones climáticas adecuadas (González et al., 2010). En este estudio, en particular, se identificaron zonas geográficas de riesgo actuales y bajo escenarios de cambio climático de los vectores y huéspedes del patógeno de *Leishmania mexicana*, responsable de la zoonosis de leishmaniasis. Los resultados predicen desplazamientos de los vectores y huéspedes de leishmaniasis hacia Estados Unidos y el sur de Canadá (González et al., 2010).



Leishmania mexicana,
responsable de la zoonosis
de leishmaniasis.



CIENCIAS SOCIALES Y UNA SOLA SALUD: EPIDEMIOLOGÍA CULTURAL

“¿Acaso conoces a alguien que haya muerto de COVID?”

Cada etapa de la actual pandemia de COVID-19 en México ha dado lugar a la expresión de fuertes representaciones sociales sobre el origen de la enfermedad, el contagio, las diferentes respuestas ante las medidas de mitigación e incluso expresiones de desconfianza ante la vacunación. La frase colocada al inicio de esta sección fue reproducida insistentemente por personas que cuestionaron la existencia del virus y la enfermedad. Con ella, se han relacionado actitudes tales como no seguir medidas preventivas, por ejemplo, el respeto a la sana distancia, la concurrencia a fiestas y reuniones que, por supuesto, funcionaron como focos de contagio. Es claro que debemos pensar estos procesos en sus contextos culturales, analizando no sólo los patógenos y el ambiente, sino también los comportamientos sociales. Éstos incluyen aspectos sociales, demográficos, de producción de alimentos, creencias y sistemas culturales (Whittaker, 2015).



Para lograr un abordaje integral ante las zoonosis es necesario trabajar en conjunto con las ciencias sociales. La propuesta de *Una medicina* realizada por Calvin Schwave concebía la enfermedad como un proceso biológico y cultural (Whittaker et al., 2020). Desde entonces, las investigaciones tocaron temas tales como el vínculo con gatos y perros domésticos para la emergencia y reemergencia de parasitosis zoonóticas, la incidencia del comportamiento animal y las creencias y comportamientos de los grupos humanos para desarrollar programas para el control de la rabia, y también la profundización del análisis de la interfase humanos- animales domésticos- animales silvestres (Whittaker et al., 2020).

“El comportamiento humano puede ser la llave que abre la proverbial *Caja de Pandora*, permitiendo que surjan enfermedades infecciosas”

Alexander y Mc Nutt

Como señalan Alexander y Mc Nutt (2010): “El comportamiento humano puede ser la llave que abre la proverbial *Caja de Pandora*, permitiendo que surjan enfermedades infecciosas”. Aún más, el desarrollo de una epidemia tiene como variable central el comportamiento de las personas en función de sus prácticas y representaciones acerca de la enfermedad, de las formas de contagio, de sus ideas de riesgo e, inclusive, de sus ideas acerca de la vacunación. Es crucial conocer de qué forma las personas perciben el riesgo porque esta percepción será la que guiará sus comportamientos.

La aplicación del enfoque de *Una sola salud* a los aspectos sociales se conoce como KAP, y se realiza a través de formularios estandarizados con preguntas. Si bien es un método muy utilizado por epidemiólogos y que ha mostrado ser de utilidad, ha sido criticado por científicos sociales por considerar que debía darse más espacio a elementos contextuales.

Desde una aproximación antropológica, se propone la aplicación de la etnografía desde las etapas iniciales de investigación. De acuerdo con Khort, Hadley y Hruschka (2009), la aproximación etnográfica permite que las preguntas utilizadas para análisis estadísticos, sean relevantes y que, además, las variables reflejen las categorías y significados de la comunidad participante.

La etnografía permite definir culturalmente los grupos a partir de criterios de pertenencia y comportamiento que sean relevantes para la salud. A partir de ahí, se puede avanzar desde una perspectiva emic de investigación, esto es, trabajando con las percepciones, categorías, conceptos e interpretaciones de los actores.

Ésta es la propuesta teórica y metodológica de la epidemiología cultural, concebida como un campo interdisciplinario en el que participan tanto médicos epidemiólogos como antropólogos. Como campo de investigación, “estudia las representaciones localmente válidas de la enfermedad (es decir, las características clave de los modelos explicativos) y su distribución. Estas representaciones están elaboradas por variables, descripciones y narrativas que dan cuenta de la experiencia de la enfermedad, su significado y el comportamiento asociado a la enfermedad” (Weiss, 2017).

No se trata sólo de un estudio a nivel de las representaciones. Como señalan Dobson y Foufopoulos (2001) “El comportamiento cultural humano tiene el potencial de influir en la adaptación de patógenos, la distribución espacial, la exposición y las tasas de contacto entre poblaciones susceptibles, huéspedes y comunidades de patógenos. Tales comportamientos también pueden influir en la susceptibilidad del hospedador, afectando el número reproductivo básico (R0) del patógeno y el potencial de persistencia e invasión de patógenos”.

En este contexto, una distinción fundamental es la que se establece entre enfermedad y dolencia. Mientras la primera se define de acuerdo con los criterios de la medicina, la dolencia nos remite a la experiencia, derivada de sistemas de clasificación definidos profesionalmente. En este sentido, un abordaje antropológico toma como objeto de estudio las experiencias, comportamientos y significados que forman parte del proceso de salud y enfermedad y que además son sociales, es decir, compartidos por un grupo.



A partir de la problematización de aspectos sociales de la actual pandemia de COVID-19, en particular los referidos a la difusión de información poco confiable, ha tomado particular relevancia el concepto de *Infodemia*. Éste fue definido inicialmente por Gunter Eysenbach (2002) haciendo referencia a la infodemiología como una nueva disciplina y metodología de investigación abocada al estudio de los determinantes y distribución de la información y desinformación sobre temas de salud. Desde ese momento hasta ahora, muchos trabajos se han sumado a la temática, enfatizando la necesidad de contar con un enfoque integral de la salud. Zaracostas (2020), retoma estos desarrollos en el contexto de la pandemia de COVID-19, planteando claramente que se debe gestionar tanto para la pandemia como para el fenómeno de la infodemia.



La pregunta con que se inicia la presente sección debe ser pensada como una expresión de este fenómeno, así, para tener éxito al aplicar el enfoque de *Una sola salud* es indispensable reconocer que la salud animal y humana es estrechamente cercana a la salud de los ecosistemas y también al comportamiento cultural del humano; cada una de las especialidades que aporta en estas ramas tiene sus propios métodos y enfoques, el reto ahora es sumarlos de manera adecuada incluyendo la integridad ecosistémica y la epidemiología cultural como vías fundamentales para entender y enfrentar las zoonosis.





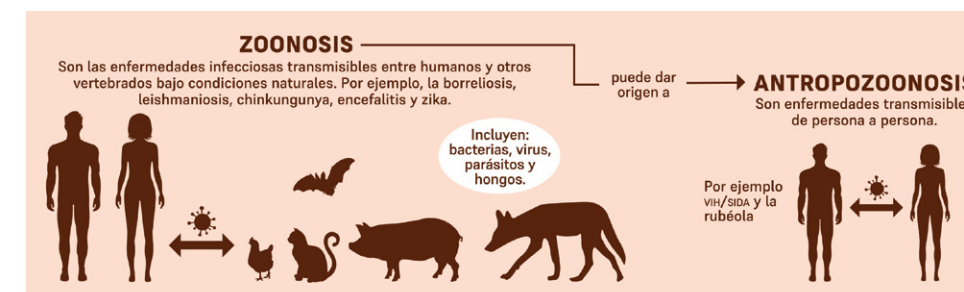
En el año 1950 se llevó a cabo la primera reunión del Grupo Mixto (OMS/FAO) de Expertos en las Zoonosis (GMEZ OMS/FAO) cuyo resultado fue un informe donde se definen a las zoonosis como “aquellas enfermedades que se transmiten naturalmente entre los animales vertebrados y el hombre” (OMS, 1958, p.2). El tema, con gran visibilidad en esa década, llevaría a discusiones a múltiples niveles que resaltan la importancia de clasificar los distintos tipos de zoonosis de acuerdo con diversos criterios, como el patógeno que las produce, por el nivel de conocimiento que se tenía sobre ellas, por su frecuencia de aparición o por su nivel de importancia (OMS, 1957). Como resultado del interés en el conocimiento sobre este tema y el incremento en trabajo de investigación relacionado, en el informe de la segunda reunión del Grupo Mixto, que se realizó en 1958, se discuten derivados del término de zoonosis con base en con la dirección de transmisión, que definían a la antropozoonosis como “aquellas enfermedades transmitidas del animal al hombre”, y a la zooantroponosis como “aquellas enfermedades transmitidas del hombre hacia los animales”.

Después de más de seis décadas, los términos son utilizados de distintas formas tanto en la literatura científica como en documentos técnicos de gobierno. Algunas de estas variaciones incluyen a) utilizar el término zoonosis para definir aquellas enfermedades que se transmiten de los animales al hombre, y utilizar el término antropozoonosis para referirse a aquellas enfermedades que se transmiten del hombre a los animales “o bien que se presentan como consecuencia de las actividades humanas” (Guerrero y Weber, 2012); b) utilizar el término antroposis para referirse a “infecciones (o enfermedades parasitarias) del hombre que no pueden existir sin la participación del hombre como hospedero biológico”, mientras que zoonosis la aplicarían para todas aquellas enfermedades que no requieren la participación del humano en el ciclo del patógeno (Vega, 2009).

Como es evidente, las diferencias en el uso de los términos puede llevar a confusiones, sobre todo cuando los documentos están dirigidos a tomadores de decisiones o público sin educación formal en el tema de interés. En el caso del presente documento, se utiliza el término zoonosis de manera general para englobar todas las enfermedades transmisibles entre humanos y animales y, únicamente si es necesario, se especificará el flujo de contagio utilizando los tres términos adicionales que se describen a continuación, esto es tomando como base lo descrito en el segundo informe del GMEZ OMS/FAO con algunas de las consideraciones planteadas a lo largo de los años y retomadas en parte por el gobierno de México (Secretaría de Salud, 2019):

- Antroposis.-** Infección transmitida sólo por seres humanos.
- Zoonosis.-** Enfermedades infecciosas transmisibles entre el humano y otros vertebrados bajo condiciones naturales. Los agentes infecciosos involucrados incluyen bacterias, virus, parásitos, hongos y rickettsias, entre otros.
- Antropozoonosis.-** Enfermedades transmitidas del animal al hombre.
- Zooantroponosis.-** Enfermedades transmitidas del hombre hacia los animales.

II. LAS ZONOSIS



En los últimos años, se han desarrollado estudios que vinculan la (re)emergencia de zoonosis con la pérdida de biodiversidad (Terraube y Fernández-Llamazares, 2020). Esta idea agrega, en teoría, un servicio ecosistémico adicional de la biodiversidad al bienestar humano y de las especies silvestres. La lista de servicios ambientales que brinda la biodiversidad incluyen la posibilidad de un aprovechamiento sustentable de especies de flora y fauna, la captación y provisión de agua, la resiliencia a cambios climáticos locales y regionales, la conservación de suelos, entre otros. En este sentido, la conservación de la biodiversidad debe considerarse como una estrategia de seguridad nacional y global.



Las áreas naturales protegidas son el instrumento de conservación de biodiversidad más efectivo que existe a nivel mundial y nacional (Figuroa et al., 2008; 2009; 2011; Sánchez-Cordero, 2010). Esta idea refuerza el argumento de la importancia del vínculo entre las áreas naturales protegidas y la posibilidad de decremento de riesgo de zoonosis (re)emergentes (Terraube y Fernández-Llamazares, 2020).

En la siguiente sección se incluye un diagnóstico del estado actual del conocimiento de las zoonosis en México, además, se describe y discute, brevemente, el vínculo entre las ANP y las zoonosis emergentes en el contexto de la dilución por biodiversidad.



Análisis de las zoonosis de las ANP del centro de México

Entre los años 2001 y 2003, la Organización Panamericana de la Salud (OPS) publicó la tercera edición de un libro con tres volúmenes, en el que se hizo una descripción sobre 174 zoonosis y enfermedades transmisibles comunes al humano y a los animales, las primeras, descritas como aquellas enfermedades que se transmiten entre el humano y los animales (término utilizado de igual manera en este trabajo), y las segundas, referidas como enfermedades que se contraen a partir del suelo, agua, animales invertebrados, entre otras fuentes, pero con la diferencia de que los animales vertebrados no ejercen un papel esencial en el ciclo vital del agente etiológico. Las enfermedades mencionadas corresponden a zoonosis de interés para la salud pública en América, seleccionadas a partir de un universo de enfermedades similares mucho más amplio, en gran parte con información sumamente limitada, además de que este número crece de manera constante.

El panorama descrito anteriormente permite tener una idea del gran número de zoonosis existentes. Ante esta situación, la Secretaría de Salud en México ha seleccionado 18 que, por su magnitud y trascendencia, han sido señaladas como zoonosis que son de interés y están sujetas a vigilancia epidemiológica, por lo que deben de notificarse de manera obligatoria (encefalitis equina venezolana, fiebre amarilla, fiebre hemorrágica por dengue, fiebre manchada, fiebre por dengue, fiebre del oeste del Nilo, paludismo por *Plasmodium falciparum*, paludismo por *Plasmodium vivax*, peste, tifo epidémico, tifo murino, otras rickettsiosis, brucelosis, cisticercosis, leptospirosis, rabia, teniasis, triquinelosis; DOF, 2013). Dentro de estas enfermedades existe una elevada diversidad de tipos de agentes etiológicos, formas de transmisión, vectores, tasa de incidencia y mortalidad, estrategia de control, entre otras variables.



Como ejemplo de lo anterior y el estado en el que se encuentran estas zoonosis en México, se puede mencionar que la rabia, zoonosis que no cuenta con un vector intermedio, cuyo agente es un virus y es una enfermedad mortal, ha sido controlada de manera muy exitosa a nivel doméstico mediante los programas de vacunación universal de perros y gatos domésticos, y no se tienen registros de transmisión del perro al humano desde 2006, pero se mantiene en reservorios silvestres con transmisión hacia animales domésticos que mantiene la presencia de casos (Centro Nacional de Programas Preventivos y Control de Enfermedades [CENAPRECE], 2018) (fig. 2); por otro lado, enfermedades como la brucelosis, también sin vector, provocada por una bacteria que se controla a través de antibióticos tanto en humanos como en ganado, tiene una tasa de incidencia promedio anual en humanos en México que varía entre 1.3 y 3.7 por cada 100,000 habitantes, y debido a que la mayor transmisión se lleva a cabo por el consumo de leche o sus derivados sin pasteurizar, esto tiene una relación positiva con la tasa de incidencia en ganado caprino y ovino, y así como con el índice de ingresos (Mendez-Lozano et al., 2015) (fig. 2). En lo referente al dengue, éste depende de vectores para su transmisión y su manejo se basa en el control de las poblaciones de mosquitos, tiene una alta variabilidad en el número de casos entre meses y años, pero se mantiene como una de las zoonosis transmitidas por vectores con mayor número de casos en México (fig. 3) (Narro-Robles y Gómez-Dantés, s. f.)

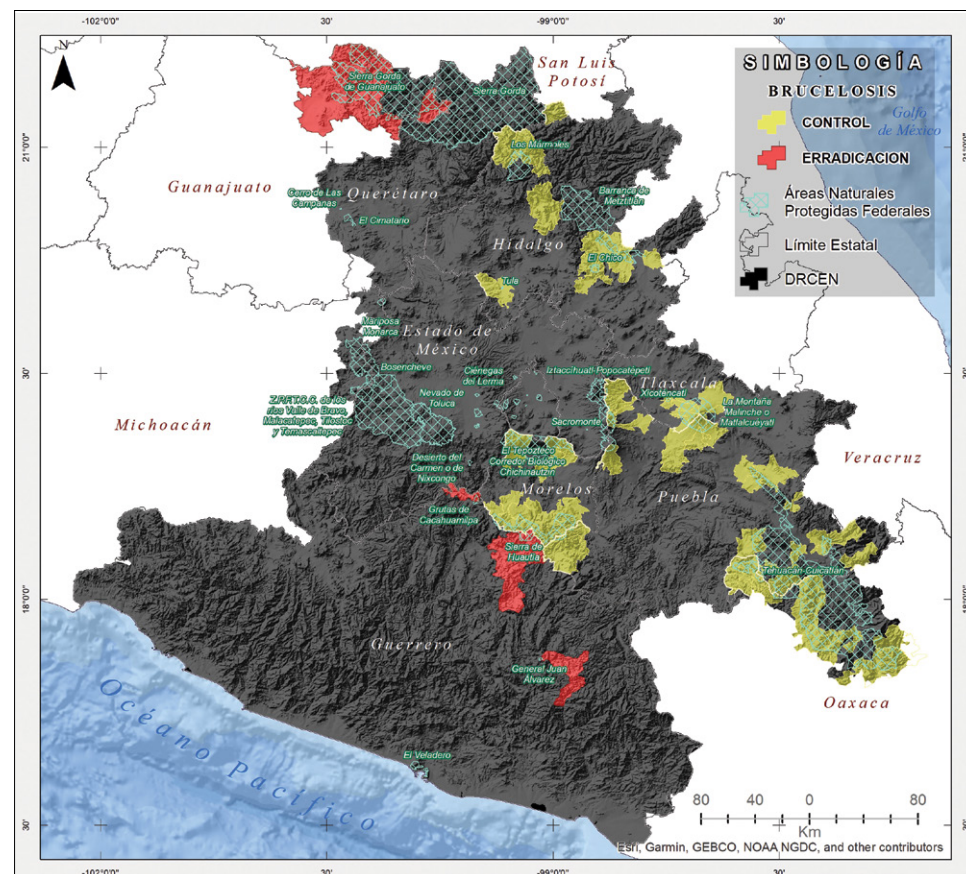


Figura 2
A) Coincidencia espacial de ANP del centro de México y de municipios que cuentan con información sobre las fases de manejo (control, erradicación, libre natural) que lleva a cabo el Servicio Nacional de Sanidad, Inocuidad y Calidad Agroalimentaria, de brucelosis en ganado (en esta página) y de rabia (página siguiente) (elaboración propia con información de SENASICA, 2021).

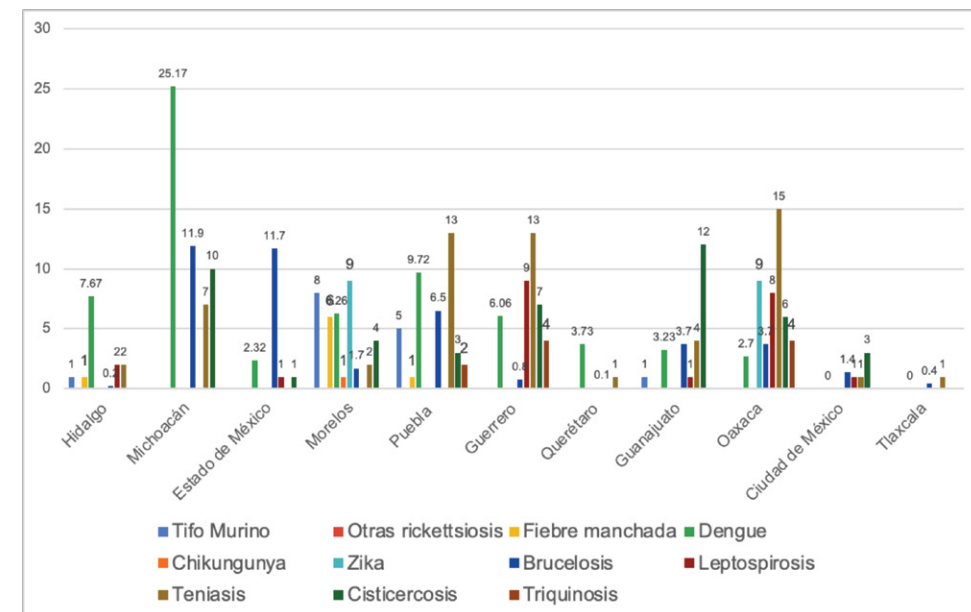
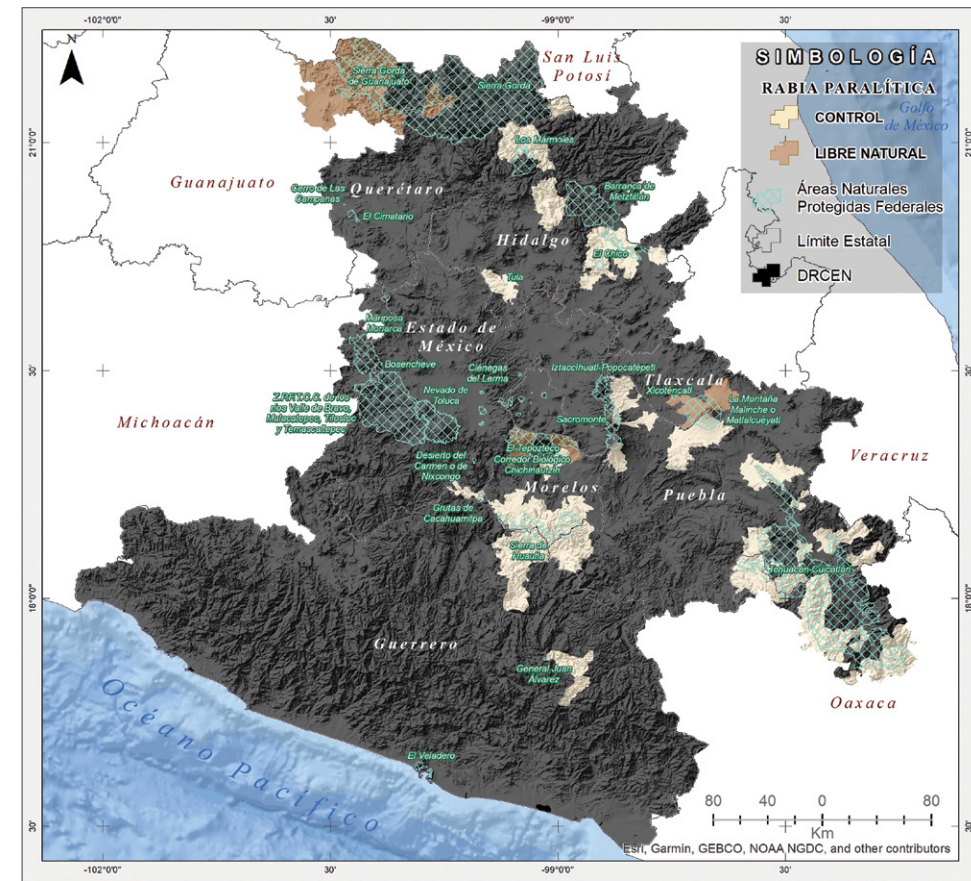


Figura 3
Número de casos de zoonosis reportados en humanos para el año 2020 en los estados incluidos en la Región Centro y Eje Neovolcánico de la CONANP. El dengue tiene un factor de división de 100 y la brucelosis de 10 (elaboración propia con información de Secretaría de Salud, 2021).



La notificación obligatoria de estas enfermedades permite contar con información actualizada, y posibilita actuar de manera rápida en caso de existir brotes o incremento de la tasa de incidencia que se encuentre fuera de lo esperado, sin embargo, no existe un sistema que permita realizar análisis de otras enfermedades. Para conocer su estado en el territorio mexicano, es indispensable definir su ocurrencia en el espacio a partir del análisis de literatura científica (Monsalve et al., 2009), o haciendo uso de análisis de distribución de vectores y reservorios como un indicador del potencial de riesgo. En este trabajo se presentan ambos enfoques.



ANÁLISIS DE LAS ZONOSIS DE LAS ANP EN LITERATURA CIENTÍFICA-MÉTODOS

Se seleccionaron enfermedades que, bajo criterio de experto, son representativas de la diversidad existente respecto a tipos de vectores, agentes, tipo de transmisión, huéspedes y reservorios sobre las cuales se cuenta con información suficiente disponible para México. Con base en dicha selección, se realizó una búsqueda en la base de datos *Web of Science* de documentos publicados durante el periodo 2010-2020 que, bajo el campo “tópico” (ts), coincidieran con los términos en idioma inglés (las publicaciones en castellano usualmente cuentan con resumen en inglés): *American trypanosomiasis, avian influenza, baylisascariasis, borreliosis, chikungunya, dengue, ehrlichiosis, equine encephalitis, hantavirus, larva migrans, leishmaniasis, leprosy, leptospirosis, listeriosis, malaria, powassan, rabies, rat bite fever, Saint Louis encephalitis, trichinellosis, typhus, west nile virus, yellow-fever, yersinia pestis, yersiniosis* y *zika*. Estos términos corresponden, en su mayoría, al nombre de las zoonosis y no al nombre de los agentes, por lo que la ausencia de resultados en las búsquedas no necesariamente implica que no existan documentos publicados sobre el tema, además de que los resultados de las búsquedas automatizadas dependen de las bases de datos consultadas.



Todos los términos de búsqueda se unieron mediante el operador lógico “AND” con el término “mexico” (sic). Adicionalmente, se realizaron dos búsquedas más para el mismo periodo con los criterios: zoonosis AND protected areas, y zoonosis AND wildlife. Con el identificador de objeto digital (DOI) de cada documento, se descargaron los archivos correspondientes de diferentes bases y repositorios de datos.

Se identificaron los agentes causales, vectores y huéspedes para cada zoonosis. Se crearon tablas resumiendo el conocimiento sobre la presencia de estos tres elementos en el territorio nacional. También se identificaron los vectores y huéspedes confirmados fuera del territorio nacional o declarados como potenciales, mediante categorías taxonómicas supra-específicas; con esta información se realizaron fichas de las zoonosis de manera individual con datos sobre los agentes, vectores, huéspedes, tipo de transmisión y distribución.



ANÁLISIS DE LAS ZONOSIS DE LAS ANP EN LITERATURA CIENTÍFICA-RESULTADOS

Se obtuvo un total de 1,047 documentos únicos provenientes de 365 fuentes para el periodo 2010-2020 (fig. 4). De éstos, 565 archivos digitales estaban disponibles para su revisión.

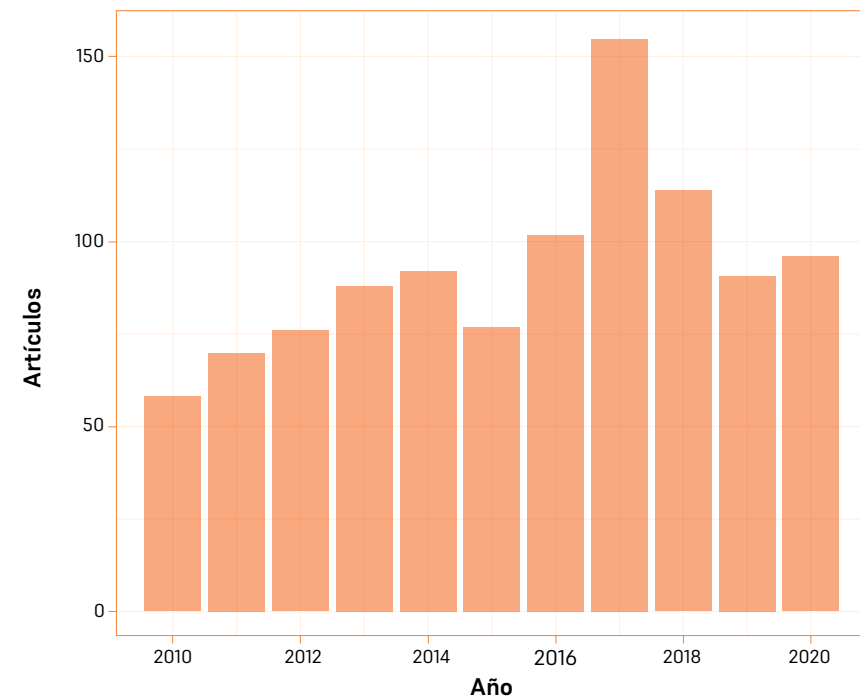


Figura 4
Número de artículos publicados relacionados con las zoonosis que han sido documentados en México, durante el periodo 2010-2020.

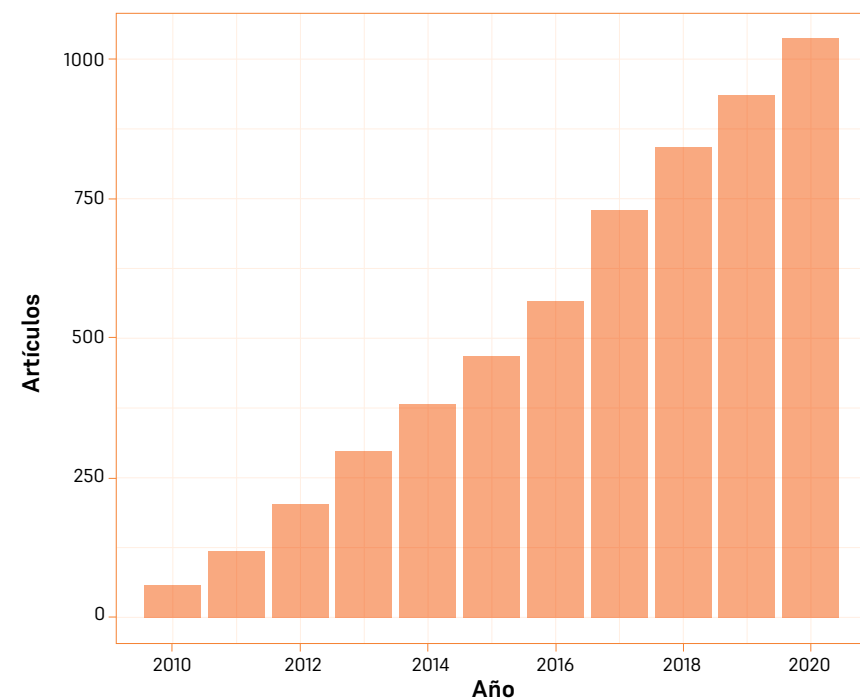
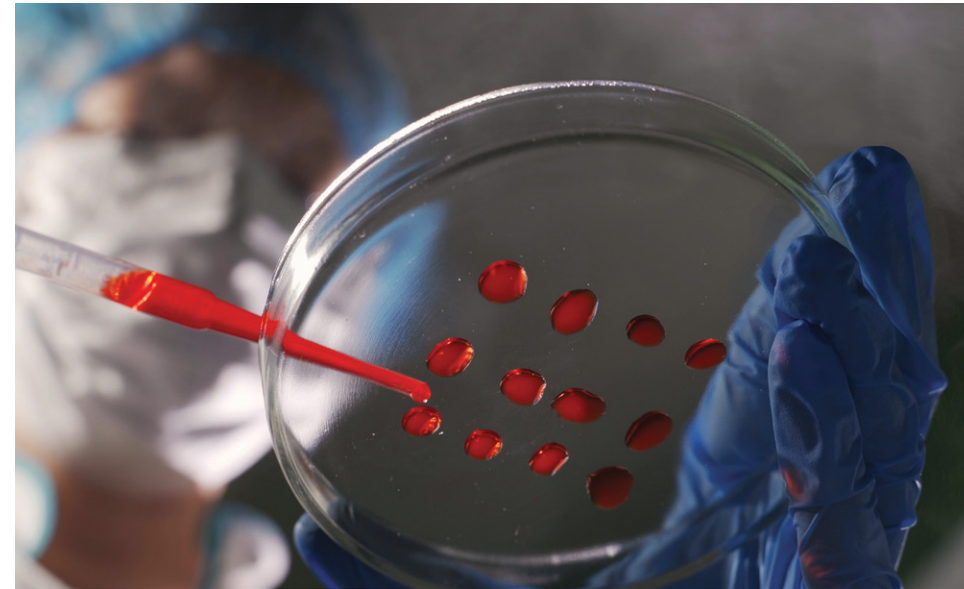


Figura 5
Número acumulado de artículos publicados relacionados con las zoonosis documentadas durante el periodo 2010-2020.



En los últimos cinco años hubo un incremento notable en el número de estudios de zoonosis que se han desarrollado en México (fig. 5). Esto refleja la relevancia que ha tenido este campo del conocimiento entre la comunidad científica internacional y nacional (fig. 6). El enfoque del estudio de las zoonosis se ha ido complementando, de pasar de un enfoque estrictamente clínico, a incorporar a los agentes causales de su transmisión. En años recientes, el estudio de las zoonosis incluye el análisis detallado de los patógenos, vectores y huéspedes en un contexto geográfico. El uso de herramientas, como el modelado del nicho ecológico, proyectado como distribución potencial de especies (recuadro 2), abrió un paradigma de investigación muy popular sobre la elaboración de mapas de riesgo con un poder estadístico de alta predictibilidad.

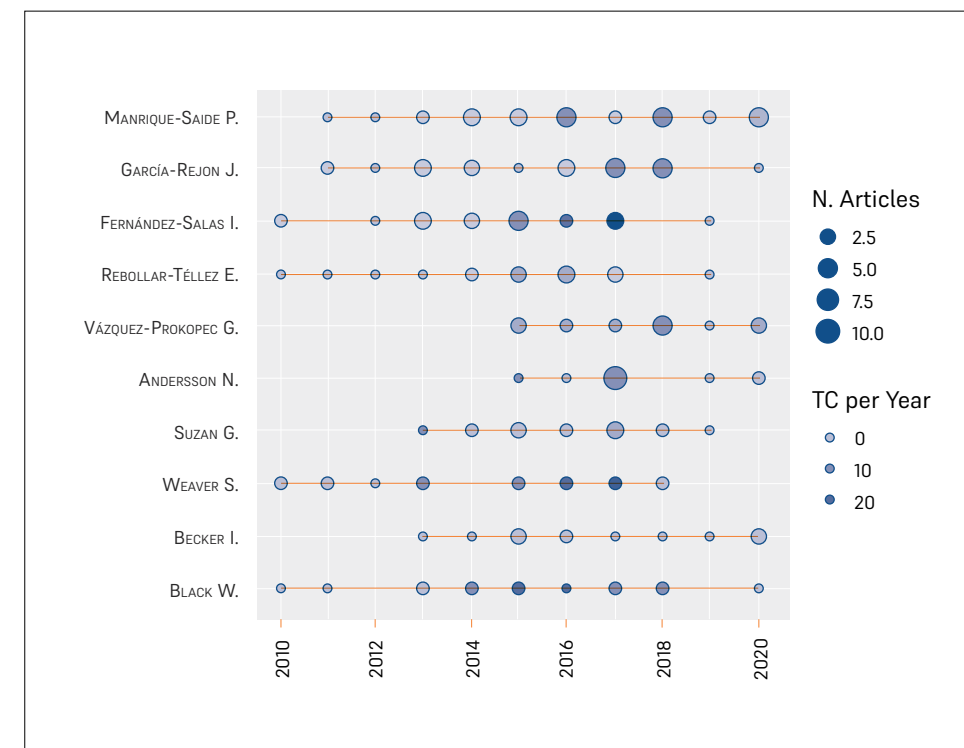


Figura 6
Producción de los principales autores que han publicado sobre zoonosis en México, durante el periodo 2010-2020; N. Artículos = número de artículos, TC = total de citas.



De las zoonosis cuyos vectores y huéspedes han sido confirmados, 10 son ocasionadas por agentes virales, 5 por bacterias y 3 por protozoarios (**tabla 1**). Una tendencia similar, observada en aquellas zoonosis donde se involucran vectores, es consistente a diferentes escalas geográficas, desde global, continental hasta a nivel de países. La enorme riqueza de especies de invertebrados, como el grupo de ácaros e insectos, resalta en las especies involucradas, como vectores incriminados, en la transmisión de patógenos a hospederos (incluyendo el humano). Los vectores incriminados en la transmisión de patógenos en estas zoonosis mostraron la mayor riqueza de especies (**tabla 2**). Finalmente, un resultado que conecta a los hospederos en tendencias a diferentes escalas (global, continental y nacional) es el hecho de que los mamíferos (particularmente los órdenes de Rodentia y Chiroptera) destacan en aportar el mayor número de especies de huéspedes que cualquier otro grupo faunístico para las zoonosis estudiadas.

Agente	Zoonosis	Huéspedes	Especies
Bacteria	Borreliosis	23	22
	Ehrlichiosis	1	2
	Lepra	1	-
	Leptospirosis	9	-
	Tifus	3	2
Protozoario	Leishmaniasis	37	10
	Malaria	3	3
	Tripanosomiasis americana	6	3
Virus	Dengue	8	2
	Encefalitis	1	-
	Encefalitis equina	8	2
	Encefalomiocarditis	1	-
	Influenza	16	-
	Rabia	14	-
	Síndrome pulmonar hantavirus	42	-
	Virus del Nilo occidental	6	2
	Chikungunya	-	2
	Zika	-	2

Tabla 1
Especies de huéspedes y vectores identificados para cada zoonosis, de acuerdo con las publicaciones y documentos obtenidos.

Se identificaron 24 especies como vectores de zoonosis ocasionadas por agentes bacterianos, 16 especies para zoonosis producidas por protozoarios y 6 para zoonosis virales.

Respecto a los vectores que fueron identificados en los documentos consultados, los artrópodos representan la mayoría de los vectores identificados; 23 especies pertenecieron a la clase Euchelicerata y a la clase Insecta (**fig. 7**).

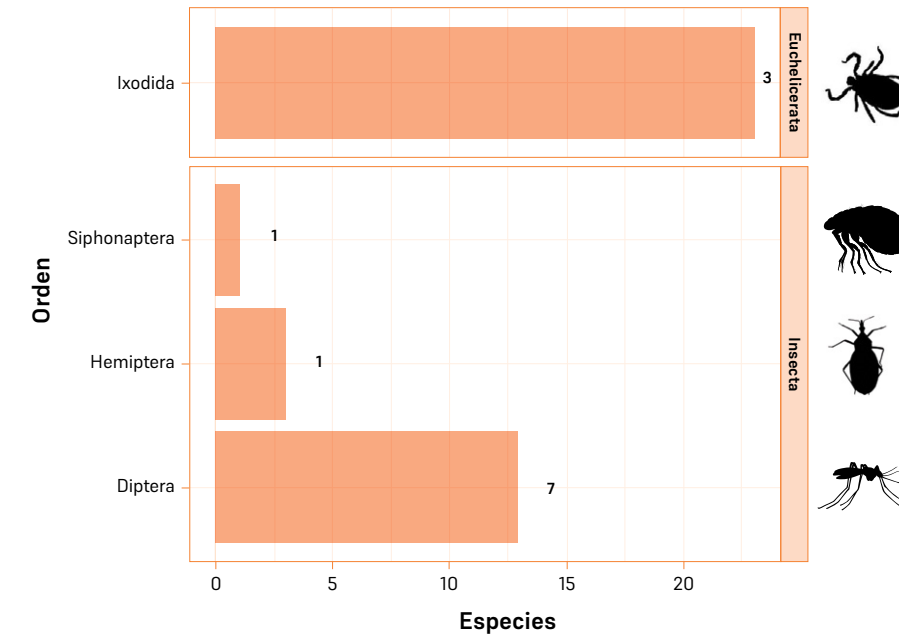


Figura 7
Número de especies de vectores, por clase y orden, involucrados en las zoonosis (números junto a las barras) en México que fueron identificadas en los documentos.

Un total de 126 especies pertenecientes a tres clases, 17 órdenes y 34 familias fueron consideradas como huéspedes; de éstas, 19 pertenecen a las aves, 105 a los mamíferos y, una, a un reptil. Los roedores, murciélagos y las aves anseriformes fueron los grupos taxonómicos que mostraron un mayor número de especies (**fig. 8**).

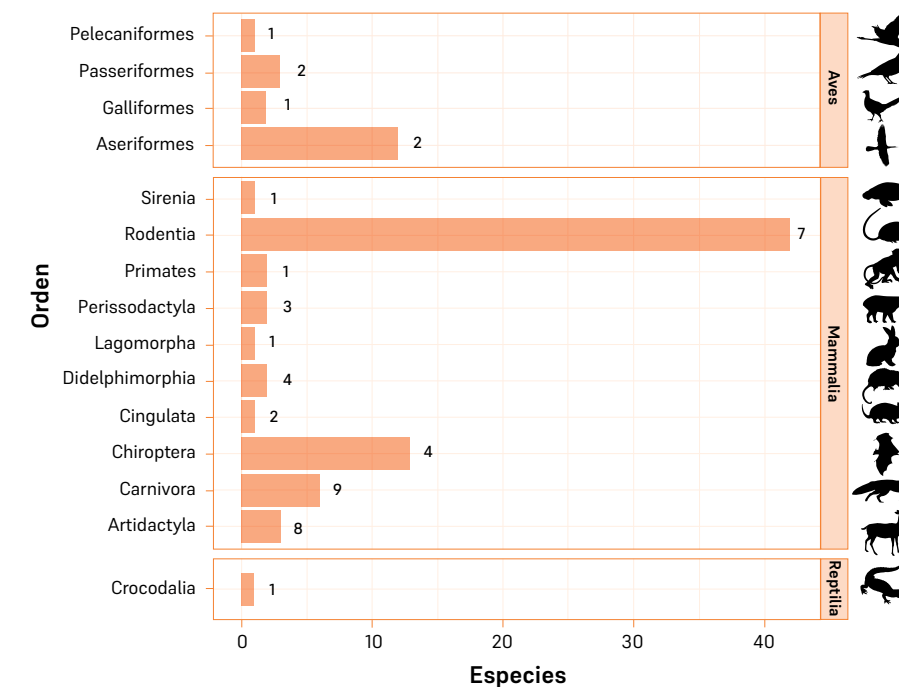


Figura 8
Número de especies de huéspedes de zoonosis (números junto a las barras) por clase y orden identificadas en los documentos.



Fichas sobre las enfermedades zoonóticas

Con base en la información obtenida de manera automatizada para realizar los análisis antes mencionados, y mediante una búsqueda ampliada específica para cada enfermedad, se presenta a continuación información sobre las zoonosis en formato de fichas, incluyendo los agentes, huéspedes, vectores, el tipo de transmisión y la distribución conocida de los casos de infección. Las fichas están organizadas por tipo de agente.



Bacteria

Borreliosis

AGENTE

La bacteria *Borrelia burgdorferi* es la principal responsable de la borreliosis (Colville y Berryhill, 2007), también conocida como enfermedad de Lyme o borreliosis de Lyme. Este género de espiroquetas se divide en cuatro grupos: *a*) el grupo que causa la borreliosis de Lyme (LB), *b*) el grupo asociado a la fiebre reincidente (RF), *c*) un grupo asociado a reptiles y *d*) un grupo asociado a equidnas (Margos *et al.*, 2018). Se han identificado 11 especies como agentes etiológicos. De éstas, 6 han sido reportadas en México: *B. afzelii*, *B. burgdorferi* s.s., *B. duguesii*, *B. garinii*, *B. mazzottii* y *B. turicatae*, de las cuales, 2 son especies que pertenecen al grupo LB y 4 al RF (Colunga-Salas *et al.*, 2020a).

HUÉSPED

Existen alrededor de 17 especies de mamíferos, principalmente roedores, que pueden ser infectadas por especies del género *Borrelia*, con *B. burgdorferi* como la única especie representante del grupo LB (Colunga-Salas *et al.*, 2020). Se ha identificado su presencia en garrapatas de la familia Ixodidae y *B. burgdorferi* en perros en el estado de Nuevo León (Galaviz-Silva *et al.* 2013), roedores silvestres en el centro de México¹ (Gordillo *et al.*, 2010) y en tejidos de roedores silvestres en Nuevo León, Quintana Roo (Rodríguez-Rojas *et al.*, 2020), Estado de México y Guerrero (Colunga-Salas *et al.*, 2020b). También se ha reportado la presencia de especies del grupo asociado a reptiles en boas (*Boa constrictor*) (Morales-Díaz *et al.*, 2020) y anfibios (*Rhinella horribilis*) en el estado de Veracruz (Colunga-Salas *et al.* 2020c).

VECTOR

Los vectores de esta zoonosis son arácnidos del orden Ixodida (garrapatas). Se ha reportado la presencia de especies del género *Borrelia* en 14 especies de este orden: 3 de la familia Argasidae y 11 de la familia Ixodidae; esta última es la única familia en la que han sido detectadas especies del grupo LB (Colunga-Salas *et al.*, 2020a).

TRANSMISIÓN

Las garrapatas transmiten *B. burgdorferi* de un hospedero a otro a través la picadura. La bacteria vive en el tracto intestinal de la garrapata y se comienza a liberar entre 24 a 36 horas después de que ésta se adhiere a su huésped (Colville y Berryhill, 2007).

DISTRIBUCIÓN

Se ha reportado la presencia de casos de infección por *Borrelia* en humanos y animales en 18 estados de México. La mayor diversidad de especies del género se localiza en las regiones Centro y Noreste del país; la mayor densidad de animales infectados se presenta en los estados de Aguascalientes, Nuevo León y Guanajuato, mientras que los casos reportados en humanos se localizan principalmente en Nuevo León, Tamaulipas y la Ciudad de México (Colunga-Salas *et al.*, 2020a).

¹ No se indica el estado en el que se realizaron las colectas de material.



Ehrlichiosis

AGENTE

La *ehrlichiosis* es causada por cocobacilos gramnegativos del género *Ehrlichia* (Colville y Berryhill, 2007). La bacteria *Ehrlichia canis* es el agente etiológico de la ehrlichiosis monocítica canina (EMC) (Pat-Nah et al., 2015). *E. canis* es una bacteria que infecta células mononucleares y reside en microcolonias llamadas mórulas (Mavromatis et al., 2006). También se han reportado como agentes causales de la zoonosis a *E. chaffeensis* (Alcántara-Rodríguez et al., 2020), *E. ewingii* (Gaff et al., 2014), *Anaplasma phagocytophilum* y *Neorickettsia sennetsu* (Colville y Berryhill, 2007).

HUÉSPED

Aunque los perros son el principal huésped de esta zoonosis, la cual es potencialmente mortal para ellos (Fourie et al., 2013), también ha sido reportada en cánidos silvestres (Gaff et al., 2014). Se ha identificado *E. chaffeensis* en perros, coyotes, zorros rojos, ciervos, cabras y lémures. *E. ewingii* causa la enfermedad en perros, mientras que *Anaplasma phagocytophilum* se encuentra en perros, caballos, ciervos, bisontes, alces, roedores, llamas, gatos, vacas, ovejas, cabras y primates no humanos (Colville y Berryhill, 2007).

VECTOR

La ehrlichiosis es transmitida por especies de arácnidos (garrapatas) de la familia Ixodidae (Colville y Berryhill, 2007). *Rhipicephalus sanguineus* es el principal vector en México (Dantas-Torres, 2008); sin embargo, *E. chaffeensis* ha sido detectada en otras tres especies de garrapatas (*Amblyomma americanum*, *A. mixtum*, y *Rhipicephalus sanguineus*) (Alcántara-Rodríguez et al., 2020).

TRANSMISIÓN

Esta zoonosis es transmitida de hospedero a hospedero a través de las secreciones salivales de los vectores (Cohn, 2003). La transmisión directa de persona a persona o persona-animal no ocurre (Colville y Berryhill, 2007).

DISTRIBUCIÓN

Hay poca información disponible sobre las infecciones en humanos por especies del género *Ehrlichia* en México (Alcántara-Rodríguez et al., 2020). Los estados en los que se han reportado casos de ehrlichiosis en humanos son Ciudad de México, Estado de México, Oaxaca y, con mucho mayor prevalencia, el estado de Yucatán (Pat-Nah et al., 2015).

Peste

AGENTE

La peste es causada por la bacteria *Yersinia pestis*, un cocobacilo gramnegativo de la familia *Enterobacteriaceae* (Perry y Fetherston, 1997).

HUÉSPED

Más de 200 especies de mamíferos, principalmente roedores, pueden infectarse con *Y. pestis*. No todas las especies son igualmente susceptibles; las especies de fauna silvestre y domésticas como perros, gatos y el ganado pueden ser fuente para otros animales y humanos. *Y. pestis* también puede residir en cianobacterias y protozoarios de vida libre (amebas), así como del tracto digestivo de lagomorfos y roedores, convirtiéndolos en huéspedes temporales (Barbieri et al., 2020). Los gatos domésticos, aunque son altamente susceptibles, pueden también transmitir la enfermedad (Colville y Berryhill, 2007).

VECTOR

Aproximadamente 80 especies de insectos del orden Siphonaptera (pulgas) son vectores de *Y. pestis* (Barbieri et al., 2020), así como garrapatas (orden Ixodida) y piojos de humanos (orden Phthiraptera) (Colville y Berryhill, 2007).

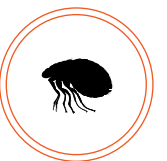
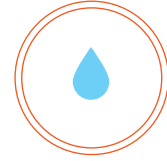
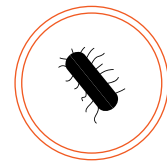
TRANSMISIÓN

La enfermedad adopta tres formas principales: bubónica, septicémica y neumónica (Abbott y Roche, 2012). Los suelos con presencia de *Y. pestis* pueden representar una fuente de infección para mamíferos. La transmisión de un hospedero a otro o a humanos ocurre principalmente por la picadura de pulgas infectadas (Barbieri et al., 2020); para el caso del tipo neumónico, la transmisión de persona a persona o animal-humano puede ocurrir vía aerosoles (Abbott y Roche, 2012). La bacteria también puede penetrar en el organismo a través de lesiones en la piel (Colville y Berryhill, 2007). Se han identificado dos principales rutas de transmisión mediadas por pulgas: *a*) masiva o de fase temprana (EPT) y *b*) dependiente de biopelículas.

Los brotes de peste se desarrollan periódicamente entre roedores susceptibles y pueden tener graves impactos en la supervivencia de especies amenazadas de fauna silvestre (Abbott y Roche, 2012), por ejemplo, los perros de la pradera (*Cynomys spp.*) son altamente susceptibles y presentan casi 100% de mortalidad (Barbieri et al., 2020), por lo que la enfermedad representa una amenaza importante para este grupo (Friggens et al., 2010) y para los servicios ecosistémicos de los pastizales donde habitan (Martínez-Estévez et al., 2013).

DISTRIBUCIÓN

La peste ha ocasionado tres pandemias en los últimos 1500 años (Drancourt et al., 2004) llamadas: *a*) la plaga de Justiniano (541-767 anno Domini), *b*) Peste Negra (1346-siglo XIX) y *c*) la moderna (siglo XIX-presente), diezmando la población humana de Europa y el norte de África durante las dos primeras (Parkhill et al., 2001; Achtman et al., 2004). En los últimos 20 años no se han reportado casos de peste en humanos en México (Barbieri et al., 2020).



El primer registro selvático de la peste en México corresponde al estado de Coahuila, donde se aisló *Y. pestis* del bazo de perros de la pradera (*Cynomys mexicanus*) (Varela y Vásquez, 1954). En estudios posteriores, se han realizado análisis de detección de *Y. pestis* en pulgas en los estados de Sonora (asociadas a *Cynomys ludovicianus*) (Zapata-Valdés et al., 2018) y Chihuahua (Fernández-González et al., 2016). Aunque no se encontraron resultados positivos, la bacteria posiblemente ha contribuido, junto con el sobrepastoreo y la sequía, a provocar una importante disminución de las colonias de *C. ludovicianus* en Chihuahua (Castellanos-Morales y Eguiarte, 2020).

Tifus

AGENTE

El tifus murino es causado por la bacteria *Rickettsia typhi*, un cocobacilo aerobio gramnegativo de aproximadamente 0.4 por 0.9 µm. Son parásitos intracelulares obligados con un ciclo de vida que involucra hospederos vertebrados e invertebrados (McLeod et al., 2004).

HUÉSPED

Los roedores (*Rattus norvegicus*, *Rattus rattus*) (García-Acosta y Aguilar-García, 2015; Peniche-Lara et al., 2015) y las zarigüeyas (*Didelphis virginiana*) (Dzul-Rosado et al., 2013; Santoyo-Colín et al., 2021) son considerados como los principales huéspedes de la bacteria, aunque especies de otros grupos de mamíferos como zorrillos, musarañas y gatos pueden ser huéspedes de *R. typhi* y varios vectores (Azad, 1990).

VECTOR

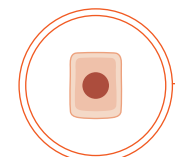
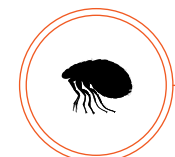
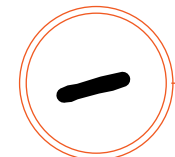
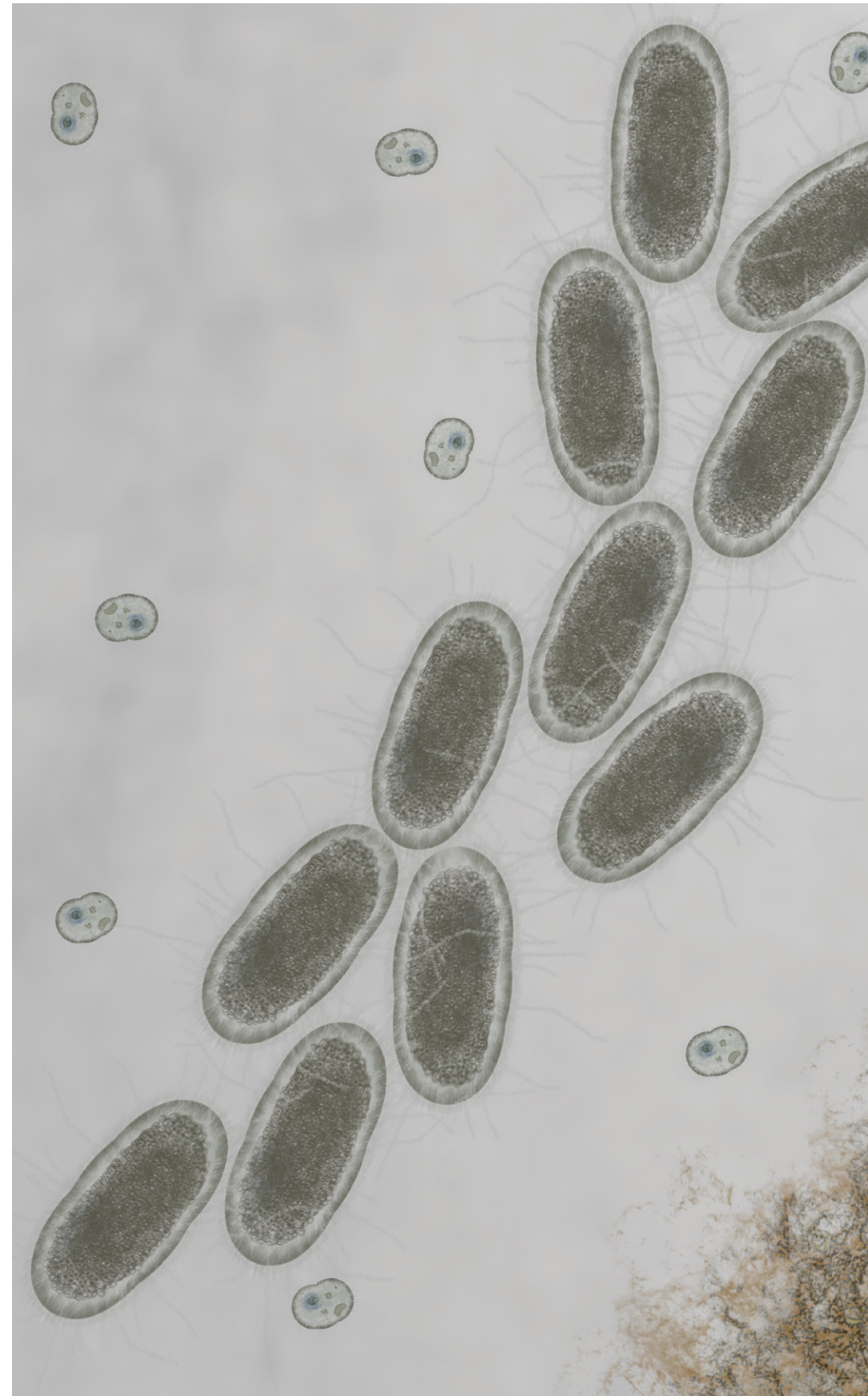
La pulga del gato (*Ctenocephalides felis*) (Civen y Ngo, 2008) y de roedores (*Xenopsylla cheopis*) (Peniche-Lara et al., 2015) son los principales vectores de esta zoonosis, aunque piojos y ácaros son considerados como potenciales vectores (García-Acosta y Aguilar-García, 2015).

TRANSMISIÓN

La transmisión de *R. typhi* ocurre por la picadura de pulgas infectadas o por la contaminación de la piel lesionada, el tracto respiratorio o las conjuntivas del hospedero con heces o tejidos de pulgas infectadas (Azad, 1990).

DISTRIBUCIÓN

En México, los casos de tifus en humanos se presentan principalmente en Yucatán (Zavala-Castro et al., 2009; Dzul-Rosado et al., 2013; Peniche-Lara et al., 2015; Martínez-Ortiz et al., 2016; Torres-Castro et al., 2020), y recientemente el estado de México y la Ciudad de México (Sánchez-Montes et al., 2019), en la cual, se han amplificado ADN de *Rickettsia* sp. en pulgas (*Ctenocephalides felis felis*) de zarigüeyas (*D. virginiana*) (Santoyo-Colín et al., 2021).





Protozoarios

Leishmaniasis

AGENTE

La leishmaniasis es causada por protozoarios flagelados de la familia *Trypanosomatidae*, del género *Leishmania*. Presenta las formas clínicas cutánea, cutáneo-mucosa y visceral; de éstas, la primera es la predominante en México (Martínez et al., 2011). Es una enfermedad polimorfa que puede afectar la piel o las membranas mucosas y se manifiesta inicialmente como lesiones eritematosas con prurito, que posteriormente forman pápulas y úlceras indoloras (Acha y Szyfres, 2003).

HUÉSPED

La identificación de los huéspedes de esta zoonosis en México es escasa y no sistemática (Stephens et al., 2016). Dos especies de primates, los monos aulladores *Alouatta pigra* y *A. palliata*, han resultado positivas a anticuerpos de *Leishmania sp.* en Campeche y Tabasco (Rovirosa-Hernández et al., 2013), así como 4 especies de roedores silvestres (*Ototylomys phyllotis*, *Oryzomys melanotis*, *Peromyscus yucatanicus* y *Sigmodon hispidus*) en Campeche (Chable-Santos et al., 1995; Canto-Lara et al., 1999) y en perros de los estados de Yucatán y Quintana Roo (López-Céspedes et al., 2012), Tabasco y Oaxaca (Castrejón et al., 2009).

Varias especies de murciélagos de la familia Phyllostomidae son consideradas como huéspedes potenciales, ya que se ha amplificado ADN de *L. mexicana* en muestras de 13 especies en los estados de Chiapas, Tabasco y Jalisco (Berzunza-Cruz et al., 2015). En estudios posteriores, se han identificado 22 especies de nuevos huéspedes potenciales en México mediante análisis de redes de inferencia complejas (Stephens et al., 2016).

VECTOR

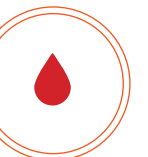
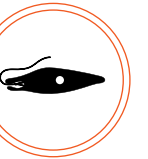
La leishmaniasis es transmitida por dípteros (moscas) de la familia *Phlebotomidae* (Acha y Szyfres, 2003). México presenta una alta riqueza de especies de este grupo, pero únicamente se han considerado como vectores de *Leishmania*: a) *Lutzomyia olmeca*, b) *Lu. Shannoni*, c) *Lu. Cruciat* y d) *Psychodopygus panamensis* (Sánchez-García et al., 2010; Pech-May et al., 2010; Lozano-Sardaneta et al., 2020a). Sin embargo, recientemente se ha amplificado ADN del parásito en *Psathyromyia aclydífera*, *Psathyromyia carpenteri*, *Dampfomyia beltrani* y *Brumptomyia mesai* (Lozano-Sardaneta et al., 2020b).

TRANSMISIÓN

La forma flagelada del parásito (amastigote), alojada dentro de los macrófagos de un hospedero vertebrado, es ingerida por moscas de la familia *Phlebotomidae* al alimentarse de la sangre de éste. Una vez en el intestino de la mosca, los amastigotes se convierten en promastigotes que se multiplican y son transmitidos a un vertebrado por regurgitación en la siguiente ingesta de sangre (Acha y Szyfres, 2003).

DISTRIBUCIÓN

Se ha reportado leishmaniasis en 25 estados de México (Lozano-Sardaneta et al., 2020a) y es considerada endémica en los estados de Chiapas, Sinaloa, Campeche, Veracruz, Tabasco, Oaxaca, Campeche, Yucatán, Nuevo León, Morelos y Jalisco (Andrade-Narváez et al., 2003; Esquinca et al. 2005; Martínez et al. 2011; Longoni, et al., 2012; Ochoa-Díaz et al., 2012).



De acuerdo con modelos de distribución de especies en los que se identifica la idoneidad ambiental actual de 28 especies de moscas de los géneros *Brumptomyia* y *Lutzomyia*, la mayor riqueza de este grupo se presenta en el sur de Tamaulipas, este de San Luis Potosí, Veracruz, Tabasco, Campeche, Yucatán, Quintana Roo, Chiapas, Michoacán, Colima, Jalisco y Nayarit. Para estas especies, se prevé un aumento en la amplitud del nicho ecológico para 2080, a excepción de *Lutzomyia vexator*, presentándose la mayor riqueza en la costa del Pacífico al norte del Istmo de Tehuantepec y la costa norte del Golfo (Moo-Llanes et al., 2013).

Tripanosomiasis americana

AGENTE

La tripanosomiasis americana o enfermedad de Chagas es causada por el protozooario flagelado *Trypanosoma cruzi*. Este parásito, de la familia *Trypanosomatidae*, tiene un ciclo biológico complejo que se caracteriza por la presencia de varias etapas de desarrollo en hospederos vertebrados e invertebrados (De Souza, 1984). En mamíferos, *T. cruzi* se encuentra en dos diferentes formas: *a*) tripomastigotos extracelulares en la sangre y *b*) amastigotos intracelulares en los tejidos. En los vectores se presenta en dos formas extracelulares: *a*) epimastigotos en el intestino y *b*) tripomastigotos o tripanosomas metacíclicos en el recto (Acha y Szyfres, 2003). Este protozooario presenta alta diversidad genética y se clasifica por consenso en seis unidades discretas de tipificación (DTU) (TcI a TcVI), las cuales parecen estar asociadas a diferentes ciclos de transmisión y distribución geográfica (Zingales et al., 2009; 2012).

HUÉSPED

Más de 100 especies de mamíferos, en su mayoría silvestres, pueden mantener la infección por *T. cruzi* (Telleria y Tibayrenc, 2017). Los huéspedes en áreas endémicas incluyen murciélagos, zarigüeyas, perros, roedores y mapaches (Clayton, 2010), entre otros. La prevalencia puede ser alta en gatos, perros, roedores y lagomorfos domésticos y silvestres; las aves y los vertebrados ectotermos son refractarios a la infección por *T. cruzi*, pero las aves domésticas constituyen una fuente importante de alimento para los vectores (Acha y Szyfres, 2003). También se ha identificado la infección en cerdos (Jiménez-Coello et al., 2012) y otros animales domésticos. De las diferentes especies silvestres de huéspedes identificadas en México, las zarigüellas *Didelphis virginiana*, *D. marsupialis* y *Philander oposum* son las de mayor relevancia (Cruz-Reyes y Pickering-López 2006).

Los perros son huéspedes importantes en la ruta de transmisión de *T. cruzi* a humanos (Cruz-Reyes y Pickering-López, 2006; Moo-Millan et al., 2019). En algunos estudios, se ha documentado la infección en perros en el Estado de México (Barbosa-Pliego et al., 2011; Quijano-Hernández et al., 2012), Yucatán (López-Céspedes et al., 2013; Jiménez-Coello et al., 2015), Quintana Roo (López-Céspedes et al., 2013), Sonora (Arce-Fonseca et al., 2017) y la frontera con Texas (Meyers et al., 2017).



VECTOR

Los vectores del parásito son insectos hemípteros (chinches) de la familia *Reduviidae*. El número de especies consideradas como vectores de *T. cruzi* varía de acuerdo con los diferentes autores y años de publicación de los estudios, van de más de 150 (Telleria y Tibayrenc, 2017) a más de 100 (Acha y Szyfres, 2003; Clayton, 2010). Para México, se reportan valores de 32 especies (Salazar-Schettino et al., 2010), de las cuales 10 son consideradas como las principales (Cruz-Reyes y Pickering-López, 2006), y en 20 se ha documentado la infección por *T. cruzi* (Carrada-Bravo, 2004; Ramsey et al., 2000). Dentro de la diversidad de triatominos considerados como vectores, se puede afirmar que las especies de mayor importancia son: *Triatoma longipennis* y *Triatoma picturata* (Martínez-Ibarra et al., 2001), *Triatoma barberi*, *Meccus picturatus* (Martínez-Ibarra et al., 2014), *Triatoma dimidiata* y *Triatoma pallidipennis* (Salazar-Schettino et al., 2010), *Triatoma gerstaeckeri*, *Triatoma mazzotii*, *Triatoma mexicana* y *Triatoma phyllosoma* (Cruz-Reyes y Pickering-López, 2006).

De acuerdo con sus hábitos, las especies de vectores se dividen en peridomésticas, intradomésticas y selváticas (Salazar-Schettino et al., 2010; Martínez-Ibarra et al., 2014; Telleria y Tibayrenc, 2017).

TRANSMISIÓN

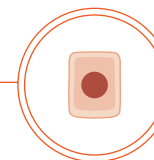
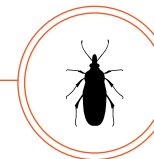
Esta zoonosis se transmite cuando las membranas mucosas o la piel lesionada se exponen a las heces de los vectores infectados con *T. cruzi*. También se puede transmitir oralmente por contaminación de alimentos, transfusiones de sangre y trasplantes de órganos, así como de forma congénita (Miles et al., 2003). Un triatomo contrae la infección parasitaria al alimentarse de la sangre de un animal o humano infectado. Dentro de la chinche, el parásito se divide en el intestino antes de emerger en sus heces. Al alimentarse nuevamente, el insecto defeca sobre la piel depositando a *T. cruzi* en el vertebrado (Clayton, 2010).

DISTRIBUCIÓN

Se han reportado casos de seropositividad en humanos para *T. cruzi* en todos los estados del país (Cruz-Reyes y Pickering-López, 2006; Arnal et al., 2019). Mediante un meta-análisis, se estimó que la prevalencia de esta zoonosis en México fue de 3.38% durante el periodo 2006-2017, lo que se traduce en 4.06 millones de casos (Arnal et al., 2019). De acuerdo con la literatura publicada entre 1928 y 2004, Jalisco, Veracruz, Chiapas, Oaxaca, Guerrero, Morelos, Ciudad de México, Querétaro y Puebla son los estados con mayor número de reportes (Cruz-Reyes y Pickering-López, 2006).

A partir de modelos de distribución de especies, se sabe que México presenta en general una alta riqueza de especies de triatominos, a excepción de zonas altas de la Sierra Madre Occidental, áreas desérticas de los estados de Durango y Chihuahua, y el límite sur del Cinturón Transvolcánico. Los estados en los que se presenta la mayor riqueza de especies del grupo son Chiapas, suroeste de Oaxaca, el centro de Veracruz, Guerrero, Morelos, Michoacán, Jalisco, Nayarit, Colima, Baja California Sur, San Luis Potosí, el noroeste de Sonora, oeste de Coahuila y Aguascalientes (Ibarra-Cerdeña et al., 2009).

La prevalencia de la enfermedad es más alta en los estados de la costa del Pacífico, desde Chiapas hasta Nayarit, en la península de Yucatán y en algunas áreas del centro del país (Telleria y Tibayrenc, 2017).





Virus

Chikungunya

AGENTE

Esta zoonosis es causada por el virus chikungunya (CHIKV), un alfavirus de la familia *Togaviridae* que causa fiebre aguda y dolor musculoesquelético agudo y crónico en humanos (Díaz-Quiñónez et al., 2015; Cigarroa-Toledo et al., 2016). El genoma de CHIKV está compuesto por una molécula de ARN monocatenario de aproximadamente 12 kb que codifica cuatro proteínas no estructurales y cinco estructurales (Burt et al., 2017).

HUÉSPED

El principal huésped de CHIKV en periodos epidémicos son los humanos (Schwartz y Albert, 2010; Caglioti et al., 2013; Busch y Erickson, 2015; Galán-Huerta et al., 2015; Burt et al., 2017). Aunque se han detectado anticuerpos en primates silvestres en Asia (Tongthainan et al., 2020) y África (Raulino et al., 2021), y puede ser perpetuado durante periodos intraendémicos en primates, roedores, aves y otros mamíferos pequeños (Busch y Erickson 2015; Galán-Huerta et al., 2015; Nava-Frías et al., 2016), el papel de animales silvestres como huéspedes del virus es poco conocido.

VECTOR

Los vectores de CHIKV son las especies de moscos de la familia *Culicidae*: *Aedes aegypti* y *Aedes albopictus* (Schwartz y Albert, 2010; Caglioti et al., 2013; Busch y Erickson, 2015; Galán-Huerta et al., 2015; Burt et al., 2017).

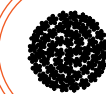
TRANSMISIÓN

En general, la transmisión de arbovirus a humanos generalmente involucra uno de dos ciclos de transmisión: *a*) un ciclo selvático, que ocurre entre vectores y animales silvestres, se produce un desbordamiento cuando un artrópodo infectado muerde o pica a un animal doméstico o a un humano, y *b*) urbano, donde un humano o animal doméstico infectado actúa como hospedero amplificador en la transferencia del virus a otros humanos o animales domésticos (Hilgenfeld y Vasudevan, 2018).

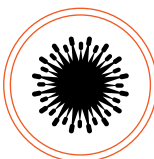
DISTRIBUCIÓN

Aunque el primer caso reportado de fiebre chikungunya ocurrió en Jalisco, importado de Antigua y Barbuda (Rivera-Ávila, 2014), se considera que CHIKV ingresó a México por el estado de Chiapas en octubre de 2014 (Díaz-Quiñónez et al., 2015). Durante 2015 se registraron 12,588 casos confirmados en 28 entidades federativas (Secretaría de Salud, 2020).

Los principales estados con casos de chikungunya reportados en la literatura son Chiapas (Danis-Lozano et al., 2017), Yucatán (Cigarroa-Toledo et al., 2016; Zaidi et al., 2018; Galán-Huerta et al., 2019), Michoacán (Kim et al., 2019), Colima (Medone y Hernández-Suárez, 2019), Guerrero, Veracruz (De la Cruz-Castro et al., 2020) y Oaxaca (Nava-Frías, et al., 2016). Adicionalmente, se han reportado casos en Coahuila, Morelos, Nayarit, Nuevo León, Quintana Roo, Tabasco (SINAVE, 2021), Baja California Sur, Campeche, Durango, Guanajuato, Hidalgo, Jalisco, Estado de México, Michoacán, Puebla, Querétaro, San Luis Potosí, Sinaloa, Sonora y Tamaulipas (SINAVE, 2016).

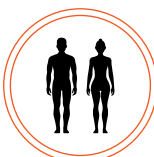


Dengue



AGENTE

El dengue es causado por el virus del dengue (DENV), un arbovirus del género *Flavivirus* y la familia *Flaviviridae* con genoma de ARN monocatenario de aproximadamente 11 kilobases y forma más o menos esférica de aproximadamente 50 µm. La capa exterior de la partícula está conformada por dos proteínas virales: *a)* de la envoltura (E), que es el principal determinante antigénico del virión, y *b)* de la membrana (M) (Knipe et al., 2013). El DENV pertenece al serogrupo del dengue, que es descrito como cuatro serotipos del virus (DENV-1 - DENV-4), pero está conformado por cuatro virus genética y antigénicamente distintos, que causan enfermedades muy similares en humanos (Halstead, 2008).

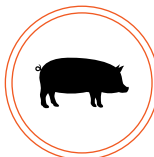


HUÉSPED

Los humanos son el principal huésped que mantiene los ciclos epidémicos urbanos del dengue (Weaver y Barrett, 2004), aunque diferentes animales silvestres pudieran participar en el mantenimiento y transmisión del virus (Gwee et al., 2021).



Mediante un meta-análisis se identificaron al menos 84 especies de 23 grupos de animales que pueden ser infectados por el DENV; de éstos, los primates no humanos, los cerdos y los murciélagos, son probablemente más vulnerables a la infección que otros animales. En México, los murciélagos son el grupo de animales silvestres en los que se presenta mayor positividad para DENV (Gwee et al., 2021), detectándose la presencia en 19 especies americanas (Hernández-Aguilar et al., 2021). Sin embargo, su papel en el mantenimiento y transmisión del virus aún no es claro (Cabrera-Romo et al., 2016; Sotomayor-Bonilla et al., 2018) y no hay evidencia que indique que son huéspedes del virus (Hernández-Aguilar et al., 2021).



VECTOR

Los vectores del dengue son las especies de moscos peridomésticos de la familia *Culicidae*: *Aedes albopictus* y *Aedes aegypti* (Weaver y Barrett, 2004), este último, considerado como el principal en México (Ibañez-Bernal y Dantes, 1995).



TRANSMISIÓN

En general, la transmisión de arbovirus a humanos involucra uno de dos ciclos de transmisión: *a)* un ciclo selvático, que ocurre entre vectores y animales silvestres, se produce un desbordamiento cuando un artrópodo infectado muerde o pica a un animal doméstico o a un humano, y *b)* urbano, donde un humano o animal doméstico infectado actúa como hospedero amplificador en la transferencia del virus a otros humanos o animales domésticos (Hilgenfeld y Vasudevan, 2018).

La transmisión del dengue ocurre por la picadura de moscos hembras infectadas. Se reconocen dos ciclos de transmisión: *a)* el ciclo selvático (enzoótico), reportado en África y Asia, en el que participan primates no humanos en hábitats selváticos, y *b)* un ciclo endémico urbano en el que los humanos son los huéspedes (Weaver y Barrett, 2004). Sin embargo, diferentes estudios sugieren que otros animales pueden desempeñar un papel en los ciclos endémicos urbanos y selváticos como posibles hospederos secundarios (Gwee et al., 2021), aunque su papel

en el mantenimiento y transmisión del virus aún no es claro (Cabrera-Romo et al., 2016; Sotomayor-Bonilla et al., 2018; Hernández-Aguilar et al., 2021).

DISTRIBUCIÓN

El DENV ha experimentado un crecimiento exponencial en términos de propagación global durante las últimas décadas (Qureshi y Saeed, 2019). El total de casos reportados de dengue en México durante los periodos 1990-1999 y 2000-2011 fue de 206,797 y 276,453, respectivamente; durante este último, se observó un aumento de la incidencia de dengue y fiebre hemorrágica por dengue en jóvenes, así como la duración de los brotes a lo largo del año. En general, la distribución del dengue se ha mantenido constante, con mayor incidencia en las regiones del Pacífico y Golfo de México, mientras que en el centro es muy baja o nula (Torres-García et al., 2014). En 2020, se reportaron 24,313 casos; la mayor incidencia se presentó en los estados de Jalisco, Michoacán, Tamaulipas y Nuevo León, mientras que en Aguascalientes, Baja California, Chihuahua, Ciudad de México y Tlaxcala no se reportaron casos (SINAVE, 2021b).

El vector principal del dengue es *A. aegypti*, sin embargo, se ha documentado la presencia de *A. albopictus* en Campeche (Hernández-Rodríguez et al., 2020), Ciudad de México (Dávalos-Becerril et al., 2019), Sinaloa, Coahuila, Nuevo León, San Luis Potosí, Tamaulipas, Hidalgo, Morelos, Veracruz, Tabasco, Chiapas, Yucatán, Quintana Roo y Guerrero (González-Acosta et al., 2019). Hay varios estudios sobre la idoneidad ambiental y distribución potencial actual y bajo escenarios de cambio climático para *A. albopictus* y *A. aegypti*. De acuerdo con un análisis probabilístico, los estados con mayor idoneidad climática para *A. aegypti* son Tamaulipas, Nuevo León, Veracruz, Tabasco, Chiapas, Morelos, Guerrero, Michoacán, Colima, Nayarit y Sinaloa, mientras que *A. albopictus* presenta en general menor idoneidad, pero aproximadamente en los mismos estados (Kraemer et al., 2015). Otro estudio indica que 79.7% del país presenta idoneidad climática para *A. albopictus*, exponiendo a éste a una población de aproximadamente 38.6 millones, la cual se espera que aumente en 7 millones para 2070 (Pech-May et al., 2016). En un estudio posterior se identifican áreas con condiciones adecuadas para la distribución del vector en todos los estados (Yañez-Arenas et al., 2018).

Varias de las distribuciones potenciales actuales y futuras de estos vectores se basan en variables ambientales, sin embargo, existe evidencia que sugiere que el proceso de expansión es más complejo y espacialmente estructurado, en el que diferentes factores antropogénicos pueden ser relevantes para la propagación de la enfermedad. Aunque puede existir desplazamiento competitivo entre estas dos especies, se espera que para 2050 la distribución de ambas continuará expandiéndose, coincidiendo con la expansión del nicho hacia áreas urbanas climáticamente adecuadas (Kraemer et al., 2019).

Para el caso de huéspedes potenciales, se ha reportado la infección por DENV en murciélagos en los estados de Colima, Jalisco, Veracruz (Aguilar-Setién et al., 2008), Campeche, Chiapas (Sotomayor-Bonilla et al., 2014), Yucatán (Machain-Williams et al., 2013), así como en ectoparásitos (familia *Streblidae*) de murciélagos hematófagos (*Desmodus rotundus*) en Hidalgo (Abundes-Gallegos et al., 2018).



Encefalitis equina

AGENTE

La encefalitis o encefalomiелitis equina del Este (EEE), la encefalitis equina Venezolana (EEV) y la encefalitis equina del Oeste (EEO), son un conjunto de infecciones ocasionadas por virus pertenecientes a la familia *Togaviridae*, del género *Alphavirus* (Adams et al., 2012). Los alfavirus son un grupo de 26 virus transmitidos por mosquitos que causan una variedad de enfermedades humanas (Hahn et al., 1988). La manifestación clínica de las tres encefalitis es muy similar, por lo que se requiere de una correcta toma y envío de muestras al laboratorio para lograr un diagnóstico diferencial (Cobos-Marín et al., 2019). Entre 30 y 80% de los casos aparentes de EEE en humanos son fatales, y hasta 30% de los supervivientes tiene secuelas neurológicas a largo plazo que pueden resultar en altos costos para el cuidado de por vida (Villari et al., 1995).

Las numerosas cepas del virus de la encefalomiелitis equina del Este (EEE) se pueden agrupar en dos variantes: *a*) la variante que se encuentra en América del Norte y *b*) la variante de Centro y Sudamérica (Weaver et al., 1996). Las comparaciones de las secuencias de nucleótidos y aminoácidos del virus de la encefalomiелitis equina del Oeste (EEO) con las de otros alfavirus muestran que EEO es recombinante, y que hay una estrecha relación con las secuencias correspondientes del EEE (Hahn et al., 1988).

El complejo de EEV incluye al menos 6 subtipos virales, del I a VI. El subtipo I se divide en 5 variaciones antigénicas, de AB a F. Algunos de los otros 5 subtipos también poseen nombres oficiales de especie; el subtipo II es conocido como virus Everglades, el subtipo III como virus Mucambo y el subtipo IV virus Pixuna (Weaver et al., 1996).

HUÉSPED

Los virus del complejo EEV son mantenidos en ciclos enzoóticos selváticos en bosques tropicales y subtropicales pantanosos en el Norte, Centro y Sudamérica. La EEE se presenta en cerdos y aves domésticas, los cuales sufren enfermedades mortales en mayor proporción (Weaver, 2001).

Generalmente, se considera que los caballos, los humanos y otros mamíferos son huéspedes incidentales, pero algunos caballos desarrollan una viremia transitoria mayor que la concentración mínima para infectar un mosquito (Spickler et al., 2011).

VECTOR

Aunque el virus que causa la EEE se ha aislado en más de 25 especies de moscos (Armstrong y Andreadis, 2010), el vector más importante en el ciclo enzoótico es *Culiseta melanura*, un mosquito que se alimenta principalmente de las aves y es considerado como el principal vector en passeriformes y faisanes (Morales y Méndez, 2013). Otras especies de moscos como *Coquilettidia perturbans* y *Aedes vexans*, actúan como vectores puente y pueden ser responsables de los casos de epizootia entre hospederos mamíferos (Armstrong y Andreadis, 2010). *Aedes sollicitans*, *Aedes canadiensis* y *Coquillitidea perturbans* sirven de puente para la transmisión a equinos y humanos, quienes son huéspedes finales (Skaff et al., 2017). El EEE

también se puede encontrar en *Aedes albopictus*, el cual podría ser un vector particularmente eficaz, así como en piojos de gallinas, chinches y ácaros de gallinas (familia *Dermanyssidae*), los cuales, pueden transmitir el virus en forma experimental (Spickler et al., 2011).

TRANSMISIÓN

Los ciclos de infección se presentan de dos formas: *a*) enzoótica, en la que el virus permanece por largos periodos circulando entre los huéspedes y el vector transmisor, y *b*) epizootica, que involucra a los huéspedes incidentales y a los vectores transmisores (Cobos-Marín et al., 2019). Cuando ocurren condiciones ecológicas favorables, la prevalencia de EEE aumenta a través de la amplificación hasta que se produce una transmisión de desbordamiento en humanos y équidos, y con menos frecuencia en otras especies (Skaff et al., 2017).

Los virus EEE, EEO y EEV se transmiten a través de la picadura de un mosquito, el cual se ha alimentado previamente de aves o roedores infectados. Es posible que los caballos puedan amplificar el EEE temporalmente en los lugares donde coinciden poblaciones de equinos y moscos. En las aves, el EEE ocasionalmente se propaga por otras vías que no involucran a los artrópodos. Durante brotes de la enfermedad en aves de caza, las infecciones son introducidas por moscos, pero propagadas en la bandada principalmente por el picoteo de plumas y el canibalismo. En humanos el EEE puede atravesar la placenta (Spickler et al., 2011).

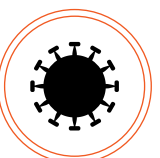
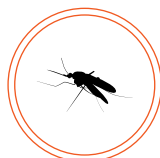
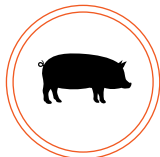
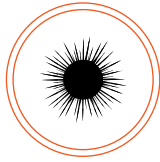
DISTRIBUCIÓN

Estos virus causan graves enfermedades neurológicas, a menudo fatales en humanos y caballos en el este de América del Norte, el Caribe, México y en toda Centro y Sudamérica (Johnson et al., 2011). De acuerdo con un mapa epizootiológico construido con datos serológicos, existen casos en Chihuahua, Jalisco, Guerrero, Hidalgo, Tabasco, Guanajuato y Sinaloa; EEO en Durango, Jalisco, Querétaro, Guerrero, Hidalgo, Chihuahua y Sonora, y EEV en todo el país. Estos datos resaltan la necesidad de establecer una vigilancia epizootiológica de los diferentes tipos de encefalitis equinas (Batalla y Mercado, 1973).

Influenza aviar

AGENTE

La influenza aviar (AI) es causada por virus de la familia *Orthomyxoviridae* pertenecientes al género *Influenzavirus A* (Spackman, 2008; Youk et al., 2019), cuyo genoma está conformado por ocho segmentos de ARN monocatenario antisentido (Knipe et al., 2013). De los tres tipos de virus causantes de influenza, los del tipo A son los que exhiben potencial zoonótico en condiciones naturales (Beran, 1994). Las cepas de AI se clasifican según los subtipos serológicos de las proteínas primarias de la superficie viral: *a*) la hemaglutinina (HA) y *b*) la neuraminidasa (NA). Hay 16 subtipos del tipo HA (H1-H16) y 9 subtipos de NA (Spackman, 2008; 2020).





Los virus de AI se dividen en dos patotipos según su virulencia en pollos: *a*) influenza aviar de baja patogenicidad (LPAI) y *b*) influenza aviar de alta patogenicidad (HPAI) (Li et al., 2019). La HPAI emerge después de la adaptación en gallináceas (Spackman, 2020) y representa una amenaza importante para las aves de corral en todo el mundo, ya que existen brotes recurrentes HPAI H5 y H7 en pollos y otras aves de corral (Youk et al., 2019).

HUÉSPED

Las aves acuáticas silvestres son el principal huésped y fuente de los virus de IA en otras especies (Webster et al., 1992). A nivel mundial, se ha documentado la infección de AI en más de 100 especies de aves silvestres pertenecientes a 25 familias, principalmente de los órdenes anseriformes (patos, gansos, cisnes) y charadriiformes (aves playeras, gaviotas, charranes) (Spackman, 2020). Los virus de AI infectan a diferentes animales, cerdos, caballos, mamíferos marinos, aves y humanos. En ocasiones, un linaje de virus puede adaptarse y establecerse en la nueva especie de hospederos, como H1N1 en cerdos y H3N8 en caballos (Spackman 2008).

TRANSMISIÓN

La congregación de diferentes especies de aves migratorias y residentes en los ecosistemas acuáticos promueve la transmisión de AI (Hill et al., 2012; Gaytan-Cruz et al., 2020), y se han visto implicadas en la propagación y aparición de HPAI H5N1 y H7N3 (Lu et al., 2014).

Es probable que los virus de AI se transmitan entre aves acuáticas a través de una ruta indirecta fecal-oral que involucra hábitats de humedales (Hinshaw et al. 1979). En otros grupos de aves (p. ej., aves playeras y gaviotas), los mecanismos de transmisión no están tan bien definidos, pero la dispersión del virus se produce a través de las rutas cloacal y orofaríngea (Spackman, 2020). La exposición a aerosoles ha sido identificada como una vía importante de transmisión de AI entre pollos en mercados de aves vivas (Yee et al., 2009), y entre cerdos-humanos y humanos-humanos en el caso del tipo H1N1 (Pappaioanou y Gramer, 2010). Los virus de AI pueden presentar cambios en la adaptación a los hospederos después de circular en aves de corral; aunque se conoce poco sobre este fenómeno, existe evidencia de la disminución en su adecuación en aves silvestres (Youk et al., 2019).

No se sabe mucho sobre los cambios en la adaptación del huésped de los virus de la influenza aviar (IA) en las aves después de la circulación a largo plazo en pollos u otras aves terrestres. Aunque el origen de los virus de la influenza aviar que afectan a las aves de corral son las aves acuáticas silvestres, no está claro el papel de estas aves en una mayor dispersión de los virus de influenza aviar adaptados a las aves de corral.

La mejor evidencia del potencial zoonótico directo de los virus de la influenza tipo A es la transmisión de los virus de la influenza porcina a humanos, que suele estar asociada con la exposición ocupacional (Beran, 1994). Esta transmisión bidireccional de AI entre cerdos y personas requiere un enfoque de *Una sola salud* para mejorar la morbilidad y la mortalidad en ambos huéspedes y mejorar las estrategias de control (Spackman, 2020). Un factor de riesgo importante para las infecciones humanas con virus LPAI o HPAI es la exposición a aves de corral en granjas o mercados de aves vivas; los tipos H1N1, H5N1, H5N6, H6N1, H7N7,



H7N2, H7N3, H7N4, H7N9, H9N2, H10N7 y H10N8 han sido causantes de brotes zoonóticos en humanos (Li et al., 2019).

DISTRIBUCIÓN

En México, se han registrado brotes de H7N3 en aves de corral en Jalisco, Puebla, Guanajuato y Aguascalientes (Belser et al., 2013; Lu et al., 2014; Trovão et al., 2020). El tipo H5N2 circula en aves de corral en México desde 1994, y se han presentado brotes en aves de corral en Chihuahua, Hidalgo, Jalisco, Querétaro, Veracruz, Estado de México, Nayarit, Puebla, Tamaulipas y Zacatecas (Senne, 2010).

Se han registrado casos positivos de AI en aves silvestres en anátidos del Estado de México (Cuevas-Domínguez et al., 2009), en ocho especies, principalmente del género *Anas* (Montalvo-Corral et al., 2011), así como en la especie endémica *Anas diazi* en Sonora (Gaytan-Cruz et al., 2020).

Aunque la infección por influenza AH7 en humanos es rara, se han reportado algunos casos en México (H7N3) asociados a exposición ocupacional en el estado de Jalisco (Belser et al., 2013; López-Martínez et al., 2013). El tipo H1N1 ocasionó el brote de influenza pandémica en 2009 (Pappaioanou y Gramer 2010).

Rabia

AGENTE

La rabia es causada por el virus de la rabia (RABV), perteneciente al género *Lyssavirus* de la familia rhabdoviridae, que agrupa a más de 185 virus con forma alargada, de bastón o de bala, con nucleocápsides helicoidales que contienen ARN monocatenario antisentido (Knipe et al., 2013).

HUÉSPED

Cada variante del género *Lyssavirus* es mantenida entre poblaciones de especies de huéspedes particulares para las cuales están adaptadas (Constantine y Blehert, 2009). Aunque todas las especies de mamíferos son susceptibles a la infección por RABV, y los perros (*Canis lupus familiaris*) representan uno de los huéspedes más comunes, sólo algunas especies silvestres son consideradas como huéspedes importantes de la enfermedad en el hemisferio oeste (Colville y Berryhill, 2007): mapaches (*Procyon lotor*), zorrillos (*Mephitis mephitis*, *Spilogale putorius*), zorra gris (*Urocyon cinereoargenteus*) y coyotes (*Canis latrans*) (Colville y Berryhill, 2007; Velasco-Villa et al., 2017), sin embargo, 44 especies de carnívoros y 34 de murciélagos a nivel global presentan características ecológicas y fisiológicas que sugieren su potencial para ser o convertirse en huéspedes de RABV, incluso fuera de las zonas de circulación de rabia actuales (Worsley-Tonks et al., 2020). En México, el murciélago hematófago *Desmodus rotundus* es considerado como el principal huésped del virus (Constantine y Blehert, 2009; Martínez, 2020).





TRANSMISIÓN

Se han documentado varias vías de transmisión, éstas incluyen mordeduras, contaminación de mucosas, por aerosoles y trasplantes de órganos y tejidos. La forma más común de transmisión es por la entrada del virus, presente en la saliva de animales infectados, a través de heridas por mordedura (Colville y Berryhill, 2007). La principal forma de transmisión a humanos es por la mordedura de perros (Velasco-Villa et al., 2017).

La aplicación intensiva anual de dosis de vacuna antirrábica parenteral de perros y gatos, así como la atención médica inmediata a personas expuestas han contribuido significativamente a la reducción de la rabia causada por perros en México (Lucas et al., 2008; Ma et al., 2020). Aunque diferentes especies de animales silvestres pueden transmitir la enfermedad, el principal transmisor actualmente es *D. rotundus* (Constantine y Blehert, 2009; Ma et al., 2020; Martínez, 2020).

DISTRIBUCIÓN

Durante el periodo 2007-2015 se reportaron 119,389 casos de rabia parálitica bovina en 25 estados; las entidades con mayor número de casos confirmados fueron Veracruz, San Luis Potosí, Yucatán, Tabasco y Chiapas (Zarza et al., 2017). Las zonas identificadas como de mayor riesgo en el centro de México son: a) la Huasteca Potosina en San Luis Potosí y b) la Sierra Gorda, al noreste de Querétaro (Bárceñas-Reyes et al., 2019).

De acuerdo con modelos de distribución de especies, *D. rotundus* se puede distribuir en la costa del Pacífico, desde el sur de Sonora hasta el extremo suroeste del país, y en la costa del Golfo de México, desde el centro de Tamaulipas hasta el Istmo de Tehuantepec, en San Luis Potosí, Chiapas y la Península de Yucatán. Se espera que *D. rotundus* perderá aproximadamente 20% de su distribución actual para el periodo 2050-2070 bajo escenarios de cambio climático; sin embargo, algunas regiones del norte y centro de México tendrán nuevas condiciones adecuadas para su distribución (Zarza et al., 2017). Otras proyecciones arrojan una mayor área de distribución actual en el país, que abarcan todo el territorio nacional desde el suroeste de Chihuahua, centro y sur de Sonora, y sur de Nuevo León y Coahuila, y pronostican condiciones adecuadas en Baja California Sur a futuro (Lee et al., 2012). Considerando la presencia de RABV en otras especies de murciélagos, éste también tiene presencia en los estados de Nuevo León (Jaramillo-Reyna et al., 2020), Colima (Salas-Rojas et al., 2004) y Ciudad de México (Nadin-Davis y Loza-Rubio, 2006).

México presenta de los mayores niveles de variedad de murciélagos identificados como huéspedes potenciales. Los mayores valores de riqueza de especies de huéspedes conocidos se encuentran en Veracruz, el sur de Tamaulipas, el Istmo de Tehuantepec, la costa de Guerrero, Michoacán, Colima, Jalisco, Sinaloa y el norte de Coahuila, mientras que la mayor riqueza de especies de huéspedes pronosticados se concentra en Sonora, Chihuahua, Sinaloa, Jalisco, Colima Michoacán y sur de Tamaulipas (Worsley-Tonks et al., 2020).

De acuerdo con el Sistema Nacional de Vigilancia Epidemiológica, no hay casos de rabia en humanos registrados en el país durante el periodo 2010-2020, sin embargo, en 2018 se reportaron dos casos de rabia humana transmitida por animales silvestres: zorra gris en Durango y murciélago vampiro en Guerrero (Ma et al., 2020).



Zika

AGENTE

Es causada por el virus del zika (ZIKV), un arbovirus del género *Flavivirus* y la familia *Flaviviridae* (Musso y Gubler, 2016), que tiene un genoma de ARN monocatenario de 10,794 nucleótidos (Kuno y Chang, 2007).

HUÉSPED

Los huéspedes del ZIKV no están completamente identificados, pero algunos autores sugieren que los primates no humanos ejercen este papel. Se ha reportado la presencia de anticuerpos en varios grupos de animales como grandes mamíferos, felinos, roedores, cabras y ovejas (Hamel et al., 2016; Musso y Gubler, 2016), cerdos, conejos, patos y ranas, aunque no hay evidencia concluyente sobre su papel como hospederos competentes de ZIKV (Ragan et al., 2017).

VECTOR

Los vectores de esta zoonosis son las especies de moscos (dípteros) de la familia *Culicidae*: *Aedes aegypti*, *Aedes albopictus*, *Aedes africanus*, *Aedes hensilli* y *Aedes vexans* (Benelli y Romano, 2017). Los primeros dos son considerados los principales vectores (Hamel et al., 2016), aunque otras 13 especies son consideradas como vectores potenciales (Benelli y Romano, 2017).

TRANSMISIÓN

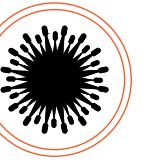
En general, la transmisión de arbovirus a humanos involucra uno de dos ciclos de transmisión: a) un ciclo selvático, que ocurre entre vectores y animales silvestres, se produce un desbordamiento cuando un artrópodo infectado muerde o pica a un animal doméstico o a un humano, y b) urbano, donde un humano o animal doméstico infectado actúa como hospedero amplificador en la transferencia del virus a otros humanos o animales domésticos (Hilgenfeld y Vasudevan, 2018).

La transmisión del virus del zika se puede clasificar en dos tipos: a) transmitido por vectores, en el que están implicadas varias especies del género *Aedes*, y b) no transmitido por vectores, que incluye transmisión sexual, transfusión de sangre, transmisión perinatal o intrauterina, posnatal y mordeduras de animales (Patiño Barbosa et al., 2015; Singh et al., 2016; Mansuy et al., 2016; Musso y Gubler 2016).

DISTRIBUCIÓN

En 2020 se reportaron 20 casos de zika en México en los estados de Morelos, Oaxaca, Quintana Roo y Veracruz (SINAVE, 2021c).

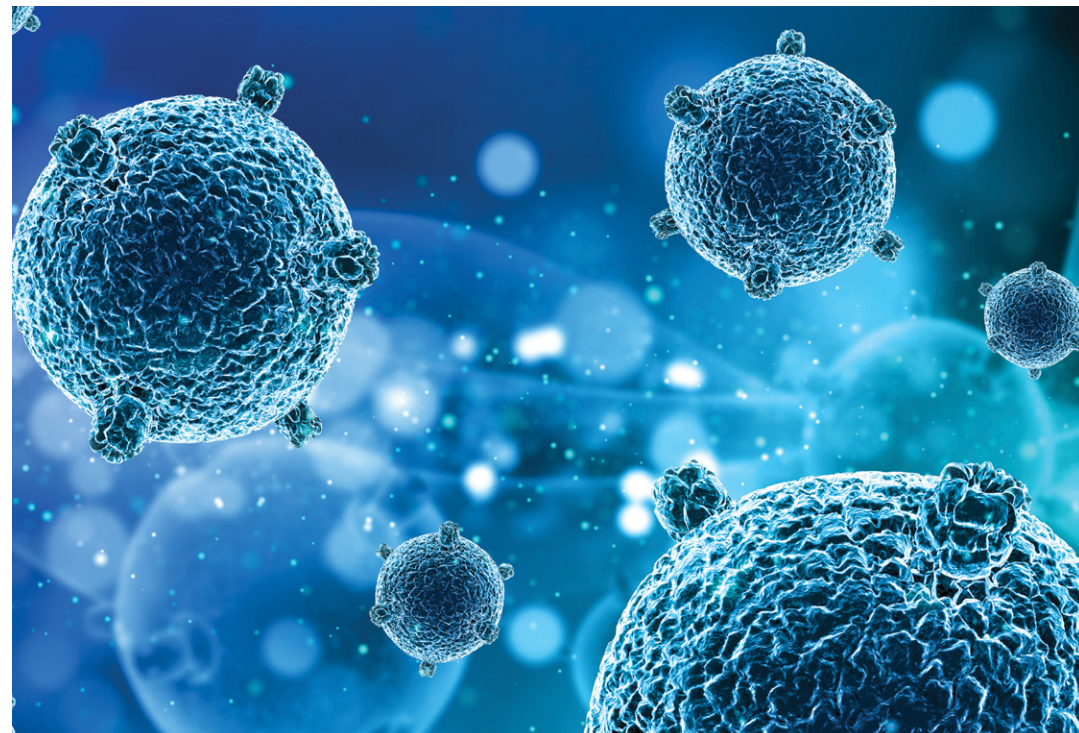
Se ha documentado la presencia de *Aedes albopictus* en Campeche (Hernández-Rodríguez et al., 2020), Ciudad de México (Dávalos-Becerril et al., 2019), Sinaloa, Coahuila, Nuevo León, San Luis Potosí, Tamaulipas Hidalgo, Morelos, Veracruz, Tabasco, Chiapas, Yucatán, Quintana Roo y Guerrero (González-Acosta et al., 2019). Hay varios estudios sobre la idoneidad ambiental y distribución potencial actual y bajo escenarios de cambio climático para *A. albopictus* y *A. aegypti*. De acuerdo con un análisis probabilístico, los estados con mayor idoneidad climática para *A. aegypti* son Tamaulipas, Nuevo León, Veracruz, Tabasco, Chiapas, Morelos, Guerrero, Michoacán, Colima, Nayarit y Sinaloa, mientras que *A. albopictus*



presenta en general menor idoneidad, pero aproximadamente en los mismos estados (Kraemer et al., 2015). Otro estudio indica que 79.7% del país presenta idoneidad climática para *A. albopictus*, exponiendo a éste a una población de aproximadamente 38.6 millones, la cual se espera que aumente en 7 millones para 2070 (Pech-May et al., 2016). En un estudio posterior se identifican áreas con condiciones adecuadas para la distribución del vector en todos los estados, resaltando la importancia de la implementación de programas de monitoreo (Yañez-Arenas et al., 2018).

Culex quinquefasciatus es considerado como vector potencial del ZIKV (Guo et al., 2016; Benelli y Romano, 2017; Alaniz et al., 2019), sin embargo aún no hay evidencia concluyente (Main et al., 2018). Diferentes estudios han dado cuenta de la presencia de esta especie en la Península de Yucatán (García-Rejon et al., 2010; Saiyasombat et al., 2010; Janssen et al., 2015), Nuevo León (Elizondo-Quiroga et al., 2006) y la Ciudad de México (Díaz-Badillo et al., 2011), aunque prácticamente todo el territorio nacional presenta condiciones adecuadas para su distribución (Alaniz et al., 2019).

Varias de las distribuciones potenciales actuales y futuras de estos vectores se basan en variables ambientales, sin embargo, existe evidencia que sugiere que el proceso de expansión es más complejo y espacialmente estructurado (Kraemer et al., 2019), en el que diferentes factores antropogénicos (Hilgenfeld y Vasudevan, 2018), como por ejemplo las redes de transporte (vías férreas) (Haque et al., 2016), pueden ser relevantes para la propagación de la enfermedad. Aunque puede existir desplazamiento competitivo entre estas dos especies, se espera que para el 2050, la distribución de ambas continuará expandiéndose coincidiendo con la expansión del nicho hacia áreas urbanas climáticamente adecuadas (Kraemer et al., 2019).



ANÁLISIS DE LAS ZONOSIS DE LAS ANP CON BASE EN LA DISTRIBUCIÓN DE VECTORES Y HUÉSPEDES-MÉTODOS

La Región Centro y Eje Neovolcánico incluye 26 áreas naturales protegidas en los estados de Morelos, Guerrero, Oaxaca, Tlaxcala, Puebla, Querétaro, Hidalgo, Guanajuato, Ciudad de México y Estado de México, sumando 1,729,164 hectáreas en distintas categorías de manejo (Reservas de la Biosfera, Parques Nacionales, Áreas de Protección de Flora y Fauna y Áreas de Protección de Recursos Naturales) (tabla 3, fig. 9). Infortunadamente, debido a los diferentes niveles de agregación espacial que se encuentran en la literatura referida en la sección anterior, no es viable realizar un diagnóstico espacialmente explícito sobre el conocimiento de las zoonosis en relación con los polígonos que delimitan las ANP utilizando dicha información.

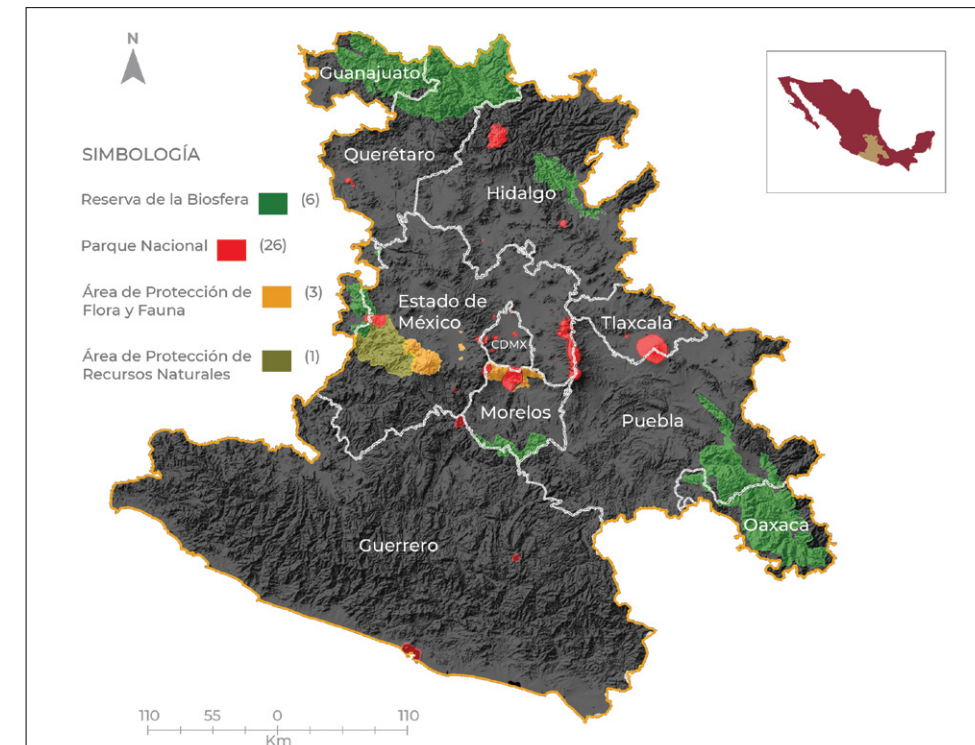


Figura 9
Localización de las ANP de las regiones Centro y Eje Neovolcánico, las claves y nombres se pueden consultar en la tabla 3.

Para poder tener un estimado del riesgo potencial que representan las enfermedades con las que se trabajó a nivel de las ANP, fue necesario realizar análisis adicionales a los existentes en la literatura. Se sabe que la red de interacciones entre humanos, animales y comunidades de patógenos es sumamente compleja, además de que es amplia la gama de factores asociados a la emergencia y transmisión de las enfermedades zoonóticas. Lo anterior representa una complicación al momento de tratar de modelar la dinámica de las zoonosis vinculadas a animales silvestres. Sin embargo, los modelos de distribución permiten generar información sobre las comunidades que contribuyen al mantenimiento de los patógenos en el medio ambiente (Alexander et al., 2012), y han sido ampliamente usados para generar información espacial sobre la distribución de huéspedes y/o vectores de zoonosis en México (Peterson et al., 2002; López-Cárdenas et al., 2005; Ibarra-Cerdeña et al., 2009; González et al., 2010; 2011; Illoldi-Rangel et al., 2012; Garza et al., 2014; González-Salazar et al., 2017; Rodríguez-Rojas et al., 2017).

Con base en lo anterior y reconociendo la importancia de presentar información espacialmente explícita para este trabajo, se utilizó la información recabada de la literatura como base para realizar una búsqueda de registros de las especies de vectores y huéspedes en la Global Biodiversity Information Facility (GBIF), localizados dentro del territorio nacional durante el periodo 1970-2020. En virtud de que los datos obtenidos de repositorios pueden presentar diferentes tipos de errores y sesgos (Chapman, 2005; Fithian et al., 2015), se realizó una limpieza de los registros mediante: *a*) la eliminación de registros duplicados, *b*) sin coordenadas geográficas, *c*) con coordenadas erróneas, *d*) sin el campo de especie, *f*) registros de iNaturalist, *g*) registros fósiles, *h*) registros de especímenes vivientes, *i*) registros provenientes de muestras materiales, *j*) registros cuya localización corresponde a instituciones, *k*) registros cuya localización corresponde al centroide de divisiones políticas, y *l*) registros localizados en el mar. Con los registros depurados, se construyeron modelos de distribución consenso apilados de vectores y huéspedes.

Existen diferentes técnicas y algoritmos para construir modelos de distribución. Los modelos de consenso permiten reducir la incertidumbre y el error asociado (Thuiller et al., 2005), al reflejar la tendencia central de los modelos individuales (Zhu y Peterson, 2017). Los modelos de distribución de especies apilados posibilitan la generación de mapas de riqueza de especies, mediante la combinación de múltiples modelos de especies individuales, los cuales brindan información sobre la distribución espacial potencial de las comunidades biológicas (Ferrier y Guisan, 2006).

Como predictores, se usaron 19 variables bioclimáticas del conjunto de datos WorldClim 2.1 (Fick y Hijmans, 2017), cinco variables de evapotranspiración potencial, el índice de humedad topográfico, y el índice de rugosidad del terreno del conjunto de datos ENVIREM (Title y Bemmels, 2018), a una resolución espacial de 30 segundos de arco (~1 km). Para eliminar correlaciones altas entre las variables y mantener los ejes ortogonales (Dormann et al., 2013), se realizó un análisis de componentes principales para obtener un grupo de nueve predictores.

Los modelos de distribución consenso apilados se construyeron ajustando modelos individuales mediante cinco algoritmos: *a*) árboles de clasificación (CTA), *b*) máquinas de vectores de soporte (SVM), *c*) bosques aleatorios (rf), *d*) MaxEnt, y *e*) redes neuronales artificiales, los cuales se apilaron mediante el método de suma de probabilidades (pSSDM) (D'Amen et al., 2015) con el paquete SSDM (Schmitt et al., 2017).



Ya que los modelos apilados representan una superficie de valores de la riqueza de especies en un área determinada, éstos pueden ser agregados mediante diferentes métricas. Para cada ANP, se extrajo de los modelos el valor máximo de riqueza de vectores y huéspedes bajo una aproximación de peor escenario.

ANÁLISIS DE LAS ZONOSIS DE LAS ANP CON BASE EN LA DISTRIBUCIÓN DE VECTORES Y HUÉSPEDES-RESULTADOS

Las áreas naturales protegidas de la Región Centro de México incluyen una alta diversidad de ecosistemas y biodiversidad en una región con topografía y condiciones climáticas sumamente diversas. Estas características se ven reflejadas en el elevado número de huéspedes y vectores que se identificó que tienen potencial de distribuirse dentro de las ANP de esta región (tabla 3, fig. 10). En este contexto, se debe considerar que, por un lado, están las enfermedades como el dengue para la cual es frecuente la coincidencia de huésped y vector para varias de las áreas protegidas, mientras que para enfermedades como leishmaniasis, cuyo agente ha sido documentado en un número elevado de huéspedes, es más raro encontrar coincidencia espacial de sus vectores con las áreas protegidas (tabla 3, fig. 8). Por otro lado, se encuentran enfermedades como la rabia, que tiene una presencia de huéspedes en todas las ANP y que no requiere de vectores para contagiarse. Como se comentó anteriormente, la diversidad que presentan las zoonosis respecto a sus formas de contagio se debe de tomar en cuenta para definir el riesgo a nivel espacial y con ello poder contar con los protocolos adecuados para evitar brotes o actuar rápidamente en caso de haberlos.

Nombre	Cat. M.	Zoonosis	Hu.	Vec.
Barranca de Metztitlán, clave 6.1.05.144	RB	Borreliosis	9	2
		Chikungunya	-	2
		Dengue	4	2
		Encefalitis equina	1	-
		Hantavirus	17	-
		Influenza aviar	7	-
		Leishmaniasis	11	0
		Leptospirosis	2	-
		Malaria	1	1
		Rabia	4	-
		Tifus	1	-
		Tripanosomiasis	1	1
WNV	2	1		

Tabla 2
Número máximo potencial de vectores y huéspedes de las zoonosis analizadas en las áreas naturales protegidas de las regiones Centro y Eje Neovolcánico; RB: Reserva de la Biosfera, PN: Parque Nacional, APFF: Área de Protección de Flora y Fauna, APRN: Área de Protección de Recursos Naturales; "-": no se identificaron vectores (Vec.) o huéspedes (Hu.) para la zoonosis en los documentos revisados y, por tanto, no se modelaron.

Nombre	Cat. M.	Zoonosis	Hu.	Vec.
Bosencheve, clave 6.3.20.040	PN	Borreliosis	9	1
		Chikungunya	-	0
		Dengue	2	0
		Encefalitis equina	1	-
		Hantavirus	16	-
		Influenza aviar	7	-
		Leishmaniasis	7	0
		Leptospirosis	2	-
		Malaria	1	0
		Rabia	4	-
		Tifus	1	-
		Tripanosomiasis	1	0
		WNV	1	0
Cerro de La Estrella, clave 6.3.16.028	PN	Borreliosis	8	1
		Chikungunya	-	1
		Dengue	2	1
		Encefalitis equina	1	-
		Hantavirus	15	-
		Influenza aviar	8	-
		Leishmaniasis	7	0
		Leptospirosis	3	-
		Malaria	1	1
		Rabia	3	-
		Tifus	1	-
		Tripanosomiasis	1	0
		WNV	1	1

Nombre	Cat. M.	Zoonosis	Hu.	Vec.
Cerro de Las Campanas, 6.3.11.019	PN	Borreliosis	5	1
		Chikungunya	-	1
		Dengue	2	1
		Encefalitis equina	1	-
		Hantavirus	12	-
		Influenza aviar	6	-
		Leishmaniasis	5	0
		Leptospirosis	3	-
		Malaria	2	1
		Rabia	2	-
		Tifus	1	-
		Tripanosomiasis	0	0
		WNV	1	1
Ciénegas del Lerma, clave 6.7.03.153	APFF	Borreliosis	9	1
		Chikungunya	-	0
		Dengue	1	0
		Encefalitis equina	1	-
		Hantavirus	16	-
		Influenza aviar	8	-
		Leishmaniasis	5	0
		Leptospirosis	2	-
		Malaria	1	0
		Rabia	2	-
		Tifus	1	-
		Tripanosomiasis	1	0
		WNV	1	1



Nombre	Cat. M.	Zoonosis	Hu.	Vec.
Corredor Biológico Chichinautzin, 6.7.02.093	APFF	Borreliosis	10	2
		Chikungunya	-	1
		Dengue	5	2
		Encefalitis equina	1	-
		Hantavirus	19	-
		Influenza aviar	7	-
		Leishmaniasis	11	1
		Leptospirosis	2	-
		Malaria	1	1
		Rabia	5	-
		Tifus	1	-
		Tripanosomiasis	1	1
		WNV	3	1
Cumbres del Ajusco, clave 6.3.06.011	PN	Borreliosis	10	1
		Chikungunya	-	0
		Dengue	2	0
		Encefalitis equina	1	-
		Hantavirus	17	-
		Influenza aviar	3	-
		Leishmaniasis	9	0
		Leptospirosis	2	-
		Malaria	1	0
		Rabia	4	-
		Tifus	1	-
		Tripanosomiasis	1	0
		WNV	1	0

Nombre	Cat. M.	Zoonosis	Hu.	Vec.
Desierto de los Leones, clave 6.3.01.001	PN	Borreliosis	10	1
		Chikungunya	-	0
		Dengue	2	0
		Encefalitis equina	1	-
		Hantavirus	18	-
		Influenza aviar	4	-
		Leishmaniasis	9	0
		Leptospirosis	2	-
		Malaria	1	1
		Rabia	5	-
		Tifus	1	-
		Tripanosomiasis	1	1
		WNV	1	1
Desierto del Carmen o de Nixcongo, clave 6.3.21.043	PN	Borreliosis	9	2
		Chikungunya	-	0
		Dengue	4	0
		Encefalitis equina	1	-
		Hantavirus	18	-
		Influenza aviar	4	-
		Leishmaniasis	10	0
		Leptospirosis	2	-
		Malaria	1	1
		Rabia	4	-
		Tifus	1	-
		Tripanosomiasis	1	0
		WNV	2	1



Nombre	Cat. M.	Zoonosis	Hu.	Vec.
El Chico, clave 6.3.25.069	PN	Borreliosis	9	1
		Chikungunya	-	0
		Dengue	2	0
		Encefalitis equina	1	-
		Hantavirus	17	-
		Influenza aviar	5	-
		Leishmaniasis	8	0
		Leptospirosis	2	-
		Malaria	1	1
		Rabia	4	-
		Tifus	1	-
		Tripanosomiasis	1	1
		WNV	1	1
El Cimatario, clave 6.3.26.070	PN	Borreliosis	6	1
		Chikungunya	-	1
		Dengue	2	1
		Encefalitis equina	1	-
		Hantavirus	13	-
		Influenza aviar	7	-
		Leishmaniasis	6	0
		Leptospirosis	3	-
		Malaria	2	1
		Rabia	3	-
		Tifus	1	-
		Tripanosomiasis	1	0
		WNV	1	1

Nombre	Cat. M.	Zoonosis	Hu.	Vec.
El Histórico Coyoacán, clave 6.3.17.030	PN	Borreliosis	8	1
		Chikungunya	-	1
		Dengue	2	1
		Encefalitis equina	1	-
		Hantavirus	15	-
		Influenza aviar	7	-
		Leishmaniasis	7	0
		Leptospirosis	2	-
		Malaria	1	1
		Rabia	3	-
		Tifus	1	-
		Tripanosomiasis	1	0
		WNV	1	1
El Tepeyac, clave 6.3.10.016	PN	Borreliosis	8	1
		Chikungunya	-	0
		Dengue	2	1
		Encefalitis equina	1	-
		Hantavirus	14	-
		Influenza aviar	7	-
		Leishmaniasis	6	0
		Leptospirosis	2	-
		Malaria	1	1
		Rabia	3	-
		Tifus	1	-
		Tripanosomiasis	0	0
		WNV	1	1



Nombre	Cat. M.	Zoonosis	Hu.	Vec.
El Tepozteco, clave 6.3.09.015	PN	Borreliosis	10	2
		Chikungunya	-	1
		Dengue	5	1
		Encefalitis equina	1	-
		Hantavirus	19	-
		Influenza aviar	7	-
		Leishmaniasis	12	1
		Leptospirosis	2	-
		Malaria	1	1
		Rabia	4	-
		Tifus	1	-
		Tripanosomiasis	1	1
		WNV	3	1
El Veladero, clave 6.3.23.059	PN	Borreliosis	4	2
		Chikungunya	-	1
		Dengue	6	1
		Encefalitis equina	1	-
		Hantavirus	9	-
		Influenza aviar	4	-
		Leishmaniasis	15	2
		Leptospirosis	1	-
		Malaria	0	2
		Rabia	2	-
		Tifus	1	-
		Tripanosomiasis	1	1
		WNV	3	0

Nombre	Cat. M.	Zoonosis	Hu.	Vec.
Fuentes Brotantes de Tlalpan, clave 6.3.07.012	PN	Borreliosis	8	1
		Chikungunya	-	0
		Dengue	2	1
		Encefalitis equina	1	-
		Hantavirus	16	-
		Influenza aviar	7	-
		Leishmaniasis	6	0
		Leptospirosis	2	-
		Malaria	1	1
		Rabia	3	-
		Tifus	1	-
		Tripanosomiasis	1	0
		WNV	1	1
General Juan Álvarez, clave 6.3.22.048	PN	Borreliosis	6	2
		Chikungunya	-	1
		Dengue	5	1
		Encefalitis equina	1	-
		Hantavirus	13	-
		Influenza aviar	3	-
		Leishmaniasis	13	1
		Leptospirosis	1	-
		Malaria	0	1
		Rabia	3	-
		Tifus	1	-
		Tripanosomiasis	1	0
		WNV	3	1



Nombre	Cat. M.	Zoonosis	Hu.	Vec.
Grutas de Cacahuamilpa, clave 6.3.03.004	PN	Borreliosis	5	3
		Chikungunya	-	1
		Dengue	5	1
		Encefalitis equina	1	-
		Hantavirus	12	-
		Influenza aviar	2	-
		Leishmaniasis	11	1
		Leptospirosis	2	-
		Malaria	0	1
		Rabia	3	-
		Tifus	1	-
		Tripanosomiasis	1	0
		WNV	3	1
Insurgente Miguel Hidalgo y Costilla, clave 6.3.05.009	PN	Borreliosis	10	1
		Chikungunya	-	0
		Dengue	2	0
		Encefalitis equina	1	-
		Hantavirus	18	-
		Influenza aviar	6	-
		Leishmaniasis	8	0
		Leptospirosis	2	-
		Malaria	1	0
		Rabia	4	-
		Tifus	1	-
		Tripanosomiasis	1	0
		WNV	1	1

Nombre	Cat. M.	Zoonosis	Hu.	Vec.
Iztaccíhuatl-Popocatepetl, clave 6.3.02.002	PN	Borreliosis	10	2
		Chikungunya	-	0
		Dengue	3	0
		Encefalitis equina	1	-
		Hantavirus	17	-
		Influenza aviar	6	-
		Leishmaniasis	12	1
		Leptospirosis	2	-
		Malaria	1	1
		Rabia	4	-
		Tifus	1	-
		Tripanosomiasis	1	1
		WNV	2	1
La Montaña Malinche o Matlalcuéyatl, clave 6.3.18.031	PN	Borreliosis	10	1
		Chikungunya	-	0
		Dengue	3	0
		Encefalitis equina	1	-
		Hantavirus	17	-
		Influenza aviar	6	-
		Leishmaniasis	12	0
		Leptospirosis	3	-
		Malaria	1	0
		Rabia	4	-
		Tifus	1	-
		Tripanosomiasis	1	1
		WNV	1	1



Nombre	Cat. M.	Zoonosis	Hu.	Vec.
Lagunas de Zempoala, clave 6.3.08.013	PN	Borreliosis	10	1
		Chikungunya	-	0
		Dengue	3	0
		Encefalitis equina	1	-
		Hantavirus	19	-
		Influenza aviar	6	-
		Leishmaniasis	11	0
		Leptospirosis	2	-
		Malaria	1	1
		Rabia	5	-
		Tifus	1	-
		Tripanosomiasis	1	1
		WNV	1	1
Lomas de Padierna, clave 6.3.15.027	PN	Borreliosis	9	1
		Chikungunya	-	0
		Dengue	2	0
		Encefalitis equina	1	-
		Hantavirus	17	-
		Influenza aviar	6	-
		Leishmaniasis	8	0
		Leptospirosis	2	-
		Malaria	1	1
		Rabia	3	-
		Tifus	1	-
		Tripanosomiasis	1	0
		WNV	1	1

Nombre	Cat. M.	Zoonosis	Hu.	Vec.
Los Mármoles, clave 6.3.04.007	PN	Borreliosis	9	2
		Chikungunya	-	1
		Dengue	4	2
		Encefalitis equina	1	-
		Hantavirus	17	-
		Influenza aviar	4	-
		Leishmaniasis	11	0
		Leptospirosis	2	-
		Malaria	2	1
		Rabia	4	-
		Tifus	1	-
		Tripanosomiasis	1	1
		WNV	2	1
Los Remedios, clave 6.3.14.026	PN	Borreliosis	8	1
		Chikungunya	-	0
		Dengue	2	1
		Encefalitis equina	1	-
		Hantavirus	16	-
		Influenza aviar	7	-
		Leishmaniasis	6	0
		Leptospirosis	2	-
		Malaria	1	1
		Rabia	3	-
		Tifus	1	-
		Tripanosomiasis	1	0
		WNV	1	1



Nombre	Cat. M.	Zoonosis	Hu.	Vec.
Mariposa Monarca, clave 6.1.04.138	RB	Borreliosis	10	1
		Chikungunya	-	0
		Dengue	2	0
		Encefalitis equina	1	-
		Hantavirus	17	-
		Influenza aviar	6	-
		Leishmaniasis	9	0
		Leptospirosis	2	-
		Malaria	1	1
		Rabia	4	-
		Tifus	1	-
		Tripanosomiasis	1	1
		WNV	1	1
Molino de Flores Netzahualcóyotl, clave 6.3.12.021	PN	Borreliosis	8	1
		Chikungunya	-	0
		Dengue	1	0
		Encefalitis equina	1	-
		Hantavirus	13	-
		Influenza aviar	6	-
		Leishmaniasis	5	0
		Leptospirosis	3	-
		Malaria	2	0
		Rabia	2	-
		Tifus	1	-
		Tripanosomiasis	0	0
		WNV	1	1

Nombre	Cat. M.	Zoonosis	Hu.	Vec.
Nevado de Toluca, clave 6.7.01.003	APFF	Borreliosis	10	1
		Chikungunya	-	0
		Dengue	3	0
		Encefalitis equina	1	-
		Hantavirus	18	-
		Influenza aviar	6	-
		Leishmaniasis	11	0
		Leptospirosis	2	-
		Malaria	1	0
		Rabia	4	-
		Tifus	1	-
		Tripanosomiasis	1	1
		WNV	1	0
Sacromonte, clave 6.3.19.036	PN	Borreliosis	9	1
		Chikungunya	-	0
		Dengue	2	0
		Encefalitis equina	1	-
		Hantavirus	16	-
		Influenza aviar	7	-
		Leishmaniasis	6	0
		Leptospirosis	2	-
		Malaria	1	0
		Rabia	3	-
		Tifus	1	-
		Tripanosomiasis	1	0
		WNV	1	1



Nombre	Cat. M.	Zoonosis	Hu.	Vec.
Sierra de Huautla, clave 6.1.03.137	RB	Borreliosis	6	3
		Chikungunya	-	2
		Dengue	5	2
		Encefalitis equina	1	-
		Hantavirus	15	-
		Influenza aviar	3	-
		Leishmaniasis	14	1
		Leptospirosis	2	-
		Malaria	1	1
		Rabia	3	-
		Tifus	2	-
		Tripanosomiasis	2	1
		WNV	3	1
Sierra Gorda, clave 6.1.01.125	RB	Borreliosis	8	3
		Chikungunya	-	2
		Dengue	6	2
		Encefalitis equina	2	-
		Hantavirus	17	-
		Influenza aviar	5	-
		Leishmaniasis	17	1
		Leptospirosis	3	-
		Malaria	2	1
		Rabia	4	-
		Tifus	2	-
		Tripanosomiasis	1	1
		WNV	3	1

Nombre	Cat. M.	Zoonosis	Hu.	Vec.
Sierra Gorda de Guanajuato, clave 6.1.06.160	RB	Borreliosis	8	3
		Chikungunya	-	2
		Dengue	4	2
		Encefalitis equina	1	-
		Hantavirus	15	-
		Influenza aviar	6	-
		Leishmaniasis	10	0
		Leptospirosis	3	-
		Malaria	2	1
		Rabia	5	-
		Tifus	1	-
		Tripanosomiasis	1	1
		WNV	2	1
Tehuacán-Cuicatlán, clave 6.1.02.130	RB	Borreliosis	9	2
		Chikungunya	-	1
		Dengue	6	1
		Encefalitis equina	1	-
		Hantavirus	17	-
		Influenza aviar	7	-
		Leishmaniasis	15	1
		Leptospirosis	3	-
		Malaria	2	1
		Rabia	5	-
		Tifus	1	-
		Tripanosomiasis	1	1
		WNV	3	1



Nombre	Cat. M.	Zoonosis	Hu.	Vec.
Tula, clave 6.3.24.065	PN	Borreliosis	7	1
		Chikungunya	-	0
		Dengue	1	0
		Encefalitis equina	1	-
		Hantavirus	13	-
		Influenza aviar	6	-
		Leishmaniasis	5	0
		Leptospirosis	3	-
		Malaria	2	1
		Rabia	2	-
		Tifus	1	-
		Tripanosomiasis	0	0
		WNV	1	1
Xicoténcatl, clave 6.3.13.022	PN	Borreliosis	8	1
		Chikungunya	-	0
		Dengue	1	0
		Encefalitis equina	1	-
		Hantavirus	14	-
		Influenza aviar	8	-
		Leishmaniasis	5	0
		Leptospirosis	3	-
		Malaria	2	0
		Rabia	2	-
		Tifus	1	-
		Tripanosomiasis	0	0
		WNV	1	1

Nombre	Cat. M.	Zoonosis	Hu.	Vec.
Z.P.F.T.C.C. de los ríos Valle de Bravo, Malacatepec, Tilostoc y Temascaltepec. Clave 6.6.01.042	APRN	Borreliosis	10	2
		Chikungunya	-	1
		Dengue	4	1
		Encefalitis equina	1	-
		Hantavirus	19	-
		Influenza aviar	7	-
		Leishmaniasis	10	1
		Leptospirosis	2	-
		Malaria	1	1
		Rabia	4	-
		Tifus	1	-
		Tripanosomiasis	1	0
		WNV	2	1

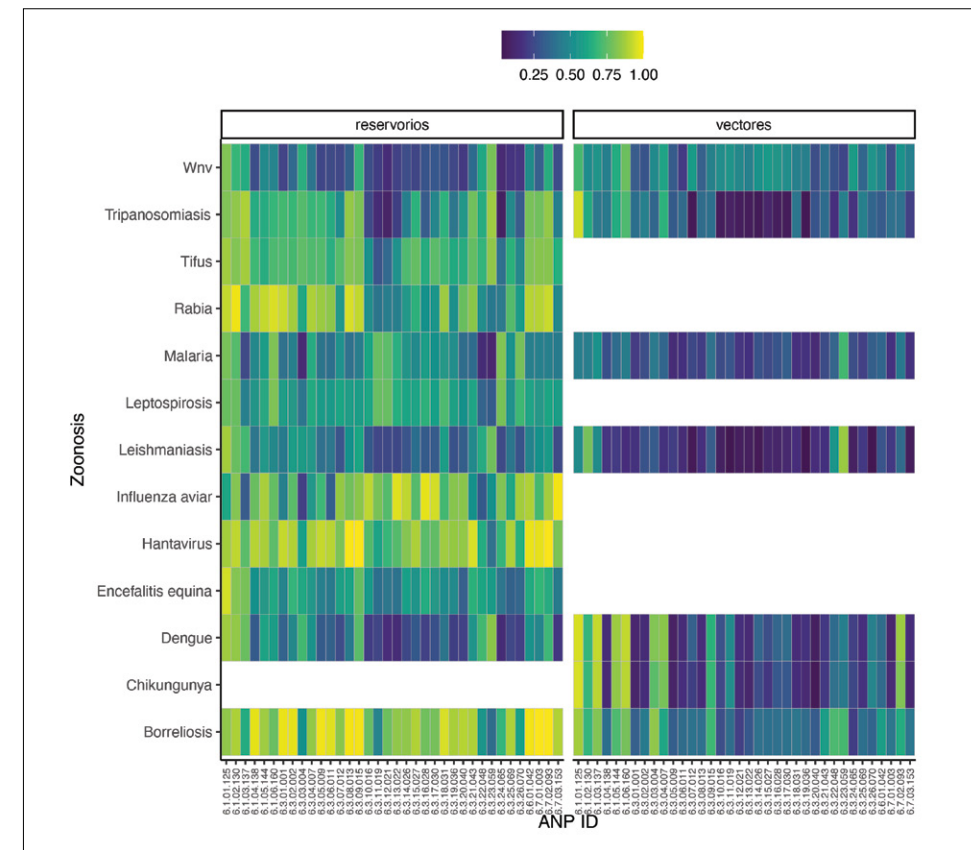


Figura 10
Valores máximos normalizados de riqueza de especies de huéspedes y vectores por zoonosis para las ANP de las regiones Centro y Eje Neovolcánico.





III. CONCLUSIONES



Con este trabajo se pone en evidencia la importancia de la evolución del entendimiento sobre las enfermedades zoonóticas, haciendo énfasis en que el humano no se encuentra separado de los ecosistemas. El concepto de socioecosistema puede ser de mucha utilidad en el contexto de *Una sola salud*, evidenciando que la salud animal y humana depende de la integridad de los ecosistemas, enfoque que permite utilizar indicadores claros que tienen que ver con la composición, función, estructura de los sistemas naturales, y claro, las presiones que se ejercen sobre éstos.

A raíz de las últimas pandemias que se han presentado en diversas partes del mundo, se han elaborado listas a nivel global sobre la incidencia de los grupos taxonómicos que tienen impacto en las zoonosis emergentes. Estos estudios han mostrado, de manera preliminar, algunas tendencias importantes en la relación entre patógenos, vectores y hospederos. Por un lado, destaca la tendencia de que el número de patógenos identificado en un análisis a nivel mundial, es significativamente más alta dentro del grupo de los virus, seguido de las bacterias y de otros grupos, como flagelados, rickettsias, nematodos, platelmintos y acantocéfalos. Esta tendencia concuerda con la riqueza de especies que se conoce de cada uno de estos grupos taxonómicos. Aunque en este trabajo no se presenta un análisis de todas las zoonosis que se han reportado para México, la selección de enfermedades aquí presentada muestra una tendencia muy semejante a la que se ha observado en estudios a escala global, por lo que puede alertarse que aquellos vertebrados que tienen una alta riqueza de especies en el centro de México, como los roedores y murciélagos, podrían contener un número muy alto de patógenos involucrados en zoonosis, comparado con grupos taxonómicos con una pequeña cantidad de especies silvestres, como los ungulados silvestres.

En este contexto, es fundamental tener presente la importancia del manejo adecuado de la biodiversidad y el enfoque de *Una sola salud*; anteriormente, en la biodiversidad podía verse un elevado riesgo de brotes de zoonosis, pero el manejo de esa biodiversidad es la clave, es decir, no hay mayor riesgo a mayor biodiversidad, por lo contrario, la biodiversidad ofrece el servicio de diluir la posibilidad de encuentro entre los patógenos, vectores y hospederos con el humano y viceversa. Es decir, un área con alta biodiversidad incluye a un mayor número de especies de vectores y huéspedes que mantienen densidades y abundancias bajas, por competencia entre éstas (hipótesis de la dilución). De acuerdo con lo anterior, un área degradada/deforestada que muestre una pérdida importante de biodiversidad, puede incluir a un menor número de especies de vectores y huéspedes, pero que muestran densidades y abundancias poblacionales muy altas. En este sentido, la posibilidad de una transmisión a un huésped nuevo que entre en contacto con estas áreas geográficas es mucho mayor, con respecto a un área con alta biodiversidad. En este trabajo se enfatiza, desde este punto de vista, la importancia adicional que tienen las áreas naturales protegidas del centro de México al mantener sitios de alta biodiversidad con un apropiado manejo basado en la capacitación y adecuado equipamiento para quienes se encuentran dentro de estas áreas, actividades que la CONANP, a través del apoyo de GIZ está fomentando activamente.

En el contexto de *Una sola salud*, además de contar con información base adecuada, es importante identificar, señalar y combatir las malas prácticas con la fauna silvestre, las actividades que incrementan la frontera agropecuaria, la presencia de fauna feral (ocasionada principalmente por la falta de responsabilidad de dueños de fauna doméstica), la operación de granjas intensivas (en particular en sitios cercanos a zonas de alta biodiversidad o dentro de las áreas protegidas), la cacería furtiva con mal manejo de los organismos, el tráfico de las especies, entre otras actividades. Ante este escenario, el fortalecimiento de la Comisión Nacional de Áreas Naturales Protegidas es clave para conservar la integridad ecosistémica y los beneficios que ello conlleva. Dentro de las estrategias que deben seguir fortaleciendo a la CONANP se encuentran las actividades basadas en una adecuada capacitación de los propietarios sociales, que en nuestro país poseen 53% del territorio y mantienen cerca de 80% de las selvas y bosques remanentes en sus manos. Los procesos de monitoreo participativo, de ahora en adelante, tendrán que privilegiar el enfoque de *Una sola salud*.

Una sola salud brinda el marco teórico metodológico indicado para impulsar, desde la biología de la conservación, la normatividad y las políticas públicas de manera que se reduzca el riesgo de emergencia y reemergencia de zoonosis; este documento presenta una serie de recomendaciones basadas en el entendimiento de que el humano, los animales silvestres y domésticos se encuentran inmersos y son parte de los ecosistemas en los que se encuentran, haciendo énfasis en el importante papel que desempeñan las áreas naturales protegidas como sistemas de conservación, recuperación y desarrollo sostenible en México.

El análisis presentado en este documento debe evolucionar para elaborar mapas que involucren a varias zoonosis con un número mayor de variables que lleven a conocer los niveles de riesgo de una manera más integral, considerando factores ambientales, biológicos socioeconómicos y culturales; incluir un análisis de riesgo que presente la información de manera explícita en el espacio es un reto, pero será un parteaguas en el enfoque de *Una sola salud* en México.



ALGUNAS RECOMENDACIONES PUNTUALES PARA EL TERRITORIO DENTRO DE LAS ANP Y SUS ZONAS DE INFLUENCIA

Existe evidencia de que se puede disminuir el riesgo de que se presenten brotes epidémicos manteniendo la integridad de los ecosistemas y enfrentando los factores que aumentan la probabilidad de contacto entre el humano, la fauna silvestre y la doméstica. Así, dentro de las actividades que se deben evitar dentro de las áreas naturales protegidas y en su zona de influencia, están el tráfico de especies silvestres y la cacería, la pérdida de vegetación natural, la presencia de granjas intensivas con protocolos deficientes de control de aves (*i. e.*, gallinas), o mamíferos (*i. e.*, cerdos) y la aplicación excesiva de antibióticos que aumenta la probabilidad de resistencia antimicrobiana (RAM), entre otras actividades. Algunas recomendaciones que se pueden plantear son:

- 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.
- Establecer un programa de monitoreo regular en las ANP de huéspedes y vectores potenciales de agentes que producen zoonosis.
- Incorporar indicadores específicos para el monitoreo en un sistema de notificación de enfermedades zoonóticas.
- Desarrollar acciones de monitoreo y conservación participativos con enfoque de *Una sola salud*.
- Realizar investigación sobre los efectos que pueden tener los distintos escenarios de 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) que laboran en las ANP con el enfoque de *Una sola salud*.
- Realizar control estricto de las granjas intensivas dentro y en el área de influencia de las ANP así como promover la revisión del andamiaje regulatorio del uso de agroquímicos y antibióticos en las ANP, ya que su uso desmedido disminuye notablemente la integridad ecosistémica y favorece la resistencia antimicrobiana, respectivamente.
- Fomentar la revisión de la normatividad existente y su desarrollo en aspectos relacionados a éstas y otras recomendaciones.
- Promover la inclusión del enfoque de *Una sola salud* en el desarrollo de actividades agropecuarias (ganadería) dentro de las ANP.
- Impulsar la sensibilización sobre el tema de *Una sola salud* a nivel comunitario y zonas urbanas aledañas de las ANP.

GLOSARIO

Agente. “Es un factor que puede ser un microorganismo, sustancia química, o forma de radiación cuya presencia, presencia excesiva o relativa ausencia es esencial para la ocurrencia de la enfermedad” (Castillo-Salgado et al., 2011).

Agente etiológico. “Entidad física, química o biológica que puede causar enfermedad en el huésped u hospederero” (Namihira-Guerrero et al., 2020).

Áreas Naturales Protegidas (ANP). “Las zonas del territorio nacional y aquellas sobre las que la nación ejerce su soberanía y jurisdicción, en donde los ambientes originales no han sido significativamente alterados por la actividad del ser humano o que requieren ser preservadas y restauradas y están sujetas al régimen previsto en la presente Ley” (LGEEPA, 2021).

Antroponosis. “Enfermedades transmisibles de persona a persona. Los ejemplos incluyen rubéola, viruela, difteria, gonorrea, tiña (*Trichophyton rubrum*) y tricomoniasis” (Hubálek, 2003; Secretaría de Salud, 2019).

Bienestar humano. “El bienestar humano tiene múltiples constituyentes, entre los que se incluyen los materiales básicos para el buen vivir, la libertad y las opciones, la salud, las buenas relaciones sociales y la seguridad. Los componentes del bienestar, tal como las personas los experimentan y perciben, dependen de la situación, reflejan la geografía, la cultura y las circunstancias ecológicas locales” (WRI, 2003).

Brote. “Es la ocurrencia de dos o más casos similares, los cuales están epidemiológicamente relacionados”. (Secretaría de Salud, 2020).

Ciclo selvático. “Ciclo de transmisión de una enfermedad en el cual están involucrados los huéspedes silvestres, los vectores y el humano”. (Secretaría de Salud, 2019).

Ciclo urbano. “Ciclo de transmisión de una enfermedad en el cual están involucrados los humanos, animales domésticos y los vectores, sin necesidad de que estén involucrados los huéspedes o reservorios silvestres”. (Secretaría de Salud, 2019).

Comisión Nacional de Áreas Naturales Protegidas (CONANP). “Es la institución encargada de contribuir a la preservación y sustentabilidad de ecosistemas y ambientes naturales, representativos de la diversidad biológica de México, mediante la planeación, gestión y administración efectiva, equitativa, honesta y transparente del sistema mexicano de Áreas Naturales Protegidas.

Este Objetivo se perseguirá a través de cuatro Objetivos Prioritarios relacionados con las siguientes áreas:

1. Fortalecer el manejo efectivo de las ANP e impulsar el incremento de la superficie de conservación para mantener la representatividad de la biodiversidad, la conectividad y funcionalidad de los ecosistemas y la provisión de sus servicios ambientales para el mejoramiento de la calidad de vida de las actuales y futuras generaciones.
2. Impulsar la participación comunitaria en la conservación y aprovechamiento sustentable de los recursos naturales en las ANP para mejorar sus medios de vida y reducir su vulnerabilidad.
3. Promover la restauración de ecosistemas, así como acciones de protección y monitoreo para la conservación y recuperación de especies prioritarias y sus hábitats en las ANP y zonas de influencia.
4. Fortalecer las capacidades institucionales para el logro de los objetivos sustantivos de la Comisión, optimizando la coordinación y articulación intra e interinstitucional con otras dependencias y actores involucrados con las Áreas Naturales Protegidas y fomentando y fortaleciendo la participación y cooperación internacional” (CONANP, 2020).

Ecosistema. “Complejo dinámico entre comunidades animales, vegetales y microorganismos y su ambiente, interactuando como una unidad funcional. Los ecosistemas pueden considerarse a diferentes escalas, desde local a global. También los humanos y sus actividades son parte del ecosistema” (SEMARNAT et al., 2017).

Enfermedad infecciosa emergente. “Enfermedad provocada por un agente infeccioso recientemente identificado y anteriormente desconocido, capaz de causar problemas de salud pública a nivel local, regional o mundial” (INSP, 2020).

Enfermedad infecciosa reemergente. “Reaparición y/o aumento del número de infecciones de una patología ya conocida que, anteriormente, habían sido controladas o tratadas eficazmente” (INSP, 2020).

Efecto de dilución. “Hipótesis en la que se plantea que donde las especies varían en susceptibilidad a la infección por un patógeno, una mayor diversidad a menudo conduce a una menor prevalencia de infección en los huéspedes. En el caso de los patógenos de transmisión directa, las especies que no son huéspedes pueden “diluir” la infección directa e indirectamente” (Khalil et al., 2016).

Epidemia. “Aumento inusual del número de casos de una determinada enfermedad en una población específica, en un periodo de tiempo determinado” (INSP, 2020).

Epidemiología. “Se define como el estudio de la distribución, frecuencia y determinantes del proceso salud-enfermedad en poblaciones humanas” (Secretaría de Salud, 2020).



Huésped. “Es una persona o animal vivo, incluyendo las aves y los artrópodos, que en circunstancias naturales permite la subsistencia o el alojamiento de un agente infeccioso” (Castillo-Salgado et al., 2011).

Incidencia. “Se le define como el número de casos de enfermedad que comienzan, o de personas que se enferman durante un periodo dado en una población determinada” (Secretaría de Salud, 2020).

Infección. “Es la entrada y desarrollo o multiplicación de un agente infeccioso en el organismo de una persona o animal” (Castillo-Salgado et al., 2011).

Infodemia. “La epidemia de especulaciones no confirmadas que se intentan dar por ciertas con un objetivo determinado, y que condicionan el comportamiento de los demás por encima de la información objetiva” (Namihira-Guerrero et al., 2020).

Integridad ecosistémica. “Es 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 no perturbados dentro de una región. Un ecosistema tiene integridad cuando sus características dominantes (por ejemplo, elementos de composición, estructura, función y procesos ecológicos) ocurren dentro de sus rangos naturales de variación y pueden resistir y recuperarse de la mayoría de las perturbaciones impuestas por la dinámica ambiental natural o alteraciones humanas” (Parrish et al., 2003).

Morbilidad. “Se le denomina a cualquier separación, subjetiva u objetiva, del estado de bienestar fisiológico o psicológico. En este contexto, los términos enfermedad, trastorno y estado mórbido se consideran sinónimos.” (Secretaría de Salud, 2020).

Mortalidad. Véase tasa de mortalidad.

Pandemia. “Enfermedad ampliamente diseminada y que se presenta al mismo tiempo en varios países o en todo el mundo” (Namihira-Guerrero et al., 2020).

Reservorio de agentes infecciosos. “Es cualquier ser humano, animal, artrópodo, planta, suelo o materia inanimada, donde normalmente vive y se multiplica un agente infeccioso y del cual depende para su supervivencia, reproduciéndose de manera que pueda ser transmitido a un huésped susceptible” (Castillo et al., 2011).

Salud. “Estado de bienestar bio-psico-social de un individuo; no se refiere solamente a la ausencia de enfermedad” (Namihira-Guerrero et al., 2020).

Servicios ecosistémicos. “Son los beneficios que las personas obtienen de los ecosistemas. Estos beneficios contemplan servicios de suministro, como los alimentos y el agua; servicios de regulación, como la regulación de las inundaciones, las sequías, la degradación del suelo y las enfermedades; servicios de base, como la formación del suelo y los ciclos de los nutrientes; y servicios culturales, como los beneficios recreacionales, espirituales, religiosos y otros beneficios intangibles” (WRI, 2001).

Socioecosistema. “Sistemas complejos y adaptativos en el que distintos aspectos ecológicos (evolutivos, biogeoquímicos, energéticos, etc.) y culturales (políticos, sociales, económicos, tecnológicos, etc.) están interactuando entre sí producto de la interacción de los componentes humanos, bióticos y abióticos que los conforman” (Ortega et al., 2014).

Tasa de mortalidad. “Porcentaje de personas que mueren en una población sobre el total de población, y puede expresarse por 100, 1.000 u otro factor.” (Organización Panamericana de la Salud, 2020.)

Vector. “Es un insecto o cualquier portador vivo que transporta un agente infeccioso desde un individuo o sus desechos, hasta un individuo susceptible, su comida o su ambiente inmediato. El agente puede o no desarrollarse, propagarse o multiplicarse dentro del vector” (Castillo-Salgado et al., 2011).

Zoonosis. “Enfermedades infecciosas transmisibles entre humanos y otros vertebrados bajo condiciones naturales. Los agentes infecciosos involucrados incluyen bacterias, virus, parásitos y hongos, entre otros” (Secretaría de Salud, 2019).



REFERENCIAS

- Abbott, R. C., y Roche, T. E. (2012). Plague. *U.S. Geological Survey Circular*, 1372.
- Abundes-Gallegos, J., Salas-Rojas, M., Galvez-Romero, G., Perea-Martínez, L., Obregón-Morales, C. Y., Morales-Malacara, J. B. y Aguilar-Setién, A. (2018). Detection of dengue virus in bat flies (*Diptera: Streblidae*) of common vampire bats, *Desmodus rotundus*, in Progreso, Hidalgo, Mexico. *Vector-Borne and Zoonotic Diseases*, 18(1), 70-73.
- Acha, P. N. y Szyfres, B. (2003). *Zoonoses and communicable diseases common to man and animals Vol. III. Parasitoses*. Pan American Health Organization.
- Achtman, M., Morelli, G., Zhu, P., Wirth, T., Diehl, I., Kusecek, B., ... y Keim, P. (2004). Microevolution and history of the plague bacillus, *Yersinia pestis*. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 101(51), 17837-17842.
- Adams, A. P., Navarro-Lopez, R., Ramirez-Aguilar, F. J., Lopez-Gonzalez, I., ... y Leal, G. (2012). Venezuelan Equine Encephalitis Virus Activity in the Gulf Coast Region of Mexico, 2003–2010. *PLoS Negl Trop Dis* 6(11): e1875.
- Aguilar-Setién, A., Romero-Almaraz, M. L., Sánchez-Hernández, C., Figueroa, R., Juárez-Palma, L. P., García-Flores, M. M., ... y Ramos, C. (2008). Dengue virus in Mexican bats. *Epidemiology & Infection*, 136(12), 1678-1683.
- Alaniz, A. J., Carvajal, M. A., Bacigalupo, A. y Cattán, P. E. (2019). Global spatial assessment of *Aedes aegypti* and *Culex quinquefasciatus*: a scenario of Zika virus exposure. *Epidemiology & Infection*, 147.
- Alcántara-Rodríguez, V. E., Sánchez-Montes, S., Contreras, H., Colunga-Salas, P., Fierro-Flores, L., Avalos, S., ... y Walker, D. H. (2020). Human Monocytic Ehrlichiosis, Mexico City, Mexico. *Emerging Infectious Diseases*, 26(12), 3016.
- Alexander, K. A., Lewis, B. L., Marathe, M., Eubank, S. y Blackburn, J. K. (2012). Modeling of wildlife-associated zoonoses: applications and caveats. *Vector-Borne and Zoonotic Diseases*, 12(12), 1005-1018.
- Alexander, K. A. y McNutt, J. W. (2010). Human behavior influences infectious disease emergence at the human–animal interface. *Frontiers in Ecology and the Environment*, 8(10), 522-526.
- Andrade-Narváez, F. J., Lara, S. B. C., Van Wynsberghe, N. R., Rebollar-Tellez, E. A., Vargas-Gonzalez, A. y Albertos-Alpuche, N. E. (2003). Seasonal transmission of *Leishmania (Leishmania) mexicana* in the state of Campeche, Yucatan Peninsula, Mexico. *Memórias do Instituto Oswaldo Cruz*, 98(8), 995-998.
- Arce-Fonseca, M., Carrillo-Sánchez, S. C., Molina-Barrios, R. M., Martínez-Cruz, M., Cedi-lló-Cobián, J. R., Henao-Díaz, Y. A., y Rodríguez-Morales, O. (2017). Seropositivity for *Trypanosoma cruzi* in domestic dogs from Sonora, Mexico. *Infectious Diseases of Poverty*, 6(1), 1-7.
- Armstrong, P. M. y Andreadis, T. G. (2010). Eastern equine encephalitis virus in mosquitoes and their role as bridge vectors. *Emerging Infectious Diseases*, 16, 1869–1874.
- Arnal, A., Waleckx, E., Rico-Chávez, O., Herrera, C. y Dumonteil, E. (2019). Estimating the current burden of Chagas disease in Mexico: A systematic review and meta-analysis of epidemiological surveys from 2006 to 2017. *PLoS Neglected Tropical Diseases*, 13(4), e0006859.
- Arrivillaga, J. y Caraballo, V. (2009). Medicina de la Conservación. *Revista Biomédica*, 20(1), 55-67.
- Azad, A. F. (1990). Epidemiology of murine typhus. *Annual Review of Entomology*, 35(1), 553-570.
- Barbabosa-Pliego, A., Gil, P. C., Hernández, D. O., Aparicio-Burgos, J. E., de Oca-Jiménez, R. M., Martínez-Castañeda, J. S., ... y Chagoyán, J. C. V. (2011). Prevalence of *Trypanosoma cruzi* in dogs (*Canis familiaris*) and triatomines during 2008 in a sanitary region of the State of Mexico, Mexico. *Vector-Borne and Zoonotic Diseases*, 11(2), 151-156.
- Barbieri, R., Signoli, M., Chev e, D., Costedoat, C., Tzortzis, S., Aboudharam, G., ... y Drancourt, M. (2020). *Yersinia pestis*: the natural history of plague. *Clinical Microbiology Reviews*, 34(1).
- Bárceñas-Reyes, I., Nieves-Martínez, D. P., Cuador-Gil, J. Q., Loza-Rubio, E., González-Ruiz, S., Cantó-Alarcón, G. J. y Milián-Suazo, F. (2019). Spatiotemporal analysis of rabies in cattle in central Mexico. *Geospatial Health*, 14(2).
- Batalla, D. y Mercado, S. (1973). Detección de la actividad viral de las encefalitis equinas del este (EEE), oeste (EEO) y Venezuela (EEV), en diferentes regiones del país. *Revista Mexicana de Ciencias Pecuarias*, 1(25), 23.
- Belser, J. A., Davis, C. T., Balish, A., Edwards, L. E., Zeng, H., Maines, T. R., ... y Tumpey, T. M. (2013). Pathogenesis, transmissibility, and ocular tropism of a highly pathogenic avian influenza A (H7N3) virus associated with human conjunctivitis. *Journal of Virology*, 87(10), 5746-5754.
- Benelli, G. y Romano, D. (2017). Mosquito vectors of Zika virus. *Entomologia Generalis*, 36(4), 309-318.



- Beran, G. W. (Ed.). (1994). *Handbook of Zoonoses: Viral Zoonoses*. CRC Press.
- Berzunza-Cruz, M., Rodríguez-Moreno, Á., Gutiérrez-Granados, G., González-Salazar, C., Stephens, C. R., Hidalgo-Mihart, M., ... y Becker, I. (2015). *Leishmania* (L.) *mexicana* infected bats in Mexico: novel potential reservoirs. *PLoS Negl Trop Dis*, 9(1), e0003438.
- Bresalier, M., Cassidy, A. y Woods, A. (2020) One Health in History. En Zinsstag, J., Schelling, E., Crump, L., Whittaker, M., Tanner, M., & Stephen, C. (Eds.) *One Health: the theory and practice of integrated health approaches*. CABI.
- Burt, F. J., Chen, W., Miner, J. J., Lenschow, D. J., Merits, A., Schnettler, E., ... y Mahalingam, S. (2017). Chikungunya virus: an update on the biology and pathogenesis of this emerging pathogen. *The Lancet Infectious Diseases*, 17(4), e107-e117.
- Busch, M. y Erickson, G. (2015). An overview of Chikungunya virus. *Journal of the American Academy of PAs*, 28(10), 54-57.
- Cabrera-Romo, S., Max Ramirez, C., Recio-Tótoro, B., Tolentino-Chi, J., Lanz, H., Del Angel, R. M., ... y Ludert, J. E. (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.
- Caglioti, C., Lalle, E., Castilletti, C., Carletti, F., Capobianchi, M. R. y Bordi, L. (2013). Chikungunya virus infection: an overview. *New Microbiol*, 36(3), 211-27.
- Canto-Lara, S. B., Van Wynsberghe, N. R., Vargas-González, A., Ojeda-Farfán, F. F. y Andrade-Narváez, F. J. (1999). Use of monoclonal antibodies for the identification of *Leishmania* spp. isolated from humans and wild rodents in the State of Campeche, Mexico. *Memórias do Instituto Oswaldo Cruz*, 94(3), 305-309.
- Carrada-Bravo, T. (2004). *Trypanosoma cruzi*. Natural history and diagnosis of Chagas disease. *Rev. Mex. Patol. Clin.*, 51(4), 205-219.
- Castellanos-Morales, G., y Eguiarte, L. E. (2020). Integration of population genetics and ecological data for conservation: the case of the black-tailed prairie dogs (*Cynomys ludovicianus*) in Chihuahua, Mexico. *Conservation Genetics in Mammals*. Springer, Cham.
- Castillo-Salgado, C., Mujica, Ó. J., Loyola, E. y Canela, J. (2011). *Módulos de principios de epidemiología para el control de enfermedades*. OPS/OMS.
- Castrejón, O. V., Sánchez, B. R., Saldaña, A. M. y Hobart, O. (2009). Leishmaniasis cutánea de perros en México. *Enfermedades Infecciosas y Microbiología*, 29(4), 135-140.
- Castro, H. U. (2014). De ecosistema a socioecosistema diseñado como territorio del capital agroindustrial y del Estado-nación moderno en el valle geográfico del río Cauca, Colombia. *Revista Colombiana de Sociología*, 37(2), 121-157.
- Centro Nacional de Programas Preventivos y Control de Enfermedades (CENAPRECE) (2018). Rabia humana. http://www.cenaprece.salud.gob.mx/programas/interior/zoonosis/rabia_humana.tml
- Chable-Santos, J. B., Van Wynsberghe, N. R., Canto-Lara, S. B. y Andrade-Narvaez, F. J. (1995). Isolation of *Leishmania* (L.) *mexicana* from wild rodents and their possible role in the transmission of localized cutaneous leishmaniasis in the state of Campeche, Mexico. *The American Journal of Tropical Medicine and Hygiene*, 53(2), 141-145.
- Chapman, A. D. (2005). *Principles and methods of data cleaning*. GBIF.
- Cigarroa-Toledo, N., Blitvich, B. J., Cetina-Trejo, R. C., Talavera-Aguilar, L. G., Baak-Baak, C. M., Torres-Chablé, O. M., ... y Machain-Williams, C. (2016). Chikungunya virus in febrile humans and *Aedes aegypti* mosquitoes, Yucatan, Mexico. *Emerging Infectious Diseases*, 22(10), 1804.
- Civen, R. y Ngo, V. (2008). Murine typhus: an unrecognized suburban vectorborne disease. *Clinical Infectious Diseases*, 46(6), 913-918.
- Clayton, J. (2010). Chagas disease 101. *Nature*, 465(7301), S4-S5.
- Cobos-Marín, L., Rodríguez-Monterde, A. y Valdés-Vásquez, L. M. (2019). Encefalitis equina del oeste. *VetMéxOA*, 6(3).
- Cohn, L. A. (2003). Ehrlichiosis and related infections. *The Veterinary Clinics of North America. Small Animal Practice*, 33(4), 863-884.
- Colunga-Salas, P., Sánchez-Montes, S., Volkow, P., Ruíz-Remigio, A. y Becker, I. (2020a). Lyme disease and relapsing fever in Mexico: An overview of human and wildlife infections. *PloS One*, 15(9), e0238496.
- Colunga-Salas, P., Hernández-Canchola, G., Sánchez-Montes, S., Lozano-Sardaneta, Y. N. y Becker, I. (2020b). Genetic diversity of *Borrelia burgdorferi* sensu stricto: novel strains from Mexican wild rodents. *Transboundary and Emerging Diseases*, 68(3), 1263-1274.
- Colunga-Salas, P., Sánchez-Montes, S., Ochoa-Ochoa, L. M., Grostieta, E. y Becker, I. (2020c). Molecular detection of the reptile-associated *Borrelia* group in *Amblyomma dissimile*, Mexico. *Medical and Veterinary Entomology*, 35(2), 202-206.
- Colville, J. y Berryhill, D. (2007). *Handbook of Zoonoses: Identification and Prevention*. MOSBY Elsevier.
- Comisión Nacional de Áreas Naturales Protegidas (CONANP). (2014). Objetivos estratégicos. Recuperado de https://www.conanp.gob.mx/quienes_somos/objetivos_estrategicos.php.
- Constantine, D. G. y Blehert, D. S. (2009). Bat rabies and other lyssavirus infections (p. 68). Virginia: US Geological Survey.
- Cruz-Reyes, A. y Pickering-López, J. M. (2006). Chagas disease in Mexico: an analysis of geographical distribution during the past 76 years-A review. *Memorias do Instituto Oswaldo Cruz*, 101(4), 345-354.



- Cuevas-Domínguez, E. A., González-Guzmán, S., Quintana-López, J. A., Loza-Rubio, E., González-Rebeles, C. y García-Espinosa, G. (2009). Detección de orthomyxovirus H7N3 en anátidos del Estado de México. *REDVET. Revista Electrónica de Veterinaria*, 10(4).
- D'Amen, M., Dubuis, A., Fernandes, R. F., Pottier, J., Pellissier, L. y Guisan, A. (2015). Using species richness and functional traits predictions to constrain assemblage predictions from stacked species distribution models. *Journal of Biogeography*, 42(7), 1255-1266.
- Danis-Lozano, R., Díaz-González, E. E., Trujillo-Murillo, K. D. C., Caballero-Sosa, S., Sepúlveda-Delgado, J., Malo-García, I. R., ... y Fernández-Salas, I. (2017). Clinical characterization of acute and convalescent illness of confirmed chikungunya cases from Chiapas, S. Mexico: A cross sectional study. *PLoS One*, 12(10), e0186923.
- Dantas-Torres, F. (2008). The brown dog tick, *Rhipicephalus sanguineus* (Latreille, 1806) (Acari: Ixodidae): from taxonomy to control. *Veterinary Parasitology*, 152(3-4), 173-185.
- Dávalos-Becerril, E., Correa-Morales, F., González-Acosta, C., Santos-Luna, R., Peralta-Rodríguez, J., Pérez-Rentería, C., ... y Moreno-García, M. (2019). Urban and semi-urban mosquitoes of Mexico City: A risk for endemic mosquito-borne disease transmission. *PLoS One*, 14(3), e0212987.
- De la Cruz-Castro, I. X., Nava-Aguilera, E., Morales-Pérez, A., Betanzos-Reyes, Á. F., Flores-Moreno, M., Morales-Nava, L., ... y Andersson, N. (2020). Factors Associated with Chikungunya Relapse in Acapulco, Mexico: A Cross-Sectional Study. *Vector-Borne and Zoonotic Diseases*, 20(10), 782-787.
- De Souza, W. (1984). Cell biology of *Trypanosoma cruzi*. *International Review of Cytology*, 86, 197-283.
- De la Federación, (2013). Norma Oficial Mexicana NOM-017-SSA2-2012, para la vigilancia epidemiológica. México.
- Díaz-Badillo, A., Bolling, B. G., Pérez-Ramírez, G., Moore, C. G., Martínez-Muñoz, J. P., Padilla-Viveros, A. A., ... y de Lourdes Muñoz, M. (2011). The distribution of potential West Nile virus vectors, *Culex pipiens pipiens* and *Culex pipiens quinquefasciatus* (Diptera: Culicidae), in Mexico City. *Parasites & Vectors*, 4(1), 1-12.
- Díaz-Quiñónez, J. A., Ortiz-Alcántara, J., Fragoso-Fonseca, D. E., Garcés-Ayala, F., Escobar-Escamilla, N., Vázquez-Pichardo, M., ... y Ramírez-González, J. E. (2015). Complete genome sequences of chikungunya virus strains isolated in Mexico: first detection of imported and autochthonous cases. *Genome Announcements*, 3(3).
- Dobson, A. y Foufopoulos, J. (2001). Emerging infectious pathogens of wildlife. *Philosophical Transactions of the Royal Society of London. Series B: Biological Sciences*, 356(1411), 1001-1012.
- Dormann, C. F., Elith, J., Bacher, S., Buchmann, C., Carl, G., Carré, G., ... y Münkemüller, T. (2013). Collinearity: a review of methods to deal with it and a simulation study evaluating their performance. *Ecography*, 36(1), 27-46.

- Drancourt, M., Roux, V., La Vu Dang, L. T. H., Castex, D., Chenal-Francisque, V., Ogata, H., ... y Raoult, D. (2004). Genotyping, Orientalis-like *Yersinia pestis*, and plague pandemics. *Emerging Infectious Diseases*, 10(9), 1585.
- Dzul-Rosado, K., González-Martínez, P., Peniche-Lara, G., Zavala-Velázquez, J. y Zavala-Castro, J. (2013). *Murine typhus* in humans, Yucatan, Mexico.
- Elizondo-Quiroga, A., Flores-Suárez, A., Elizondo-Quiroga, D., Ponce-García, G., Blitvich, B. J., Contreras-Cordero, J. F., ... y Fernández-Salas, I. (2006). Host-feeding preference of *Culex quinquefasciatus* in Monterrey, northeastern Mexico. *Journal of the American Mosquito Control Association*, 22(4), 654-661.
- Esquinca, R. R., Hernández, C. H. G. y Guevara, Á. (2005). Encuesta rápida de Leishmaniasis visceral en caninos en un área endémica en Chiapas. *REDVET. Revista Electrónica de Veterinaria*, 6(8), 1-7.
- Eysenbach, G. (2002). Infodemiology: The epidemiology of (mis) information. *The American Journal of Medicine*, 113(9), 763-765.
- Faber-Langendoen, D., Lemly, J., Nichols, W., Rocchio, J., Walz, K., & Smyth, R. (2019). Development and evaluation of NatureServe's multi-metric ecological integrity assessment method for wetland ecosystems. *Ecological Indicators*, 104, 764-775.
- Fernández-González, A. M., Kosoy, M. Y., Rubio, A. V., Graham, C. B., Monteneri, J. A., Osikowicz, L. M., ... y Suzán, G. (2016). Molecular survey of *Bartonella* species and *Yersinia pestis* in rodent fleas (*Siphonaptera*) from Chihuahua, Mexico. *Journal of Medical Entomology*, 53(1), 199-205.
- Ferrier, S. y Guisan, A. (2006). Spatial modelling of biodiversity at the community level. *Journal of Applied Ecology*, 43(3), 393-404.
- Fick, S. E. y Hijmans, R. J. (2017). WorldClim 2: new 1km spatial resolution climate surfaces for global land areas. *International Journal of Climatology* 37(12), 4302-4315.
- Figueroa, F. y Sánchez-Cordero V. (2008). Effectiveness of Natural Protected Areas to prevent land use and land cover change in Mexico. *Biodiversity & Conservation*, 17, 3223-3240.
- Figueroa, F., Sánchez-Cordero, V., Meave, J. y Trejo, I. (2009). Socio-economic context of land use and land cover change in Mexican biosphere reserves. *Environmental Conservation*. 36(3), 180-191.
- Figueroa, F., Sánchez-Cordero, V., Illoldi-Rangel, P. y Linaje, M. (2011). Evaluación de la efectividad de las áreas protegidas para contener procesos de cambio en el uso del suelo y la vegetación ¿un índice es suficiente?. *Revista Mexicana de Biodiversidad*, 82(3), 951-963.
- Fithian, W., Elith, J., Hastie, T. y Keith, D. A. (2015). Bias correction in species distribution models: pooling survey and collection data for multiple species. *Methods Ecol. Evol.*, 6, 424-438.



- Fourie, J. J., Stanneck, D., Luus, H. G., Beugnet, F., Wijnveld, M. y Jongejan, F. (2013). Transmission of *Ehrlichia canis* by *Rhipicephalus sanguineus* ticks feeding on dogs and on artificial membranes. *Veterinary Parasitology*, 197(3-4), 595-603.
- Friggens, M. M., Parmenter, R. R., Boyden, M., Ford, P. L., Gage, K. y Keim, P. (2010). Flea abundance, diversity, and plague in Gunnison's prairie dogs (*Cynomys gunnisoni*) and their burrows in montane grasslands in northern New Mexico. *Journal of Wildlife Diseases*, 46(2), 356-367.
- Gaff, H. D., Kocan, K. M. y Sonenshine, D. E. (2014). Tick-borne rickettsioses II (*Anaplasma-taceae*). *Biology of ticks*, 2, 251-77.
- Galán-Huerta, K. A., Rivas-Estilla, A. M., Fernández-Salas, I., Farfan-Ale, J. A. y Ramos-Jiménez, J. (2015). Chikungunya virus: A general overview. *Medicina universitaria*, 17(68), 175-183.
- Galán-Huerta, K. A., Zomosa-Signoret, V. C., Vidaltamayo, R., Caballero-Sosa, S., Fernández-Salas, I., Ramos-Jiménez, J. y Rivas-Estilla, A. M. (2019). Genetic variability of chikungunya virus in southern Mexico. *Viruses*, 11(8), 714.
- Galaviz-Silva, L., Pérez-Treviño, K. C. y Molina-Garza, Z. J. (2013). Distribution of ixodid ticks on dogs in Nuevo León, Mexico, and their association with *Borrelia burgdorferi* sensu lato. *Experimental and Applied Acarology*, 61(4), 491-501.
- García-Acosta, J. y Aguilar-García, C. R. (2015). Tifus murino o endémico. *Medicina interna de México*, 31(4).
- García-Rejón, J. E., Blitvich, B. J., Farfan-Ale, J. A., Loroño-Pino, M. A., Chim, W. A. C., Flores-Flores, L. F., ... y Beaty, B. J. (2010). Host-feeding preference of the mosquito, *Culex quinquefasciatus*, in Yucatan State, Mexico. *Journal of Insect Science*, 10.
- Garza, M., Arroyo, T. P. F., Casillas, E. A., Sánchez-Cordero, V., Rivaldi, C. L. y Sarkar, S. (2014). Projected future distributions of vectors of *Trypanosoma cruzi* in North America under climate change scenarios. *PLoS Negl Trop Dis*, 8(5), e2818.
- Gaytán-Cruz, L., Mateus-Anzola, J., Montoya-Carrillo, C., Zarza, H., García-Espinosa, G. y Ojeda-Flores, R. (2020). Phylogenetic characterization of a reassortant H5N2 influenza A virus from a resident Mexican duck (*Anas diazi*). *Infection, Genetics and Evolution*, 84, 104475.
- González, C., Rebollar-Téllez, E. A., Ibáñez-Bernal, S., Becker-Fauser, I., Martínez-Meyer, E., Peterson, A. T. y Sánchez-Cordero, V. (2011). Current knowledge of Leishmania vectors in Mexico: how geographic distributions of species relate to transmission areas. *The American Journal of Tropical Medicine and Hygiene*, 85(5), 839-846.
- González, C., Wang, O., Strutz, S. E., González-Salazar, C., Sánchez-Cordero, V. y Sarkar, S. (2010). Climate change and risk of leishmaniasis in North America: predictions from ecological niche models of vector and reservoir species. *PLoS Negl Trop Dis*, 4(1), e585.

- González-Acosta, C., Correa-Morales, F., Canche-Aguilar, I., Silva-Domínguez, R., Salgado-Alonzo, M. C., Muñoz-Urías, R., ... y Moreno-García, M. (2019). First report of *Aedes albopictus* in Guerrero state, Mexico. *Journal of the American Mosquito Control Association*, 35(4), 285-287.
- González-Salazar, C., Stephens, C. R. y Sánchez-Cordero, V. (2017). Predicting the potential role of non-human hosts in Zika virus maintenance. *EcoHealth*, 14(1), 171-177.
- Gordillo, G., Santos, F. S., Torres, J., Velázquez, E., Ramon, G., García, R. y Vargas, M. (2010). Epidemiological, clinical and zoonotic evidences for the existence of Lyme disease in Central of Mexico. *International Journal of Infectious Diseases*, 14, e378-e379.
- Guerrero, S. S. y Weber M. (2012). Riesgo zoonótico y antropozoonótico en carnívoros silvestres pequeños y medianos en Calakmul, Campeche. En R. Mariaca (Ed.), *El huerto familiar en el sureste de México* (pp. 269-292). San Cristóbal de las Casas: El Colegio de la Frontera Sur-Secretaría de Recursos Naturales y Protección Ambiental del Estado de Tabasco.
- Guo, X. X., Li, C. X., Deng, Y. Q., Xing, D., Liu, Q. M., Wu, Q., ... y Zhao, T. Y. (2016). *Culex pipiens quinquefasciatus*: a potential vector to transmit Zika virus. *Emerging Microbes & Infections*, 5(1), 1-5.
- Gwee, S. X. W., St John, A. L., Gray, G. C. y Pang, J. (2021). Animals as potential reservoirs for dengue transmission: A systematic review. *One Health*, 12, 100216.
- Hahn, C. S., Lustig, S., Strauss, E. G. y Strauss, J. H. (1988). Western equine encephalitis virus is a recombinant virus. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 85(16), 5997-6001.
- Halstead, S. B. (Ed.). (2008). *Dengue* (Vol. 5). World Scientific.
- Hamel, R., Liegeois, F., Wichit, S., Pompon, J., Diop, F., Talignani, L., ... y Missé, D. (2016). Zika virus: epidemiology, clinical features and host-virus interactions. *Microbes and Infection*, 18(7-8), 441-449.
- Haque, U., Ball, J. D., Zhang, W., y Khan, M. M. H. (2016). Clinical and spatial features of Zika virus in Mexico. *Acta Tropica*, 162, 5-10.
- Hernández-Aguilar, I., Lorenzo, C., Santos-Moreno, A., Navarrete Gutiérrez, D. y Naranjo, E. J. (2021). Current knowledge and ecological and human impact variables involved in the distribution of the dengue virus by bats in the Americas. *Vector-Borne and Zoonotic Diseases*, 21(4), 217-231.
- Hernández-Rodríguez, J. L., Pérez-Pacheco, R., Vásquez-López, A., Mejenes-Hernández, M. C., Granados-Echegoyen, C. A., Arcos-Córdova, I. D. R., ... y Huerta, H. (2020). Asian Tiger Mosquito in Yucatan Peninsula: First Record of *Aedes (Stegomyia) albopictus* (Diptera: Culicidae) in Campeche, Mexico. *Journal of Medical Entomology*, 57(6), 2022-2024.



Hilgenfeld, R. y Vasudevan, S. G. (Eds.). (2018). *Dengue and Zika: control and antiviral treatment strategies* (Vol. 1062). Springer.

Hill, N. J., Takekawa, J. Y., Ackerman, J. T., Hobson, K. A., Herring, G., Cardona, C. J., ... y Boyce, W. M. (2012). Migration strategy affects avian influenza dynamics in mallards (*Anas platyrhynchos*). *Molecular Ecology*, 21(24), 5986-5999.

Hinshaw, V. S., Webster, R. G. y Turner, B. (1979). Water-borne transmission of influenza A viruses?. *Intervirology*, 11(1), 66-68.

Hubálek, Z. (2003). Emerging human infectious diseases: anthroponoses, zoonoses, and sapronoses. *Emerging Infectious Diseases*, 9(3), 403.

Ibañez-Bernal, S. y Dantes, H. G. (1995). Los vectores del dengue en México: una revisión crítica. *Salud Pública de México*, 37.

Ibarra-Cerdeña, C. N., Sánchez-Cordero, V., Peterson, A. T., y Ramsey, J. M. (2009). Ecology of north american triatominae. *Acta Tropica*, 110(2-3), 178-186.

Iloldi-Rangel, P., Rivaldi, C. L., Sissel, B., Trout Fryxell, R., Gordillo-Pérez, G., Rodríguez-Moreno, A., ... y Sarkar, S. (2012). Species distribution models and ecological suitability analysis for potential tick vectors of Lyme disease in Mexico. *Journal of Tropical Medicine*, 2012.

Instituto Nacional de Salud Pública (INSP). (2020). Glosario epidemiológico. Recuperado de <https://www.insp.mx/nuevo-coronavirus-2019/glosario-epidemiologico.html>.

Janssen, N., Fernandez-Salas, I., Díaz González, E. E., Gaytan-Burns, A., Medina-de la Garza, C. E., Sanchez-Casas, R. M., ... y Jöst, H. (2015). Mammalophilic feeding behaviour of *Culex quinquefasciatus* mosquitoes collected in the cities of Chetumal and Cancun, Yucatan Peninsula, Mexico. *Tropical Medicine & International Health*, 20(11), 1488-1491.

Jaramillo-Reyna, E., Almazán-Marín, C., de la O-Cavazos, M. E., Valdéz-Leal, R., Bañuelos-Álvarez, A. H., Zúñiga-Ramos, M. A., ... y Aréchiga-Ceballos, N. (2020). Public Veterinary Medicine: Public Health Rabies virus variants identified in Nuevo Leon State, Mexico, from 2008 to 2015. *Journal of the American Veterinary Medical Association*, 256(4), 438-443.

Jiménez-Coello, M., Acosta-Viana, K., Guzmán-Marín, E., Bárcenas-Irabién, A. y Ortega-Pacheco, A. (2015). American trypanosomiasis and associated risk factors in owned dogs from the major city of Yucatan, México. *Journal of Venomous Animals and Toxins including Tropical Diseases*, 21(1), 1-4.

Jiménez-Coello, M., Acosta-Viana, K. Y., Guzman-Marin, E., y Ortega-Pacheco, A. (2012). American Trypanosomiasis Infection in Fattening Pigs from the South-East of Mexico. *Zoonoses and Public Health*, 59, 166-169.

Johnson, B. W., Kosoy, O., Wang, E., Delorey, M., Russell, B., Bowen, R. A. y Weaver, S. C. (2011). Use of sindbis/eastern equine encephalitis chimeric viruses in plaque reduction neutralization tests for arboviral disease diagnostics. *Clinical and Vaccine Immunology*, 18(9), 1486-1491.

Khalil, H., Ecke, F., Evander, M., Magnusson, M. y Hörnfeldt, B. (2016). Declining ecosystem health and the dilution effect. *Scientific Reports*, 6(1), 1-11.

Kim, Y. C., López-Camacho, C., García-Larragoiti, N., Cano-Méndez, A., Hernández-Flores, K. G., Domínguez-Alemán, C. A., ... y Reyes-Sandoval, A. (2019). Development of an E2 ELISA methodology to assess chikungunya seroprevalence in patients from an endemic region of Mexico. *Viruses*, 11(5), 407.

Knipe, D. M., Fields, B. N. y Howley, P. M. (2013). *Fields Virology*. USA: Wolters Kluwer Health/Lippincott Williams y Wilkins.

Kohrt, B., Hadley, C. y Hruschka, D. (2009). Culture and epidemiology special issue: Towards an integrated study of culture and population health.

Kraemer, M. U., Reiner, R. C., Brady, O. J., Messina, J. P., Gilbert, M., Pigott, D. M., ... y Golding, N. (2019). Past and future spread of the arbovirus vectors *Aedes aegypti* and *Aedes albopictus*. *Nature Microbiology*, 4(5), 854-863.

Kraemer, M. U., Sinka, M. E., Duda, K. A., Mylne, A. Q., Shearer, F. M., Barker, C. M., ... y Hay, S. I. (2015). The global distribution of the arbovirus vectors *Aedes aegypti* and *Ae. albopictus*. *eLife*, 4, e08347.

Kuno, G. y Chang, G. J. (2007). Full-length sequencing and genomic characterization of Bagaza, Kedougou, and Zika viruses. *Archives of Virology*, 152(4), 687-696.

Lee, D. N., Papeş, M. y Van Den Bussche, R. A. (2012). Present and potential future distribution of common vampire bats in the Americas and the associated risk to cattle. *PLoS One*, 7(8), e42466.

León-Cortés, J. L., Velasco, A. G., Pérez, H. J. S., Leal, G. y Infante, F. (2018). La salud ambiental: algunas reflexiones en torno a la biodiversidad y al cambio climático. *Enfermedades Emergentes*, 17(1), 26-36

Li, Y. T., Linster, M., Mendenhall, I. H., Su, Y. C. y Smith, G. J. (2019). Avian influenza viruses in humans: lessons from past outbreaks. *British Medical Bulletin*, 132(1), 81-95.

Longoni, S. S., López-Céspedes, A., Sánchez-Moreno, M., Bolio-González, M. E., Sauri-Arceo, C. H., Rodríguez-Vivas, R. I. y Marín, C. (2012). Detection of different *Leishmania spp.* and *Trypanosoma cruzi* antibodies in cats from the Yucatan Peninsula (Mexico) using an iron superoxide dismutase excreted as antigen. *Comparative Immunology, Microbiology and Infectious Diseases*, 35(5), 469-476.

López-Cárdenas, J., Bravo, F. E. G., Schettino, P. M. S., Solorzano, J. C. G., Barba, E. R., Mendez, J. M., ... y Ramsey, J. M. (2005). Fine-scale predictions of distributions of Chagas disease vectors in the state of Guanajuato, Mexico. *Journal of Medical Entomology*, 42(6), 1068-1081.

López-Céspedes, A., Longoni, S. S., Sauri-Arceo, C. H., Rodríguez-Vivas, R. I., Villegas, N., Escobedo-Ortegón, J., ... y Marin, C. (2013). Seroprevalence of antibodies against the excreted antigen superoxide dismutase by *Trypanosoma cruzi* in dogs from the Yucatan Peninsula (México). *Zoonoses and Public Health*, 60(4), 277-283.



- López-Céspedes, A., Longoni, S. S., Sauri-Arceo, C. H., Sánchez-Moreno, M., Rodríguez-Vivas, R. I., Escobedo-Ortegón, F. J., ... y Marín, C. (2012). *Leishmania spp.* epidemiology of canine leishmaniasis in the Yucatan Peninsula. *The Scientific World Journal*, 2012.
- López-Martínez, I., Balish, A., Barrera-Badillo, G., Jones, J., Nuñez-García, T. E., Jang, Y., ... y Díaz-Quiñónez, J. A. (2013). Highly pathogenic avian influenza A (H7N3) virus in poultry workers, Mexico, 2012. *Emerging Infectious Diseases*, 19(9), 1531.
- Lozano-Sardaneta, Y. N., Paternina, L. E., Sánchez-Montes, S., Quintero, A., Ibañez-Bernal, S., Sánchez-Cordero, V., ... y Becker, I. (2020b). DNA barcoding and fauna of phlebotomine sand flies (Diptera: *Psychodidae*: *Phlebotominae*) from Los Tuxtlas, Veracruz, Mexico. *Acta Tropica*, 201, 105220.
- Lozano-Sardaneta, Y. N., Sánchez-Montes, S., Sánchez-Cordero, V., Becker, I. y Paternina, L. E. (2020). Molecular detection of *Leishmania infantum* in sand flies (Diptera: *Psychodidae*: *Phlebotominae*) from Veracruz, Mexico. *Acta Tropica*, 207, 105492.
- Lu, L., Lycett, S. J. y Brown, A. J. L. (2014). Determining the phylogenetic and phylogeographic origin of highly pathogenic avian influenza (H7N3) in Mexico. *PLoS One*, 9(9), e107330.
- Lucas, C. H., Pino, F. V., Baer, G., Morales, P. K., Cedillo, V. G., Blanco, M. A. y Avila, M. H. (2008). Rabies control in Mexico. *Developments in Biologicals*, 131, 167-175.
- Ma, X., Monroe, B. P., Cleaton, J. M., Orciari, L. A., Gigante, C. M., Kirby, J. D., ... y Wallace, R. M. (2020). Public Veterinary Medicine: Public Health: Rabies surveillance in the United States during 2018. *Journal of the American Veterinary Medical Association*, 256(2), 195-208.
- Machain-Williams, C., López-Urbe, M., Talavera-Aguilar, L., Carrillo-Navarrete, J., Vera-Escalante, L., Puerto-Manzano, F., ... y Loroño-Pino, M. A. (2013). Serologic evidence of flavivirus infection in bats in the Yucatan Peninsula of Mexico. *Journal of Wildlife Diseases*, 49(3), 684-689.
- Main, B. J., Nicholson, J., Winokur, O. C., Steiner, C., Riemersma, K. K., Stuart, J., ... y Coffey, L. L. (2018). Vector competence of *Aedes aegypti*, *Culex tarsalis*, and *Culex quinquefasciatus* from California for Zika virus. *PLoS Neglected Tropical Diseases*, 12(6), e0006524.
- Mansuy, J. M., Dutertre, M., Mengelle, C., Fourcade, C., Marchou, B., Delobel, P., ... y Martin-Blondel, G. (2016). Zika virus: high infectious viral load in semen, a new sexually transmitted pathogen?. *The Lancet Infectious Diseases*, 16(4), 405.
- Margos, G., Gofton, A., Wibberg, D., Dangel, A., Marosevic, D., Loh, S. M., ... y Fingerle, V. (2018). The genus *Borrelia* reloaded. *PLoS One*, 13(12), e0208432.
- Martínez Abreu, J., Iglesias Durruthy, M., Pérez Martínez, A., Curbeira Hernández, E., & Sánchez Barrera, O. (2014). Salud ambiental, evolución histórica conceptual y principales áreas básicas. *Revista Cubana de Salud Pública*, 40(4), 403-411.

- Martínez-Estévez, L., Balvanera, P., Pacheco, J. y Ceballos, G. (2013). Prairie dog decline reduces the supply of ecosystem services and leads to desertification of semiarid grasslands. *PLoS One*, 8(10), e75229.
- Martínez-Ibarra, J. A., Bárcenas-Ortega, N. M., Nogueta-Torres, B., Alejandre-Aguilar, R., Lino Rodríguez, M., Magallón-Gastélum, E., ... y Romero-Nápoles, J. (2001). Role of two *Triatoma* (Hemiptera: Reduviidae: Triatominae) species in the transmission of *Trypanosoma cruzi* (Kinetoplastida: Trypanosomatidae) to man in the west coast of Mexico. *Memórias do Instituto Oswaldo Cruz*, 96(2), 141-144.
- Martínez-Ibarra, J. A., Grant-Guillén, Y., Morales-Corona, Z. Y., Haro-Rodríguez, S., Ventura-Rodríguez, L. V., Nogueta-Torres, B. y Bustos-Saldaña, R. (2014). Importance of species of *Triatominae* (Heteroptera: Reduviidae) in risk of transmission of *Trypanosoma cruzi* in western Mexico. *Journal of Medical Entomology*, 45(3), 476-482.
- Martínez-Ortiz, D., Torres-Castro, M., Koyoc-Cardeña, E., López, K., Panti-May, A., Rodríguez-Vivas, I., ... y Manrique-Saide, P. (2016). Detección molecular de *Rickettsia typhi* en perros de una comunidad rural de Yucatán, México. *Biomédica*, 36(1), 45-50.
- Martínez, E. A. A. (2020). Vampire bat reservoir and main transmitter of rabies, a public health problem in Mexico. *Mexican Journal of Medical Research ICSA*, 8(15), 29-36.
- Martínez, F. V., Guerrero, E. T., Arenas, R. y Cedillo, M. Q. (2011). Leishmaniasis en México. *Medicina Cutánea Ibero-Latino-Americana*, 39(4), 163-183.
- Mavromatis, K., Doyle, C. K., Lykidis, A., Ivanova, N., Francino, M. P., Chain, P. y Kyrpidis, N. C. (2006). The genome of the obligately intracellular bacterium *Ehrlichia canis* reveals themes of complex membrane structure and immune evasion strategies. *Journal of Bacteriology*, 188(11), 4015-4023.
- McLeod, M. P., Qin, X., Karpathy, S. E., Gioia, J., Highlander, S. K., Fox, G. E., ... y Weinstock, G. M. (2004). Complete genome sequence of *Rickettsia typhi* and comparison with sequences of other rickettsiae. *Journal of Bacteriology*, 186(17), 5842-5855.
- Medone, P., y Hernández-Suárez, C. M. (2019). Swimming mosquitoes: a key stepping stone to prevent Dengue, Zika and Chikungunya: an educative experience in Colima, Mexico. *Health Education Research*, 34(4), 389-399.
- Méndez-Lozano, M., Rodríguez-Reyes, E. J. y Sánchez-Zamorano, L. M. (2015). Brucellosis, una zoonosis presente en la población: estudio de series de tiempo en México. *Salud Pública de México*, 57(6), 519-527.
- Meyers, A. C., Meinders, M. y Hamer, S. A. (2017). Widespread *Trypanosoma cruzi* infection in government working dogs along the Texas-Mexico border: Discordant serology, parasite genotyping and associated vectors. *PLoS Neglected Tropical Diseases*, 11(8), e0005819.
- Miles, M. A., Feliciangeli, M. D. y Arias, A. R. (2003). American trypanosomiasis (Chagas' disease) and the role of molecular epidemiology in guiding control strategies. *BMJ*, 326(7404), 1444-1448.



- Monsalve, S., Mattar, S. y González, M. (2009). Zoonosis transmitidas por animales silvestres y su impacto en las enfermedades emergentes y reemergentes. *Revista MVZ Córdoba*, 14(2).
- Montalvo-Corral, M., López-Robles, G. y Hernández, J. (2011). Avian influenza survey in migrating waterfowl in Sonora, Mexico. *Transboundary and Emerging Diseases*, 58(1), 63-68.
- Moo-Llanes, D., Ibarra-Cerdeña, C. N., Rebollar-Téllez, E. A., Ibáñez-Bernal, S., González, C. y Ramsey, J. M. (2013). Current and future niche of North and Central American sand flies (Diptera: Psychodidae) in climate change scenarios. *PLoS Negl Trop Dis*, 7(9), e2421.
- Moo-Millan, J. I., Arnal, A., Pérez-Carrillo, S., Hernandez-Andrade, A., Ramírez-Sierra, M. J., Rosado-Vallado, M., ... y Waleckx, E. (2019). Disentangling *Trypanosoma cruzi* transmission cycle dynamics through the identification of blood meal sources of natural populations of *Triatoma dimidiata* in Yucatán, Mexico. *Parasites & Vectors*, 12(1), 1-11.
- Morales, A. A. y Méndez, A. (2013). Las encefalitis esquinas: una revisión. *Revista del Instituto Nacional de Higiene Rafael Rangel*, 44(2), 51-60.
- Morales-Díaz, J., Colunga-Salas, P., Romero-Salas, D., Sánchez-Montes, S., Estrada-Souza, I. M., Ochoa-Ochoa, L. M., ... y Cruz-Romero, A. (2020). Molecular detection of reptile-associated *Borrelia* in *Boa constrictor* (Squamata: Boidae) from Veracruz, Mexico. *Acta Tropica*, 205, 105422.
- Musso, D. y Gubler, D. J. (2016). Zika virus. *Clinical Microbiology Reviews*, 29(3), 487-524.
- Nadin-Davis, S. A. y Loza-Rubio, E. (2006). The molecular epidemiology of rabies associated with chiropteran hosts in Mexico. *Virus Research*, 117(2), 215-226.
- Namihira-Guerrero, D., Namihira-Guerrero, R., Gallardo-Namihira, H. y Meneses-Namihira, D. (2020). Glosario Epidemiológico 2020 para entender la pandemia de COVID-19. Recuperado de https://www.uv.mx/plandecontingencia/files/2020/05/Glosario_Epidemiologico_90520.pdf.
- Narro-Robles, J. y Gómez-Dantés, H. (s.f.). El dengue en México: un problema prioritario de salud pública. <https://www.saludpublica.mx/index.php/spm/article/view/4560/5012>
- Nava-Frías, M., Searcy-Pavía, R. E., Juárez-Contreras, C. A. y Valencia-Bautista, A. (2016). Chikungunya fever: current status in Mexico. *Boletín Médico del Hospital Infantil de México (English Edition)*, 73(2), 67-74.
- Ochoa-Díaz, Y. O., López-Moreno, C. Y., Rendón-Maldonado, J. G. y López-Moreno, H. S. (2012). Molecular diagnosis of *Leishmania mexicana* in a cutaneous leishmaniasis case in Sinaloa, Mexico. *Vector-Borne and Zoonotic Diseases*, 12(1), 78-80.
- Organización para la Cooperación y el Desarrollo Económicos (OCDE). (2020). *Tackling Coronavirus (COVID-19): Contributing to a Global Effort*.

- Organización Mundial de la Salud (OMS). (1958). Informe de la Primera Reunión Comité Mixto OMS/FAO de Expertos en las Zoonosis. Tuberculosis Bovina-Fiebre Q-Carhunco Psitacosis-Hisatidosis. *Serie de informes técnicos No. 40. Ginebra*. Recuperado de <https://iris.paho.org/bitstream/handle/10665.2/1317/42166.pdf?sequence=1&isAllowed=y>
- Organización Mundial de la Salud (OMS). (1957). Informe Grupo Consultivo sobre Veterinaria de Salud Pública. *Serie de informes técnicos No. 111. Ginebra*. Recuperado de https://apps.who.int/iris/bitstream/handle/10665/38379/WHO_TRS_111_spa.pdf?sequence=1&isAllowed=y
- Organización Mundial de la Salud (OMS). (1959). Segundo Informe Comité Mixto OMS/FAO de Expertos en las Zoonosis. *Serie de informes técnicos No. 169. Ginebra*. Recuperado de https://apps.who.int/iris/bitstream/handle/10665/37471/WHO_TRS_169_spa.pdf?sequence=1&isAllowed=y
- Organización Panamericana de la Salud (OPS). (2001). Módulos de principios de epidemiología para el control de enfermedades (MOPECE). Recuperado de <https://www.paho.org/col/dmdocuments/MOPECE1.pdf>.
- Organización Panamericana de la Salud (OPS). (2020). COVID-19. Glosario sobre brotes y epidemias. Un recurso para periodistas y comunicadores. Recuperado de <https://www.paho.org/es/file/64120/download?token=M2LXE-K4>.
- Ortega Uribe, T., Mastrangelo, M. E., Villarroel Torrez, D., Piaz, A. G., Vallejos, M., Saenz Ceja, J. E., ... y Maass, M. (2014). Estudios transdisciplinarios en socio-ecosistemas: Reflexiones teóricas y su aplicación en contextos latinoamericanos. *Investigación Ambiental*, 6(2).
- Pappaioanou, M. y Gramer, M. (2010). Lessons from pandemic H1N1 2009 to improve prevention, detection, and response to influenza pandemics from a One Health perspective. *ILAR Journal*, 51(3), 268-280.
- Parkhill, J., Wren, B. W., Thomson, N. R., Titball, R. W., Holden, M. T. G., Prentice, M. B., ... y Barrell, B. G. (2001). Genome sequence of *Yersinia pestis*, the causative agent of plague. *Nature*, 413(6855), 523-527.
- Parrish, J. D., Braun, D. P. y Unnasch, R. S. (2003). Are we conserving what we say we are? Measuring ecological integrity within protected areas. *BioScience*, 53(9), 851-860.
- Pat-Nah, H., Rodríguez-Vivas, R. I., Bolio-González, M. E., Villegas-Pérez, S. L. y Reyes-Novelo, E. (2015). Molecular diagnosis of *Ehrlichia canis* in dogs and ticks *Rhipicephalus sanguineus* (Acari: Ixodidae) in Yucatan, Mexico. *Journal of Medical Entomology*, 52(1), 101-104.
- Patiño-Barbosa, A. M., Medina, I., Gil-Restrepo, A. F. y Rodríguez-Morales, A. J. (2015). Zika: another sexually transmitted infection?. *Sexually Transmitted Infections*, 91(5), 359-359.
- Pech-May, A., Escobedo-Ortegón, F. J., Berzunza-Cruz, M. y Rebollar-Téllez, E. A. (2010). Incrimination of four sandfly species previously unrecognized as vectors of *Leishmania* parasites in Mexico. *Medical and Veterinary Entomology*, 24(2), 150-161.



Pech-May, A., Moo-Llanes, D. A., Puerto-Avila, M. B., Casas, M., Danis-Lozano, R., Ponce, G., ... y Ramsey, J. M. (2016). Population genetics and ecological niche of invasive *Aedes albopictus* in Mexico. *Acta Tropica*, 157, 30-41.

Peniche-Lara, G., Dzul-Rosado, K., Perez-Osorio, C. y Zavala-Castro, J. (2015). *Rickettsia typhi* in rodents and *R. felis* in fleas in Yucatán as a possible causal agent of undefined febrile cases. *Revista do Instituto de Medicina Tropical de São Paulo*, 57, 129-132.

Perry, R. D., Y Fetherston, J. D. (1997). *Yersinia pestis*--etiologic agent of plague. *Clinical Microbiology Reviews*, 10(1), 35-66.

Peterson, A. T., Sánchez-Cordero, V., Beard, C. B. y Ramsey, J. M. (2002). Ecologic niche modeling and potential reservoirs for Chagas disease, Mexico. *Emerging Infectious Diseases*, 8(7), 662.

Quijano-Hernández, I. A., Castro-Barcena, A., Barbabosa-Pliego, A., Ochoa-García, L., Ángel-Caraza, D. y Vázquez-Chagoyán, J. C. (2012). Seroprevalence survey of American trypanosomiasis in Central Valley of Toluca. *The Scientific World Journal*, 2012.

Qureshi, A. I. y Saeed, O. (Eds.). (2019). *Dengue Virus Disease: From Origin to Outbreak*. Academic Press.

Ragan, I. K., Blizzard, E. L., Gordy, P. y Bowen, R. A. (2017). Investigating the potential role of North American animals as hosts for Zika virus. *Vector-Borne and Zoonotic Diseases*, 17(3), 161-164.

Ramsey, J. M., Ordoñez, R., Cruz-Celis, A., Alvear, A. L., Chavez, V., Lopez, R., ... y Carrillo, S. (2000). Distribution of domestic Triatominae and stratification of Chagas disease transmission in Oaxaca, Mexico. *Medical and Veterinary Entomology*, 14(1), 19-30.

Ramsey, J., Gutiérrez-Cabrera, A. E., Salgado-Ramírez, L., Peterson, A.T., Sánchez-Cordero V., et al. (2012). Ecological connectivity of *Trypanosoma cruzi* reservoirs and *Triatoma pallidipennis* hosts in an anthropogenic landscape with endemic Chagas disease. *PLoS One*, 7(9) Article Number: e46013. doi:10.1371/journal.pone.0046013.

Raulino, R., Thaurignac, G., Butel, C., Villabona-Arenas, C. J., Foe, T., Loul, S., ... y Ayoub, A. (2021). Multiplex detection of antibodies to Chikungunya, O'nyong-nyong, Zika, Dengue, West Nile and Usutu viruses in diverse non-human primate species from Cameroon and the Democratic Republic of Congo. *PLoS Neglected Tropical Diseases*, 15(1), e0009028.

Rivera-Ávila, R. C. (2014). Chikungunya fever in Mexico: confirmed case and notes on the epidemiologic response. *Salud Pública de México*, 56(4), 402-404.

Rodríguez-Rojas, J. J., Rodríguez-Moreno, Á., Berzunza-Cruz, M., Gutiérrez-Granados, G., Becker, I., Sánchez-Cordero, V., ... y Rebollar-Téllez, E. A. (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.

Rodríguez-Rojas, J. J., Rodríguez-Moreno, Á., Sánchez-Casas, R. M., y Hernández-Escareño, J. J. (2020). Molecular Detection of *Leptospira interrogans* and *Borrelia burgdorferi* in Wild Rodents from Mexico. *Vector-Borne and Zoonotic Diseases*, 20(11), 860-863.

Rodríguez-Vivas, R. I., Albornoz, R. E. F. y Bolio, G. M. E. (2005). *Ehrlichia canis* in dogs in Yucatan, Mexico: seroprevalence, prevalence of infection and associated factors. *Veterinary Parasitology*, 127(1), 75-79.

Rovirosa-Hernández, M. D. J., Cortes-Ortíz, L., García-Orduña, F., Guzmán-Gómez, D., López-Monteon, A., Caba, M. y Ramos-Ligonio, A. (2013). Seroprevalence of *Trypanosoma cruzi* and *Leishmania mexicana* in Free-Ranging Howler Monkeys in Southeastern Mexico. *American Journal of Primatology*, 75(2), 161-169.

Saiyasombat, R., Dorman, K. S., Garcia-Rejon, J. E., Loroño-Pino, M. A., Farfan-Ale, J. A., y Blitvich, B. J. (2010). Isolation and sequence analysis of *Culex flavivirus* from *Culex interrogator* and *Culex quinquefasciatus* in the Yucatan Peninsula of Mexico. *Archives of Virology*, 155(6), 983-986.

Salas-Rojas, M., Sánchez-Hernández, C., Romero-Almaraz, M. D. L., Schnell, G. D., Schmid, R. K. y Aguilar-Setién, A. (2004). Prevalence of rabies and LPM paramyxovirus antibody in non-hematophagous bats captured in the Central Pacific coast of Mexico. *Transactions of the Royal Society of Tropical Medicine and Hygiene*, 98(10), 577-584.

Salazar-Schettino, P. M., Rojas-Wastavino, G. E., Cabrera-Bravo, M., Bucio-Torres, M. I., Martínez-Ibarra, J. A., Monroy-Escobar, M. C., ... y Torres-Gutiérrez, E. (2010). A revision of thirteen species of Triatominae (Hemiptera: Reduviidae) vectors of Chagas disease in Mexico. *Journal of the Selva Andina Research Society*, 1(1), 57-80.

Sánchez-Cordero, V. (2010). El siguiente reto: la conservación fuera de las áreas protegidas. *Therya*, 1(2):95-96.

Sánchez-García, L., Berzunza-Cruz, M., Becker-Fauser, I. y Rebollar-Téllez, E. A. (2010). Sand flies naturally infected by *Leishmania (L.) mexicana* in the peri-urban area of Chetumal city, Quintana Roo, México. *Transactions of the Royal Society of Tropical Medicine and Hygiene*, 104(6), 406-411.

Sánchez-Montes, S., Colunga-Salas, P., Fernández-Figueroa, E. A., Medel, M. L. H., Benítez, C. R. y Becker, I. (2019). Murine typhus in Mexico City: report of an imported case. *Revista do Instituto de Medicina Tropical de São Paulo*, 61.

Santoyo-Colín, V., Sánchez-Montes, S., Salceda-Sánchez, B., Huerta-Jiménez, H., Alcántara-Rodríguez, V., Becker, I., ... y López-Pérez, A. M. (2021). Urban foci of murine typhus involving cat fleas (*Ctenocephalides felis felis*) collected from opossums in Mexico City. *Zoonoses and Public Health*, 68(1), 1-7.

Schmidt, K. A. y Ostfeld, R. S. (2001). Biodiversity and the dilution effect in disease ecology. *Ecology*, 82(3), 609-619.

Schmitt, S., Pouteau, R., Justeau, D., de Boissieu, F. y Birnbaum, P. (2017). SSDM: An R package to predict distribution of species richness and composition based on stacked species distribution models. *Methods in Ecology and Evolution*, 8(12), 1795-1803.



Schwartz, O. y Albert, M. L. (2010). Biology and pathogenesis of chikungunya virus. *Nature Reviews Microbiology*, 8(7), 491-500.

Secretaría de Salud. (2020). Anuario de Morbilidad 1984-2019. Glosario. Recuperado de <https://epidemiologia.salud.gob.mx/anuario/html/glosario.html>.

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/Manual_de_Procedimientos_para_la_Enfermedad_de_Chagas_en_Mexico.pdf

Secretaría de Salud. (2020). *Manual de procedimientos estandarizados para la vigilancia epidemiológica de las enfermedades transmitidas por vector (ETV)*. Recuperado de: https://epidemiologia.salud.gob.mx/gobmx/salud/documentos/manuales/36_Manual_ETV.pdf.

Secretaría de Salud. (2021). *Boletín Epidemiológico Sistema Nacional de Vigilancia Epidemiológica Sistema Único de Información*. Semana 53, 2020. Recuperado de <https://www.gob.mx/cms/uploads/attachment/file/614743/sem53.pdf>

SEMARNAT, CONABIO, CONAFOR y CONANP. (2017). *Visión Nacional de Manejo Integrado del Paisaje y Conectividad*. México. Recuperado de <https://www.biodiversidad.gob.mx/corredor/cobioered/images/2016/VNMIPVersionFINAL.pdf>.

Servicio Nacional de Sanidad, Inocuidad y Calidad Alimentaria (2021). *Situación actual por estado y municipio de las enfermedades y plagas bajo campaña*. Recuperado de <https://datos.gob.mx/busca/dataset/situacion-zoosanitaria-en-los-estados-de-la-republica-mexicana>.

Senne, D. A. (2010). Avian influenza in north and South America, the Caribbean, and Australia, 2006–2008. *Avian diseases*, 54(s1), 179-186.

Sistema Nacional de Vigilancia Epidemiológica (SINAVE). (2016). Vigilancia Epidemiológica Semana 52, 2015. *Boletín Epidemiológico*, 52(32).

Sistema Nacional de Vigilancia Epidemiológica (SINAVE). (2021). Sistema de vigilancia epidemiológica de fiebre Chikungunya. *Casos confirmados autóctonos de fiebre Chikungunya por entidad federativa semana epidemiológica 12, 2021*. México.

Sistema Nacional de Vigilancia Epidemiológica (SINAVE). (2021b). Casos por entidad federativa de Enfermedades Transmitidas por Vector: Dengue. *Vigilancia Epidemiológica Semana 53, 2020*. México.

Sistema Nacional de Vigilancia Epidemiológica (SINAVE). (2021c). Casos por entidad federativa de Enfermedades Transmitidas por Vector: Zika. *Vigilancia Epidemiológica Semana 53, 2020*. México.

Singh, R. K., Dhama, K., Malik, Y. S., Ramakrishnan, M. A., Karthik, K., Tiwari, R., ... y Joshi, S. K. (2016). Zika virus—emergence, evolution, pathology, diagnosis, and control: current global scenario and future perspectives—a comprehensive review. *Veterinary Quarterly*, 36(3), 150-175.

Skaff, N. K., Armstrong, P. M., Andreadis, T. G. y Cheruvelil, K. S. (2017). Wetland characteristics linked to broad-scale patterns in *Culiseta melanura* abundance and eastern equine encephalitis virus infection. *Parasites & Vectors*, 10(1), 1-16.

Sotomayor-Bonilla, J., Chaves, A., Rico-Chávez, O., Rostal, M. K., Ojeda-Flores, R., Salas-Rojas, M., ... y Suzán, G. (2014). Dengue virus in bats from southeastern Mexico. *The American Journal of Tropical Medicine and Hygiene*, 91(1), 129-131.

Sotomayor-Bonilla, J., García-Suárez, O., Cigarroa-Toledo, N., Cetina-Trejo, R. C., Espinosa-García, A. C., Sarmiento-Silva, R. E., ... y Suzán, G. (2018). Survey of mosquito-borne flaviviruses in the Cuitzmala River Basin, Mexico: do they circulate in rodents and bats?. *Tropical Medicine and Health*, 46(1), 1-5.

Spackman, E. (Ed.). (2008). *Avian influenza virus* (Vol. 436). Humana Press.

Spackman, E. (Ed.). (2020). *Animal Influenza Virus: Methods and Protocols*. Humana Press.

Spickler, A. R., Roth, J. A., Galyon, J., Lofstedt, J. y Lenardón, M. V. (2011). *Enfermedades emergentes y exóticas de los animales*. CFSPH Iowa State University.

Stephens, C. R., González-Salazar, C., Sánchez-Cordero, V., Becker, I., Rebollar-Téllez, E., Rodríguez-Moreno, Á., ... y Ramírez Martínez, M. M. (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), e0005004.

Telleria, J., y Tibayrenc, M. (Eds.). (2017). *American trypanosomiasis Chagas disease: one hundred years of research*. Elsevier.

Terraube, J. y Fernández-Llamazares A. (2020). Strengthening protected areas to halt biodiversity loss and mitigate pandemic risks. *Current Opinion in Environmental Sustainability*, 46, 35-38.

Thuiller, W., Lavorel, S., Araújo, M. B., Sykes, M. T. y Prentice, I. C. (2005). Climate change threats to plant diversity in Europe. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 102(23), 8245-8250.

Title, P. O. y Bemmels, J. B. (2018). ENVIREM: an expanded set of bioclimatic and topographic variables increases flexibility and improves performance of ecological niche modeling. *Ecography*, 41(2), 291-307.

Tongthainan, D., Mongkol, N., Jiamsomboon, K., Suthisawat, S., Sanyathitiseree, P., Sukmak, M., ... y Boonnak, K. (2020). Seroprevalence of Dengue, Zika, and Chikungunya Viruses in Wild Monkeys in Thailand. *The American Journal of Tropical Medicine and Hygiene*, 103(3), 1228-1233.

Torres-Galicia, I., Cortés-Poza, D. y Becker, I. (2014). Dengue en México: análisis de dos décadas. *Gaceta Médica de México*, 150(2), 122-127.



Torres-Castro, M., Reyes-Novelo, E., Noh-Pech, H., Tello-Martín, R., Lugo-Caballero, C., Dzul-Rosado, K., ... y Rodríguez-Vivas, R. I. (2020). Personal and household factors involved in recent Rickettsia exposure in a rural population from Yucatan, Mexico. *Zoonoses and Public Health*, 67(5), 506-515.

Trovão, N. S., Talavera, G. A., Nelson, M. I. y Pérez de la Rosa, J. D. (2020). Evolution of highly pathogenic H7N3 avian influenza viruses in Mexico. *Zoonoses and Public Health*, 67(3), 318-323.

Varela, G. y Vásquez, A. (1954). Hallazgo de la peste selvática en la república Mexicana. Infección natural del *Cynomys mexicanus* (perros llaneros) con *Pasteurella pestis*. *Revista del Instituto de Salubridad y Enfermedades Tropicales*, 14, 219-223.

Vega Aragón, R. L. (2009). Zoonosis emergentes y reemergentes y principios básicos de control de zoonosis. *Revista de Medicina Veterinaria*, (17), 85-97. Recuperado de http://www.scielo.org.co/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0122-93542009000100008&lng=en&tng=es.

Velasco-Villa, A., Escobar, L. E., Sanchez, A., Shi, M., Streicker, D. G., Gallardo-Romero, N. F., ... y Emerson, G. (2017). Successful strategies implemented towards the elimination of canine rabies in the Western Hemisphere. *Antiviral Research*, 143, 1-12.

Villamil Jiménez, L. C. (2015). Una salud: estrategia para la docencia y la investigación interdisciplinar. *Revista de la Universidad de La Salle*, 2015(68), 191-213.

Villari, P., Spielman, A., Komar, N., McDowell, M. y Timperi, R. J. (1995). The economic burden imposed by a residual case of eastern encephalitis. *The American Journal of Tropical Medicine and Hygiene*, 52(1), 8-13.

Weaver, S. C. (2001). *Eastern equine encephalitis. The encyclopedia of arthropod-transmitted infections*. CAB International.

Weaver, S. C. y Barrett, A. D. (2004). Transmission cycles, host range, evolution and emergence of arboviral disease. *Nature Reviews Microbiology*, 2(10), 789-801.

Weaver, S. C., Salas, R., Rico-Hesse, R., Ludwig, G. V., Oberste, M. S., Boshell, J., ... y VEE Study Group. (1996). Re-emergence of epidemic Venezuelan equine encephalomyelitis in South America. *The Lancet*, 348(9025), 436-440.

Webster, R. G., Bean, W. J., Gorman, O. T., Chambers, T. M. y Kawaoka, Y. (1992). Evolution and ecology of influenza A viruses. *Microbiology and Molecular Biology Reviews*, 56(1), 152-179.

Weiss, M. G. (2017). The promise of cultural epidemiology. *Taiwanese Journal of Psychiatry (Taipei) Vol*, 31(1)

World Resources Institute (WRI) (2003). *Ecosistemas y Bienestar Humano: Marco para la Evaluación. Resumen*. Recuperado de <https://millenniumassessment.org/documents/document.3.aspx.pdf>.

Worsley-Tonks, K. E., Escobar, L. E., Biek, R., Castaneda-Guzman, M., Craft, M. E., Streicker, D. G., ... y Fountain-Jones, N. M. (2020). Using host traits to predict reservoir host species of rabies virus. *PLoS Neglected Tropical Diseases*, 14(12), e0008940.

Whittaker, M., Zinsstag, J., Schelling, E., Waltner-Toews, D., & Tanner, M. (2015). The role of social sciences. En Zinsstag, J., Schelling, E., Crump, L., Whittaker, M., Tanner, M., & Stephen, C. (Eds.) *One Health—reciprocal benefits. One Health: the theory and practice of integrated health approaches*. CABI.

Yañez-Arenas, C., Rioja-Nieto, R., Martín, G. A., Dzul-Manzanilla, F., Chiappa-Carrara, X., Buenfil-Ávila, A., ... y Huerta, H. (2018). Characterizing environmental suitability of *Aedes albopictus* (Diptera: Culicidae) in Mexico based on regional and global niche models. *Journal of Medical Entomology*, 55(1), 69-77.

Yee, K. S., Carpenter, T. E., Farver, T. B. y Cardona, C. J. (2009). An evaluation of transmission routes for low pathogenicity avian influenza virus among chickens sold in live bird markets. *Virology*, 394(1), 19-27.

Youk, S. S., Lee, D. H., Leyson, C. M., Smith, D., Criado, M. F., DeJesus, E., ... y Pantin-Jackwood, M. J. (2019). Loss of fitness of Mexican H7N3 highly pathogenic avian influenza virus in Mallards after circulating in chickens. *Journal of Virology*, 93(14).

Zaidi, M. B., García-Cordero, J., Rivero-Gómez, R., Corzo-Gómez, J., Almeida, M. E. G., Bonilla-Moreno, R., ... y Cedillo-Barrón, L. (2018). Competitive suppression of dengue virus replication occurs in chikungunya and dengue co-infected Mexican infants. *Parasites & Vectors*, 11(1), 1-11.

Zapata-Valdés, C., Ávila-Flores, R., Gage, K., Holmes, J., Montenierra, J., Kosoy, M. y Suzán, G. (2018). Mammalian hosts, vectors, and bacterial pathogens in communities with and without black-tailed prairie dogs (*Cynomys ludovicianus*) in northwestern Mexico. *Journal of Wildlife Diseases*, 54(1), 26-33.

Zarocostas, J. (2020). How to fight an infodemic. *The Lancet*, 395(10225), 676.

Zarza, H., Martínez-Meyer, E., Suzán, G., y Ceballos, G. (2017). Geographic distribution of *Desmodus rotundus* in Mexico under current and future climate change scenarios: Implications for bovine paralytic rabies infection. *Veterinaria México*, 4(3), 1-16.

Zavala-Castro, J. E., Zavala-Velázquez, J. E. y Uicab, J. E. S. (2009). *Murine typhus* in child, Yucatan, Mexico. *Emerging infectious diseases*, 15(6), 972.

Zhu, G. P. y Peterson, A. T. (2017). Do consensus models outperform individual models? Transferability evaluations of diverse modeling approaches for an invasive moth. *Biological Invasions*, 19(9), 2519-2532.

Zingales, B., Andrade, S. G., Briones, M. R. D. S., Campbell, D. A., Chiari, E., Fernandes, O., ... y Schijman, A. G. (2009). A new consensus for *Trypanosoma cruzi* intraspecific nomenclature: second revision meeting recommends TcI to TcVI. *Memorias do Instituto Oswaldo Cruz*, 104(7), 1051-1054.



Zingales, B., Miles, M. A., Campbell, D. A., Tibayrenc, M., Macedo, A. M., Teixeira, M. M., ... y Sturm, N. R. (2012). The revised *Trypanosoma cruzi* subspecific nomenclature: rationale, epidemiological relevance and research applications. *Infection, Genetics and Evolution*, 12(2), 240-253.

Zinsstag, J., Schelling, E., Crump, L., Whittaker, M., Tanner, M. y Stephen, C. (Eds.). (2020). *One Health: the theory and practice of integrated health approaches*. CABI.

Zinsstag, J., Mackenzie, J. S., Jeggo, M., Heymann, D. L., Patz, J. A., & Daszak, P. (2012). Mainstreaming one health. *Ecohealth*, 9, 107-110.

Zinsstag, J., Schelling, E., Waltner-Toews, D., & Tanner, M. (2011). From “one medicine” to “one health” and systemic approaches to health and well-being. *Preventive Veterinary Medicine*, 101(3-4), 148-156.

