



CENTRO DE INVESTIGACIONES BIOLÓGICAS
DEL NOROESTE, S.C.

Programa de Estudios de Posgrado

**ANÁLISIS DE LA OCURRENCIA E INTERACCIÓN PATÓGENO-
AMBIENTE EN ENFERMEDADES DE MAMÍFEROS, AVES Y
REPTILES DE LAS ISLAS DEL GOLFO DE CALIFORNIA.**

T E S I S

Que para obtener el grado de

Maestro en Ciencias

Uso, Manejo y Preservación de los Recursos Naturales
(Orientación en Ecología de Zonas Áridas)

P r e s e n t a

Ricardo Augusto Rodríguez Medina

La Paz, Baja California Sur, diciembre de 2022.

ACTA DE LIBERACIÓN DE TESIS

En la Ciudad de la Paz, B. C. S., siendo las 16:00 horas del día 29 del mes de Noviembre del 2022, se procedió por los abajo firmantes, miembros de la Comisión Revisora de Tesis avalada por la Dirección de Estudios de Posgrado y Formación de Recursos Humanos del Centro de Investigaciones Biológicas del Noroeste, S. C. a liberar la Tesis de Grado titulada:

“Análisis de la ocurrencia e interacción patógeno-ambiente en enfermedades de mamífero, aves y reptiles de las Islas del Golfo de California”

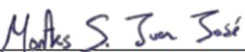
Presentada por el alumno:

Ricardo Augusto Rodríguez Medina


Aspirante al Grado de MAESTRO EN CIENCIAS EN EL USO, MANEJO Y PRESERVACIÓN DE LOS RECURSOS NATURALES CON ORIENTACIÓN EN **Ecología de Zonas Áridas.**

Después de intercambiar opiniones los miembros de la Comisión manifestaron su **APROBACIÓN DE LA TESIS**, en virtud de que satisface los requisitos señalados por las disposiciones reglamentarias vigentes.

LA COMISIÓN REVISORA



Dr. Juan José Montes Sánchez
Revisor de Tesis



Dr. Oscar Rico Chávez
Co-Tutor de Tesis



Dr. Enrique Martínez Meyer
Co-Tutor de Tesis



Dra. Gracia Alicia Gómez Anduro
Directora de Estudios de Posgrado y
Formación de Recursos Humanos

La Paz, Baja California Sur, a 29 de Noviembre de 2022.

Los miembros del comité de tesis del estudiante Ricardo Augusto Rodríguez Medina del Programa de Maestría en Ciencias en el Uso, Manejo y Preservación de los Recursos Naturales, revisamos el contenido de la tesis y otorgamos el VoBo dado que la tesis no representa un plagio de otro documento como lo muestra el reporte de similitud realizado:

- Herramienta antiplagio:
iThenticate
- Filtros utilizados:
Excluir citas y bibliografías
- Porcentajes de similitud:
Máximo 20% para tesis Posgrado
Se muestra captura de pantalla

| INFORME DE ORIGINALIDAD | | |
|-----------------------------------|--|--------------------|
| 10% INDICE DE SIMILITUD | | |
| FUENTES PRIMARIAS | | |
| 1 | cibnor.repositorioinstitucional.mx <small>Internet</small> | 314 palabras — 4% |
| 2 | www.cemda.org.mx <small>Internet</small> | 106 palabras — 1% |
| 3 | eprints.uanl.mx <small>Internet</small> | 33 palabras — < 1% |
| 4 | archive.org <small>Internet</small> | 30 palabras — < 1% |
| 5 | dof.gob.mx <small>Internet</small> | 29 palabras — < 1% |
| 6 | www.cndh.org.mx <small>Internet</small> | 26 palabras — < 1% |
| 7 | files.eric.ed.gov <small>Internet</small> | 17 palabras — < 1% |
| 8 | whc.unesco.org <small>Internet</small> | 16 palabras — < 1% |
| 9 | Armando Falcón-Brindis, Jorge L. León-Cortés, Marytania Montañez-Reyna. "How effective are conservation areas to preserve biodiversity in Mexico?", Perspectives in Ecology and Conservation, 2021 | 15 palabras — < 1% |

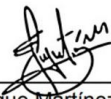
Firmas del comité



Dr. Juan José Montes Sánchez
Revisor de Tesis



Dr. Oscar Rico Chávez
Co-Tutor Tesis



Dr. Enrique Martínez Meyer
Co-Tutor Tesis

Conformación de Comités

Comité Tutorial

Dr. Ricardo Rodríguez Estrella
Centro de Investigaciones Biológicas del Noroeste, S.C.
Director de Tesis

Dr. Oscar Rico Chávez
Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia
Universidad Nacional Autónoma de México
Co-Tutor de Tesis

Dr. Enrique Martínez Meyer
Instituto de Biología
Universidad Nacional Autónoma de México
Co-Tutor de Tesis

Comité Revisor de Tesis

Dr. Juan José Montes Sánchez
Dr. Oscar Rico Chávez
Dr. Enrique Martínez Meyer

Jurado de Examen

Dr. Juan José Montes Sánchez
Dr. Oscar Rico Chávez
Dr. Enrique Martínez Meyer

Suplente

Dra. Tania Zenteno Savín

Resumen

Actualmente se considera a las enfermedades infecciosas emergentes y reemergentes como una amenaza a la biodiversidad mundial, sin embargo su estudio resulta complejo debido a la necesidad de contar con listados faunísticos actualizados y la recopilación de información acerca de la periodicidad de los eventos infecciosos, las áreas de dispersión y los factores que favorecen la prevalencia en un territorio determinado. El presente estudio tiene como objetivos determinar la riqueza de patógenos reportados en mamíferos, aves y reptiles de las islas del Golfo de California así como determinar la correlación de su presencia con diversos factores socioambientales. Mediante una revisión bibliográfica exhaustiva, comprendiendo el periodo 2000 a 2021, se identificaron 451 registros de agentes patógenos georreferenciados a la región del Golfo de California. El 66.16% de los registros corresponden a bacterias, 19.73% a ecto/endoparásitos, 11.90% a virus y un 2.21% a protozoarios. Del total de los registros, 387 indican la especie hospedera en que fueron identificados, siendo reportados 12 géneros hospederos (7 mamíferos, 3 aves y 2 reptiles). Los agentes patógenos están distribuidos taxonómicamente en 85 géneros, de los cuales 60 han sido identificados con potencial zoonótico.

Se reportan 332 registros asociados a 22 territorios insulares; para cada una de las islas se identificaron y categorizaron 6 variables socioambientales: distancia al continente, distancia a la isla más cercana, riqueza de familias nativas, riqueza de familias exóticas, categoría de disturbio humano y superficie de la isla. Se desarrollaron modelos lineales generalizados binomiales para asociar las variables independientes que inciden sobre la presencia de los géneros patógenos en las islas del golfo, obteniendo modelos significativos para los géneros *Campylobacter* sp., *Clostridium* sp., *Escherichia coli* y *Leptospira* sp., lo que permitió desarrollar un modelo predictivo para la detección *Campylobacter* sp en cinco islas adicionales; a su vez se recomienda el desarrollo de protocolos de monitoreo intensivos en grupos taxonómicos hospederos de relevancia.

Palabras clave: patógenos, Golfo de California, islas del Golfo, enfermedades infecciosas.

ORCID: 0000-0003-1030-692X

R = 1

Vo.Bo. Dr. Ricardo Rodríguez Estrella
Director de Tesis

Summary

Emerging and re-emerging infectious diseases are currently considered a threat to global biodiversity; however, their study is complex due to the need for updated faunistic lists and available information about the frequency of infectious events, dispersion areas, and prevalence factors in a given territory. The present study aims to determine the richness of pathogens reported in mammals, birds, and reptiles of the California Gulf islands, as well as to determine the correlation of their presence with socio-environmental factors. Through an exhaustive bibliographic review, covering the 2000 to 2021 period, 451 records of pathogenic agents georeferenced to the California Gulf region were identified. 66.16% of the records are bacteria, 19.73% ecto or endoparasites, 11.90% viruses, and 2.21% protozoa. On the whole records, 387 indicate host species were identified, and 12 host genera were reported (7 mammals, 3 birds, and 2 reptiles). The pathogenic agents are taxonomically distributed in 85 genera, from which 60 genera have been identified with zoonotic potential.

There are 332 records associated with 22 island territories; for each of the islands, 6 socio-environmental variables were identified and categorized: mainland distance, nearest island distance, native families richness, exotic families richness, human disturbance, and island surface. Binomial generalized linear models were developed to associate the independent variables that affect the presence of pathogenic genera in the islands, obtaining significant models for *Campylobacter* sp., *Clostridium* sp., *Escherichia coli*, and *Leptospira* sp. These allowed the development of a predictive model for the detection of *Campylobacter* sp. in five additional islands; In turn, the development of intensive monitoring protocols in relevant host taxonomic groups is highly recommended.

Keywords: pathogen, California Gulf, Gulf islands, Infectious diseases.

ORCID: 0000-0003-1030-692X

R = 1

Vo.Bo. Dr. Ricardo Rodríguez Estrella
Director de Tesis

Dedicatoria

“A Elizabeth y André
principales motores de mi vida,
inspiración y motivación para superarme día con día”

“A Ricardo R. E.,
vuela alto por siempre *doc*”

“A study of the causes of death in man, animals, and plants leaves no doubt that one of the principal characters possessing survival value is immunity to disease. Unfortunately, this is not a very permanent acquisition, because the agents of disease also evolve, and on the whole more rapidly than their victims”

Haldane, 1932

Agradecimientos

Al Centro de Investigaciones Biológicas del Noroeste, S. C., y a la Dirección de Estudios de Posgrado y Formación de Recursos Humanos, por ser institución receptora para cursar la Maestría en Ciencias en Uso, Manejo y Preservación de los Recursos Naturales y por el apoyo para la conclusión de mis estudios de Posgrado.

Al Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología, por otorgarme la beca no. 774142/2020 para realizar mis estudios de Maestría.

Al personal técnico y administrativo del CIBNOR, por la guía en el desarrollo tanto de la investigación como de los procedimientos logísticos durante mi estancia en el Centro.

Al Dr. Ricardo Rodríguez Estrella, gracias por su guía y enseñanzas, así como la libertad para desarrollar mi línea de trabajo. Gracias por compartir su amplísima experiencia y saberes con gran calidad humana. Esta tesis es de y para usted doc.

A mis Co-Tutores, los Dres. Oscar y Enrique, gracias por sus consejos, por ampliar mi visión dentro de este tema y por apoyarme siempre a pesar de las complicaciones. Un gusto haber podido aprender de ustedes. Al doctor Juan José Montes, por su apoyo en la revisión y comentarios al documento.

A mis padres, Ventura de Jesús y Rosa Elena, siempre impulsando y motivando cada uno de mis pasos, así como a todos mis hermanos. *“Siempre juntos a pesar de la distancia”*.

A Elizabeth, por ser indiscutible compañera de vida, maestra y mentora. Este logro es compartido, gracias por tanto apoyo, esfuerzo y paciencia. Gracias por darme el regalo más grande de la vida: nuestro André

A Dora y David, por la enorme ayuda siempre, más aún cuando la premura nos sobrecogía.

A todos los amigos incondicionales que me ha dado la vida, a quienes aprecio y de quienes aprendo más día con día.

A José Juan Flores y a David Ramírez, gracias por los consejos, visiones y correcciones.

A mis compañeros del posgrado, quienes hicieron de esta etapa algo especial.

Y a todos los que de alguna u otra manera hicieron posible este logro.

A Carlos Godínez, amigo y maestro.

¡Gracias!

Contenido

| | |
|---|-----|
| Resumen | i |
| Summary | ii |
| Dedicatoria | iii |
| Agradecimientos | iv |
| Contenido | v |
| Lista de figuras | vii |
| Lista de tablas | ix |
| 1. INTRODUCCIÓN | 1 |
| 2. ANTECEDENTES | 3 |
| 2.1 Patógeno: concepto..... | 4 |
| 2.2 Relación patógeno ambiente | 5 |
| 2.3 Relación patógeno hospedero..... | 6 |
| 2.4 Una sola salud..... | 8 |
| 3. JUSTIFICACIÓN | 9 |
| 4. HIPÓTESIS | 10 |
| 5. OBJETIVOS | 11 |
| 5.1 Objetivo general | 11 |
| 5.2 Objetivos específicos | 11 |
| 5.2.1 Identificar la riqueza de patógenos reportados asociados a mamíferos, aves y reptiles de las Islas del Golfo de California. | 11 |
| 5.2.2 Determinar la correlación entre los factores socioambientales con la presencia de patógenos reportados en las Islas del Golfo de California. | 11 |
| 6. MATERIAL Y MÉTODOS | 12 |
| 6.1 Área de estudio..... | 12 |
| 6.2 Recopilación de la información disponible..... | 15 |
| 6.2.1 Búsqueda en metabuscadores científicos | 15 |
| 6.2.2 Búsqueda en buscadores especializados..... | 16 |
| 6.2.3 Registros del Sistema Nacional de Información sobre Biodiversidad de México..... | 16 |
| 6.2.4 Consultorías y datos de las Áreas Naturales Protegidas..... | 17 |
| 6.2.5 Registros Colecciones Nacionales..... | 18 |
| 6.2.6 Sistema Mundial de Información Zoonosológica (WAHIS-OIE) | 18 |
| 6.2.7 Servicio Nacional de Sanidad, Inocuidad y Calidad Agroalimentaria | 18 |
| 6.2.8 Global Biodiversity Information Facility..... | 19 |
| 6.2.9 Global Mammal Parasite Database | 19 |
| 6.3 Integración de la información seleccionada..... | 20 |
| 6.3.1 Base de datos de patógenos de la región del Golfo de California..... | 20 |
| 6.3.2 Variables socioambientales | 21 |
| 6.4 Análisis de los datos..... | 22 |
| 6.4.1 Registros de patógenos de la región del Golfo de California | 22 |
| 6.4.2 Registros de patógenos de la región del Golfo de California (escala: Género) | 23 |
| 6.4.3 Registros de patógenos asociados a las IGC..... | 23 |
| 6.4.4 Modelos Lineales Generalizados: géneros patógenos asociados a islas vs variables socioambientales | 24 |

| | |
|---|----|
| 7. RESULTADOS | 27 |
| 7.1 Recopilación de la información disponible..... | 27 |
| 7.1.1 Búsqueda en metabuscadores científicos | 27 |
| 7.1.2 Búsqueda en buscadores especializados..... | 28 |
| 7.1.3 Registros del Sistema Nacional de Información sobre Biodiversidad de México..... | 29 |
| 7.1.4 Consultorías y datos de las Áreas Naturales Protegidas..... | 29 |
| 7.1.5 Registros Colecciones Nacionales..... | 29 |
| 7.1.6 Sistema Mundial de Información Zoonosológica (WAHIS-OIE) | 30 |
| 7.1.7 Servicio Nacional de Sanidad, Inocuidad y Calidad Agroalimentaria | 30 |
| 7.1.8 Global Biodiversity Information Facility..... | 30 |
| 7.1.9 Global Mammal Parasite Database | 32 |
| 7.2 Integración de la información seleccionada..... | 32 |
| 7.2.1 Registros de patógenos de la región del Golfo de California | 32 |
| 7.2.2 Registros de patógenos de la región del Golfo de California (escala: Género)..... | 42 |
| 7.2.3 Registros de patógenos asociados a las IGC | 45 |
| 7.3 Variables ambientales | 54 |
| 7.4 Análisis estadísticos | 55 |
| 7.4.1 GLM: patógenos asociados a islas vs variables socioambientales | 55 |
| 8. DISCUSIÓN | 61 |
| 9. CONCLUSIONES | 67 |
| 10. LITERATURA CITADA | 68 |

Lista de figuras

| | |
|---|----|
| Figura 1. Representación de los factores que favorecen la aparición de enfermedades infecciosas entre los seres humanos, animales domésticos y fauna silvestre - Adaptado (Daszak et al., 2000). Las flechas indican el sentido en que ocurre la interacción. | 4 |
| Figura 2. Diagrama de la interacción agente-hospedero y su desarrollo. Adaptado (Casadevall y Pirofski, 2000). Al desarrollar un proceso de infección el hospedero desecha el agente (A) lo cual favorece el contacto para otros hospederos, a la vez que comienza el proceso patológico (B). En este momento la relación puede ser comensal (proceso agudo) que posteriormente puede tornarse a simbiosis o generar un mayor daño (C), llevando a la adaptación inmunológica (G) o muerte del hospedero (H), así como una posible ampliación del nicho por parte del agente (J). La infección puede propiciar la colonización (proceso crónico) -favorecido por la eliminación (D) del agente, propiciando así la enfermedad (B, E) y la persistencia en el medio a través del tiempo (F). | 7 |
| Figura 3. Concepto de “Una sola salud”. Adaptado (Destoumieux-Garzón et al., 2018). Una disciplina que involucra un abordaje holístico y multidisciplinario. | 8 |
| Figura 4. Delimitación administrativa de los elementos insulares generado a partir de la información del Conjunto de Datos del Territorio Insular Mexicano (INEGI, 2013) e información de la CONANP. | 14 |
| Figura 5. Diagrama de la recuperación sistemática en metabuscadores científicos de acuerdo con el método PRISMA. | 27 |
| Figura 6. Diagrama de la recuperación sistemática en buscadores especializados de acuerdo con el método PRISMA. | 28 |
| Figura 7. Diagrama de la búsqueda sistemática en la plataforma GBIF. | 31 |
| Figura 8. Diagrama de flujo de la integración de información georreferenciada de patógenos de mamíferos, aves y reptiles en el Golfo de California. | 33 |
| Figura 9. Distribución del origen de los registros integrados a la base de datos. | 33 |
| Figura 10. Clasificación general de los registros integrados a la base de datos. | 34 |
| Figura 11. Especies reportadas como hospederas y número de registros existentes para cada una: a) <i>Lepidochelys</i> sp., b) <i>Myotis</i> sp., c) <i>Thalasseus</i> sp., d) <i>Larus</i> sp., e) <i>Felis</i> sp., f) <i>Lepus</i> sp., g) <i>Chelonyx</i> sp., h) <i>Pelecanus</i> sp., i) <i>Phocoena</i> sp., j) <i>Zalophus</i> sp., k) <i>Stenella</i> sp., l) <i>Balaenoptera</i> sp. | 35 |
| Figura 12. Distribución geográfica de los registros haciendo énfasis en los hospederos descritos en la región Norte y Centro del Golfo de California. | 40 |
| Figura 13. Distribución geográfica de los registros haciendo énfasis en los hospederos descritos en la región Sur del Golfo de California. | 41 |
| Figura 14. Dendograma filogenético de los géneros y especies de patógenos reportados en el Golfo de California con anotaciones sobre Clases hospederas potenciales. Notas: *Reporte zoonótico; (M) Reportes en mamíferos; (B) Reportes en aves; (R) Reportes en reptiles. | 44 |
| Figura 15. Diagrama de Venn representando los géneros patógenos comunes para ambos grupos, Géneros patógenos asociados a islas y Géneros patógenos no asociados a islas. | 45 |
| Figura 16. Diagrama de cuerdas representando la afinidad entre géneros patógenos reportados en las IGC con las familias potencialmente hospederas (nativas/exóticas) presentes en los 22 territorios insulares analizados. | 52 |

- Figura 17.** Diagrama de Venn representando los géneros patógenos compartidos entre grupos potencialmente hospederos de interés: Cánidos y Félidos, Roedores, Murciélagos, Lobo marino y Humano. Entre paréntesis se muestra el número de géneros patógenos exclusivos para esa interacción.....53
- Figura 18.** Modelo lineal generalizado representando la probabilidad de presencia de *Campylobacter* sp. respecto al número de familias nativas hospederas presentes en la isla. Los puntos representan las observaciones ingresadas al modelo; la línea negra el modelo *per se* y el sombreado gris representa el error estándar. Las líneas punteadas representan la probabilidad al 10%, 50% y 90%, respectivamente.....56
- Figura 19.** Modelo lineal generalizado representando la probabilidad de presencia de *Clostridium* sp. respecto a la distancia al continente desde las islas. Los puntos representan las observaciones ingresadas al modelo; la línea negra el modelo *per se* y el sombreado gris representa el error estándar. Las líneas punteadas representan la probabilidad al 10%, 50% y 90%, respectivamente.....57
- Figura 20.** Modelo lineal generalizado representando la probabilidad de presencia de *Escherichia coli* respecto a la riqueza de familias nativas hospederas en las islas. Los puntos representan las observaciones ingresadas al modelo; la línea negra el modelo *per se* y el sombreado gris representa el error estándar. Las líneas punteadas representan la probabilidad al 10%, 50% y 90%, respectivamente.....58
- Figura 21.** Modelo lineal generalizado representando la probabilidad de presencia de *Leptospira* sp. respecto a la distancia al continente desde las islas. Los puntos representan las observaciones ingresadas al modelo; la línea negra el modelo *per se* y el sombreado gris representa el error estándar. Las líneas punteadas representan la probabilidad al 10%, 50% y 90%, respectivamente.....59

Lista de tablas

| | |
|--|----|
| Tabla I. Delimitación administrativa de las Áreas Naturales Protegidas con influencia en la zona del Golfo de California..... | 13 |
| Tabla II. Metabuscadores utilizados para la búsqueda de información y su enlace de acceso. .. | 15 |
| Tabla III. Buscadores utilizados para la búsqueda de información especializada y su enlace de acceso..... | 16 |
| Tabla IV. Bases de datos consultadas y enlaces de acceso. | 17 |
| Tabla V. Descripción de cada uno de los campos establecidos para la captura de registros de patógenos de las IGC..... | 20 |
| Tabla VI. Descripción de los campos a capturar por cada isla en que existan registros de patógenos..... | 22 |
| Tabla VII. Definición de las variables para los Modelos Lineales Generalizados. | 25 |
| Tabla VIII. Modelos desarrollados especificando el patógeno, número de islas en que se ha reportado y definición de las fórmulas utilizadas. | 26 |
| Tabla IX. Resultados y depuración de los registros del SNIB..... | 29 |
| Tabla X. Resultados y depuración de los registros de Colecciones Nacionales..... | 30 |
| Tabla XI. Depuración sistemática de los registros de GBIF..... | 32 |
| Tabla XII. Registros de agentes patógenos reportados por tipo de hospedero en la Región del Golfo de California..... | 36 |
| Tabla XIII. Distribución taxonómica de los registros compilados en la región del Golfo de California. | 42 |
| Tabla XIV. Islas del Golfo de California en donde se han llevado a cabo estudios sobre patógenos en mamíferos, aves y reptiles. | 46 |
| Tabla XV. Agentes patógenos reportados en las islas del Golfo de California en el periodo 2000-2021. Se incluyen las especies hospederas involucradas. | 47 |
| Tabla XVI. Variables ambientales capturadas para cada una de las 22 islas con registros de patógenos en las Islas del Golfo de California. | 54 |
| Tabla XVII. Coeficientes estimados para el GLM de <i>Campylobacter</i> sp. | 56 |
| Tabla XVIII. Coeficientes estimados para el GLM de <i>Clostridium</i> sp. | 57 |
| Tabla XIX. Coeficientes estimados para el GLM de <i>Escherichia coli</i> | 58 |
| Tabla XX. Coeficientes estimados para el GLM de <i>Leptospira</i> sp. | 59 |
| Tabla XXI. Predicción de probabilidad de detección de agentes patógenos en islas del Golfo de California (intervalo de confianza: 95%). | 60 |

1. INTRODUCCIÓN

Actualmente, la detección de patógenos, así como la identificación de enfermedades infecciosas emergentes y reemergentes han tomado relevancia como objeto de estudio, ya que se considera que ambos factores amenazan la biodiversidad mundial (Fisher et al., 2012; Bevins et al., 2022). La complejidad del estudio de patógenos a menudo recae en la falta de inventarios faunísticos que recopilen información acerca de la periodicidad de los eventos de infección, áreas de dispersión y especies hospederas, así como otros factores que contribuyen en la prevalencia de un patógeno en un sitio (Casadevall y Pirofski, 2000; Lorenzo Monterrubio et al., 2020).

Los inventarios de especies son una herramienta básica para detectar sitios vulnerables, establecer estrategias de conservación y manejo, identificación de nichos potenciales para especies patógenas y evaluación de esfuerzos individuales de conservación (Trojan, 1998).

De manera habitual, un patógeno se define como un microorganismo capaz de causar daño a su hospedero (enfoque unicausal), sin embargo esta definición deja fuera las particularidades propias del hospedero que pueden o no favorecer una infección (enfoque multicausal) (Suzán et al., 2000; Pirofski y Casadevall, 2012; Méthot y Alizon, 2014). Por otra parte, se reconoce como proceso infeccioso a aquella manifestación clínica de daño que resulta de la interacción hospedero-patógeno (Casadevall y Pirofski, 2000). El grado de esta interacción dependerá de factores inherentes a cada taxa, por ejemplo, estado del sistema inmune del hospedero (Pirofski y Casadevall, 2012), o bien, de factores exógenos o socioambientales tales como el tipo de hábitat, la presencia de especies exóticas y el grado de disturbio, entre otros (Brearley et al., 2012; Zhang et al., 2022a).

En el caso específico de las islas, las poblaciones silvestres de vertebrados que las habitan difieren de sus contrapartes continentales en términos de riqueza de patógenos (Whittaker, 1998). La introducción de especies exóticas contribuye a la transmisión de éstos, incrementando la abundancia de patógenos existentes e introduciendo nuevos organismos al medio (Conn, 2014). Este intercambio podría ser facilitado a través de la cercanía de las islas con respecto al continente u otras formaciones insulares.

Debido al actual estado de emergencia zoonótica en el mundo, es importante identificar y dar a conocer los listados de patógenos presentes, así como analizar su prevalencia en el tiempo en sitios relevantes para la conservación y con un alto nivel de endemismo, como lo son las islas mexicanas. Por lo anterior, el objetivo del presente estudio es determinar la correlación de los factores socioambientales con la presencia de patógenos de mamíferos, aves y reptiles en las islas del Golfo de California (IGC), México.

2. ANTECEDENTES

De manera general, los patógenos (y por ende las enfermedades) forman parte de los sistemas biológicos y tienen injerencia en la diversidad biológica de un sitio, siendo influenciados por los procesos evolutivos y ecológicos que los rigen (Suzán et al., 2000). Sin embargo, derivado de los procesos de globalización, de destrucción y modificación del hábitat, los efectos del cambio climático y la introducción de especies exóticas, la frecuencia de aparición de brotes de enfermedades en vida silvestre ha ido en aumento en las últimas décadas (Álvarez-Romero, 2006; Tompkins et al., 2015; Zhang et al., 2022a).

Actualmente, se estima que del 60% al 75% de las enfermedades infecciosas son zoonóticas, siendo compartidas entre animales y humanos (Conn, 2014) y se espera continúen en aumento derivado de la cada vez mayor interacción humano – vida silvestre y pérdida de hábitat (Brearley et al., 2012). Ellis y colaboradores estiman que más del 75% de la superficie terrestre ha recibido influencia por parte del ser humano, y son escasos los ecosistemas que se mantienen prístinos, sin disturbios (Brearley et al., 2012).

Las actividades antropogénicas han sido consideradas como factores primordiales para el surgimiento de brotes de enfermedades emergentes en vida silvestre lo cual se asocia directamente a dos características no excluyentes: a) el salto de patógenos de animales domésticos a animales silvestres (comúnmente denominado “spill-over”) y, b) el traslado de patógenos asociados a humanos a nuevas localidades (Brearley et al., 2012), como se muestra en la Fig. 1.

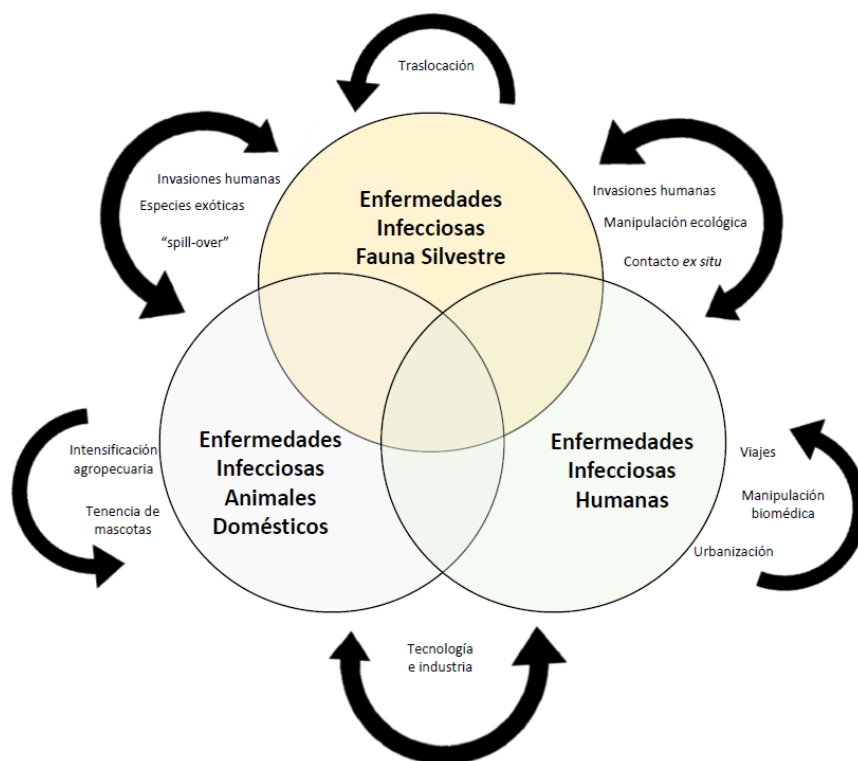


Figura 1. Representación de los factores que favorecen la aparición de enfermedades infecciosas entre los seres humanos, animales domésticos y fauna silvestre - Adaptado (Daszak et al., 2000). Las flechas indican el sentido en que ocurre la interacción.

Estos nuevos patógenos juegan un papel clave en las especies silvestres debido a las afectaciones que generan en la propia salud de los individuos, la influencia que tienen en la regulación poblacional de las especies e incluso en la competencia interespecífica (Brearley et al., 2012; Bolaños-García et al., 2018). La transmisión de nuevos patógenos resulta alarmante en poblaciones en riesgo, como lo ocurrido con el lince ibérico, especie que estuvo en riesgo de extinción debido al brote de Leucemia Viral Felina originado por el contacto con gatos domésticos (Acevedo-Whitehouse, 2009), o el paludismo aviar, introducido por especies exóticas a islas Hawaianas, ocasionando la extinción de múltiples especies de aves nativas (Álvarez-Romero, 2006).

2.1 Patógeno: concepto

A finales del siglo XIX, se estableció una definición de los patógenos como aquellos organismos capaces de generar una enfermedad en el hospedero (Casadevall y Pirofski, 2000; Collinge y

Ray, 2006). Sin embargo, en esta definición binaria en la que un organismo es agente causal o no, se omite la interacción con otros factores externos, como lo son el hospedero y el ambiente, en un modelo denominado “triada epidemiológica” (Suzán et al., 2000; Mitchell et al., 2007). En este sentido, el estudio de los patógenos preferentemente debe ser llevado a cabo bajo una visión que contemple el tipo de interacción ecológica (mutualismo/comensalismo/parasitismo) que establece con el hospedero en un momento determinado; es decir, un patógeno no puede ser definido sin tomar en cuenta a su hospedero (Casadevall y Pirofski, 2002).

2.2 Relación patógeno ambiente

Existen diversos estudios donde se ha identificado que los cambios ambientales asociados al desarrollo antropogénico favorecen la pérdida de biodiversidad debido a la fragmentación de hábitats, contaminación, cambio climático e introducción de especies exóticas (Brearley et al., 2012; Chown et al., 2015; Johnson et al., 2015); situaciones que favorecen el ingreso de patógenos y la pérdida de diversidad génica.

Ejemplos de esta situación se reportan alrededor del mundo; referente a la fragmentación de hábitats y disturbio humano, se ha asociado que el cambio de uso de suelo genera un aumento en la diversidad de vectores y las tasas de contacto interespecíficas, favoreciendo así la transmisión directa de enfermedades (Brearley et al., 2012). En un sentido inverso, es conocido que la diversidad de poblaciones en una comunidad ecológica y un mejor grado de conservación influye en la dinámica de transmisión y prevalencia de agentes patógenos (Johnson et al., 2015); esto es, a mayor riqueza de especies en un territorio, menor transmisión de agentes infecciosos y por consiguiente, menor riesgo de brotes de enfermedades (Suzán et al., 2000).

Como se mencionó, más del 75% de la superficie terrestre (excluyendo las zonas de hielos perpetuos) ha sido ocupada y modificada por el ser humano, lo cual ha generado que más del 37.8% de las especies hasta ahora conocidas se encuentren bajo alguna categoría de riesgo (Brearley et al., 2012). En el caso específico de las islas, la perturbación humana tiene una mayor consideración al tratarse de sitios con una mayor cantidad de endemismos y en un territorio limitado, donde los procesos evolutivos y de selección se han llevado a cabo de manera independiente a los continentales, lo que genera cambios comportamentales,

fisiológicos e incluso genéticos, los cuales han sido descritos como “*El Síndrome de Isla*” (Nieberding et al., 2006). Este síndrome se ve directamente influenciado por el tamaño de la superficie de la isla y la distancia a continente.

Este mismo fenómeno ha sido explorado en los patógenos asociados a hospederos, donde autores han identificado que la riqueza de nemátodos está asociada al área de la isla y la distancia al continente (Miquel et al., 1996; de Bellocq et al., 2002) y donde existe una correlación positiva entre la riqueza de agentes y la riqueza de hospederos (Johnson et al., 2015); sin embargo, esta condición también ha favorecido la ampliación del nicho ecológico (hospederos afectados) de parásitos a partir de su introducción (Nieberding et al., 2006).

Esta relación parásita implica una coevolución del agente con el hospedero en donde usualmente existe una alta especificidad y que favorece la especiación, pero que no aclara los mecanismos de colonización ante nuevos hospederos (Agosta et al., 2010). Finalmente, es necesario recalcar que no todas estas nuevas invasiones de patógenos son facilitadas por el salto entre hospederos, sino que la degradación gradual de los ecosistemas los convierte paulatinamente en sitios idóneos para su establecimiento (Conn, 2014).

2.3 Relación patógeno hospedero

A lo largo de la historia se han propuesto diversas clasificaciones para identificar a los organismos patógenos, las cuales incluyen los términos “*primarios*”, “*oportunistas*”, “*facultativos*”, “*comensales*” o “*saprófitos*”, sin embargo, se ha demostrado que diversos organismos pueden colonizar y prosperar sin generar ningún tipo de reacción clínica en un hospedero, o que organismos altamente patogénicos pueden no serlo en ambientes distintos (Méthot y Alizon, 2014).

Volviendo al concepto de patogenicidad como el resultado de la interacción agente-hospedero, la evaluación de un agente debe ser individual en una escala temporal determinada, bajo un enfoque ecológico que puede culminar en la simbiosis, la inmunidad o la muerte del hospedero y a una escala ecosistémica, en la persistencia o erradicación de un agente en el medio, como se presenta en la Fig. 2.

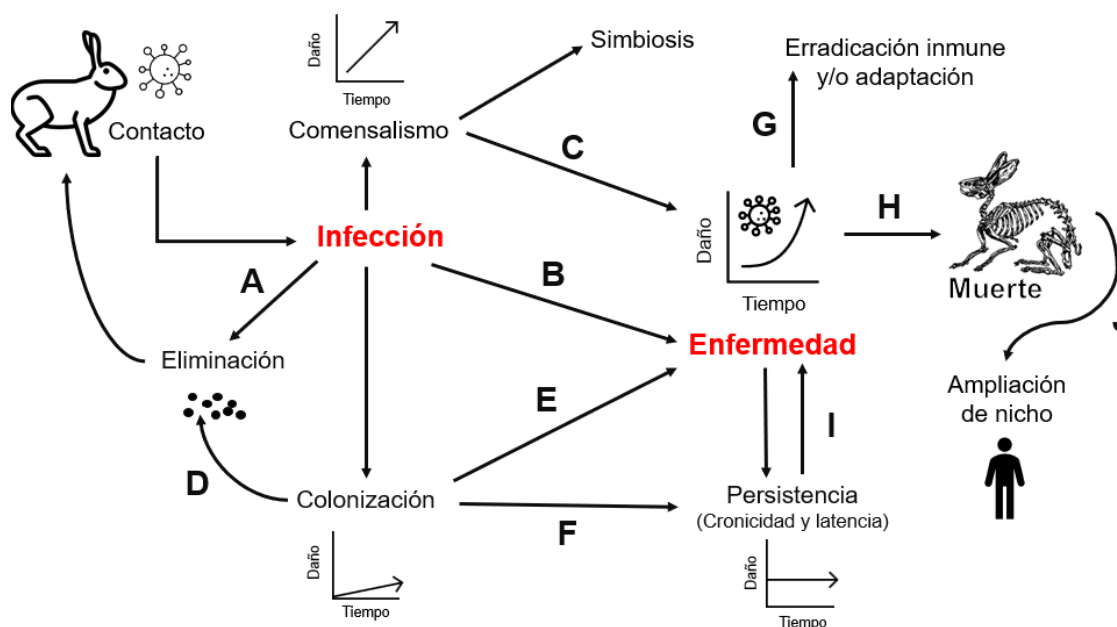


Figura 2. Diagrama de la interacción agente-hospedero y su desarrollo. Adaptado (Casadevall y Pirofski, 2000). Al desarrollar un proceso de infección el hospedero desecha el agente (A) lo cual favorece el contacto para otros hospederos, a la vez que comienza el proceso patológico (B). En este momento la relación puede ser comensal (proceso agudo) que posteriormente puede tornarse a simbiosis o generar un mayor daño (C), llevando a la adaptación inmunológica (G) o muerte del hospedero (H), así como una posible ampliación del nicho por parte del agente (J). La infección puede propiciar la colonización (proceso crónico) -favorecido por la eliminación (D) del agente, propiciando así la enfermedad (B, E) y la persistencia en el medio a través del tiempo (F).

De manera que existe una coevolución de los hospederos y sus patógenos (Morand y Poulin, 1998) cuya relación depende del contexto, en el cual un microorganismo puede ser considerado comensal, mutualista o parásito para el huésped de acuerdo con distintos factores (e.g. genéticos o nutricionales), los cuales pueden volverlo generalista o especializado, siendo un proceso dinámico y sin una direccionalidad fija aparente (Agosta et al., 2010).

El salto de un patógeno entre hospederos ha sido descrito como un periodo de dos fases: inicia con la colonización -el microorganismo mantiene la capacidad de aprovechar tanto al antiguo como al nuevo hospedero- y posteriormente, la pérdida de capacidades generalistas (o especialización); estos saltos a nuevas especies no son azarosos, sino que van ligados a la cercanía filogenética de los hospederos. Recientemente, los estudios filogenéticos permiten

realizar una aproximación al estudio y comprensión de esta evolución agente-hospedero (Agosta et al., 2010).

2.4 Una sola salud

El concepto “Una sola salud” refiere a la necesidad de generar un acercamiento científico integral entre la salud humana, la salud animal y la salud de los ecosistemas (Destoumieux-Garzón et al., 2018) promoviendo un abordaje holístico y transdisciplinario. Esto, derivado de la necesaria interrelación que existe entre los componentes de la triada, como se muestra en la Fig. 3.

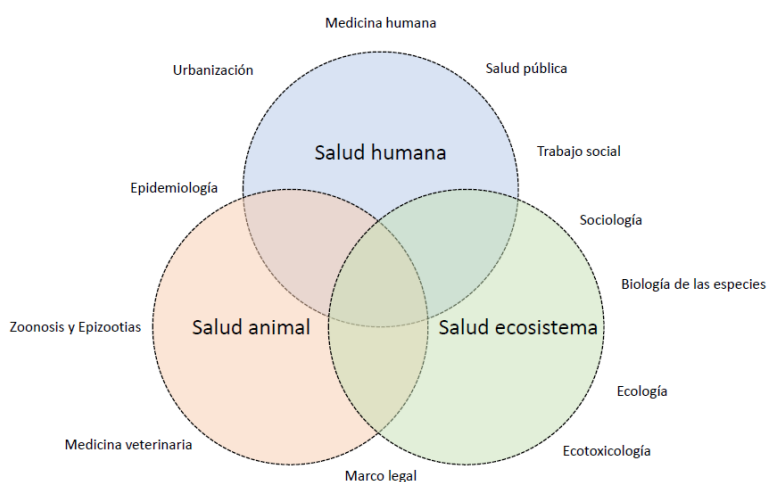


Figura 3. Concepto de “Una sola salud”. Adaptado (Destoumieux-Garzón et al., 2018). Una disciplina que involucra un abordaje holístico y multidisciplinario.

El presente estudio, enmarcado bajo este enfoque, plantea la imperiosa necesidad de integrar estudios con una visión multidimensional (patógenos, hospederos y vectores) para poder identificar patrones en la presentación de brotes de enfermedades emergentes y reemergentes que puedan afectar la salud en los tres niveles.

3. JUSTIFICACIÓN

En México, el conocimiento de la distribución y abundancia de patógenos y la relación con sus hospederos en territorios insulares es muy limitado y está ligado a reportes de estudios locales, a observaciones circunstanciales -no sistemáticas- y especímenes conservados en colecciones científicas. Mediante la realización de una revisión sistemática y su posterior metaanálisis, se busca compilar la información disponible sobre patógenos reportados en mamíferos, aves y reptiles de las IGC, con la intención de detectar patrones y tendencias bajo un análisis estadístico válido.

Este trabajo resulta novedoso debido a que, aunque a la fecha se cuenta con información compilada acerca de las especies hospederas presentes en las islas mexicanas, no existe un trabajo de revisión e integrativo respecto a la presencia de patógenos en mamíferos, aves y reptiles. A su vez, el análisis a mayor escala permitirá un mejor entendimiento de la problemática y su tendencia a través del tiempo.

Adicionalmente, en la actualidad se reconoce que gran parte de las zoonosis emergentes provienen de vida silvestre y que los vectores asociados han modificado sus patrones de distribución, por lo que se requiere de estudios que identifiquen hospederos susceptibles para minimizar así las afectaciones a la salud animal, humana y de los ecosistemas. Finalmente, el presente estudio permitirá contar con información para evaluar el estado de conocimiento para cada tipo de patógeno y sus hospederos en las IGC, con la intención de salvaguardar la biodiversidad que albergan y en un determinado caso a considerar su manejo, así como identificar nuevas preguntas de investigación en el tema.

4. HIPÓTESIS

La presencia de patógenos en mamíferos, aves y reptiles de las Islas del Golfo de California se encuentra asociada a la ocupación humana, la distancia entre islas y al continente, la presencia de especies exóticas, la riqueza de especies nativas hospederas y la superficie de la isla.

5. OBJETIVOS

5.1 Objetivo general

Determinar la correlación de los factores socioambientales con la presencia de patógenos en mamíferos, aves y reptiles de las Islas del Golfo de California.

5.2 Objetivos específicos

5.2.1 Identificar la riqueza de patógenos reportados asociados a mamíferos, aves y reptiles de las Islas del Golfo de California.

5.2.2 Determinar la correlación entre los factores socioambientales con la presencia de patógenos reportados en las Islas del Golfo de California.

6. MATERIAL Y MÉTODOS

6.1 Área de estudio

El Golfo de California es una cuenca marina orientada de noroeste a sureste, limitada al Oeste por la Península de Baja California (Estados de Baja California y Baja California Sur) y al Este por el macizo continental (Estados de Sonora y Sinaloa). De acuerdo con el Instituto Nacional de Estadística y Geografía (INEGI), en el Golfo de California se registran cerca de 750 elementos insulares, representados por islas, islotes, cayos y rocas, de los cuales solo 309 están nombrados (INEGI, 2013).

La longitud del Golfo de California es de aproximadamente 1,600 km, con una anchura máxima, cercana a los 205 km (a la altura de la ciudad de La Paz, B.C.S.) y una mínima de 85 km (a la altura de la Isla Tiburón). En general, el clima es de tipo seco árido o desértico BW(h')hw(x'), conforme a la clasificación climática de Köpen -modificada por Enriqueta García- (CONANP, 2000).

Estos territorios resultan prioritarios para su conservación en nuestro país, debido a que son ricos en especies endémicas y de gran importancia como refugio para aves marinas. Las islas mexicanas albergan 14 veces más endemismos que la porción continental, esto debido a su propio aislamiento y estado de conservación (CONANP, 2000)

Biogeográficamente, las IGC se incluyen dentro del Desierto Sonorense; la diversidad florística que presenta depende de dos factores: la cercanía a la costa y el tamaño de la isla, teniendo mayor diversidad las islas cercanas a la costa y de mayor tamaño, así como aquellas con mayor complejidad topográfica (CONANP, 2000).

En cuanto a la delimitación administrativa, la Comisión Nacional de Áreas Naturales Protegidas (CONANP) divide el Golfo de California en dos oficinas regionales, de las que se desprenden 12 Áreas Naturales Protegidas (ANP) bajo diferentes categorías de manejo, como se presenta en la Tabla I (ver Fig. 4).

Tabla I. Delimitación administrativa de las Áreas Naturales Protegidas con influencia en la zona del Golfo de California.

| Dirección Regional | Área Natural Protegida | Categoría |
|---|--|-------------------------------------|
| Península de Baja California y Pacífico Norte | 1. Bahía de Loreto | Parque Nacional |
| | 2. Balandra | Área de Protección de Flora y Fauna |
| | 3. Cabo Pulmo | Parque Nacional |
| | 4. El Vizcaíno | Reserva de la Biósfera |
| | 5. Valle de los Cirios | Área de Protección de Flora y Fauna |
| | 6. Zona marina Bahía de los Ángeles, Canales de Ballenas y Salsipuedes | Reserva de la Biósfera |
| | 7. Zona marina del Archipiélago de Espiritu Santo | Parque Nacional |
| | 8. Zona marina del Archipiélago de San Lorenzo | Parque Nacional |
| | 9. Islas del Golfo de California | Área de Protección de Flora y Fauna |
| Noroeste y Alto Golfo de California | 10. Alto Golfo de California y Delta del Río Colorado | Reserva de la Biósfera |
| | 11. Isla San Pedro Mártir | Reserva de la Biósfera |
| | 12. Islas del Golfo de California | Área de Protección de Flora y Fauna |

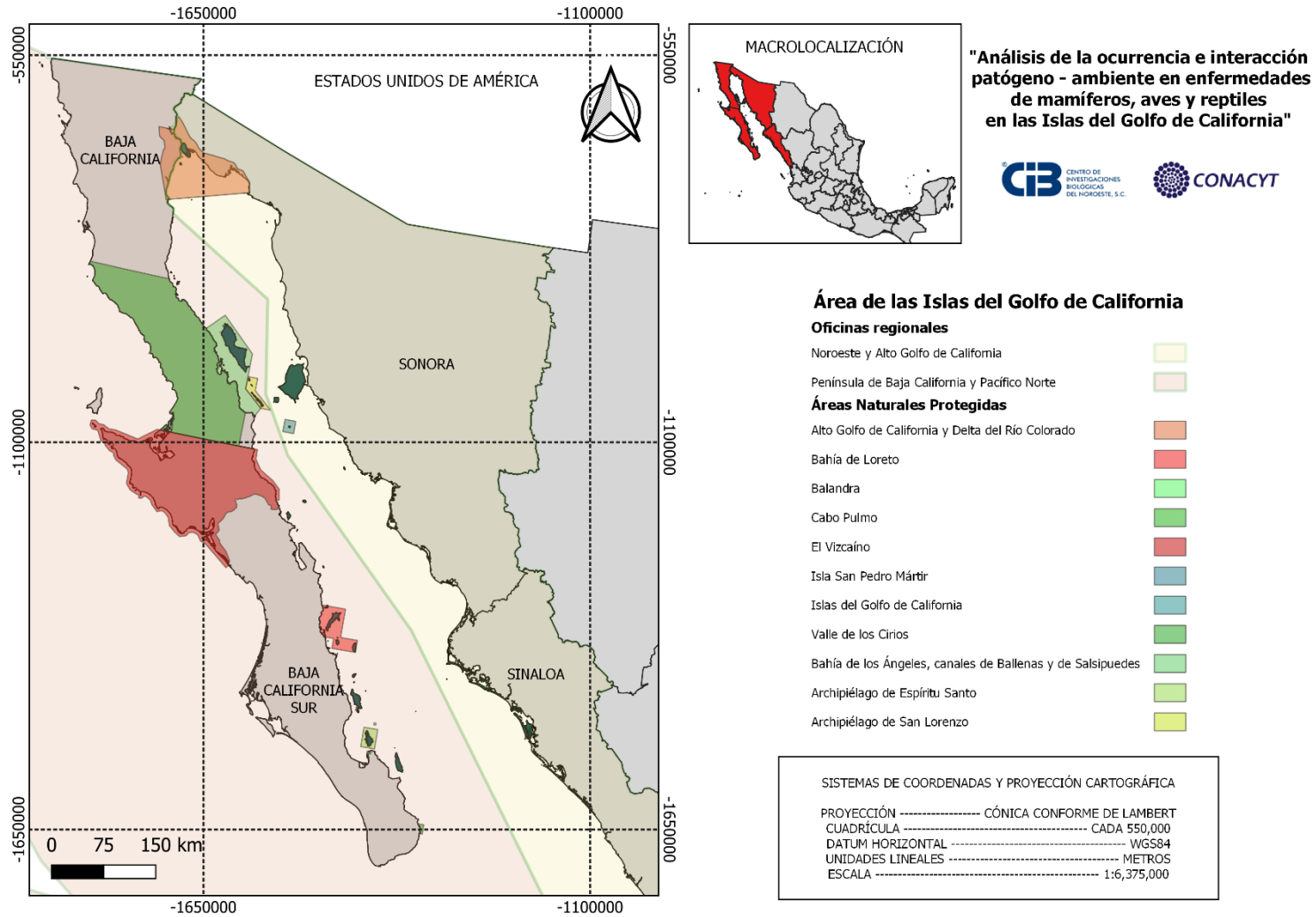


Figura 4. Delimitación administrativa de los elementos insulares generado a partir de la información del Conjunto de Datos del Territorio Insular Mexicano (INEGI, 2013) e información de la CONANP.

6.2 Recopilación de la información disponible

Se identificaron las principales fuentes de información que pudieran contener registros de patógenos o reportes de brotes infecciosos en la fauna de las IGC. Por ello se decidió subdividir la búsqueda de información en nueve secciones.

6.2.1 Búsqueda en metabuscadores científicos

Se realizó una búsqueda exhaustiva de acuerdo con los lineamientos del método PRISMA (Moher et al., 2009) en 10 herramientas de búsqueda, mismas que se exponen en la Tabla II.

Tabla II. Metabuscadores utilizados para la búsqueda de información y su enlace de acceso.

| Metabuscador | Clave | Enlace |
|---|----------------|---|
| Springer Link | Springer | https://link.springer.com/search |
| National Library of Medicine | PubMed | https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/ |
| Journal Storage | JSTOR | https://www.jstor.org/ |
| Scientific Electronic Library Online | SciELO | https://scielo.org/es/ |
| Bielefield Academic Search Engine | BASE | https://www.base-search.net |
| JURN | JURN | https://jurn.org |
| DialNet | DialNet | https://dialnet.unirioja.es/ |
| Red de Revistas Científicas de América Latina y el Caribe | Redalyc | https://www.redalyc.org/ |
| Web of Science | Web of Science | https://www.webofscience.com/ |
| Biblioteca Digital UNAM | BiDiUNAM | https://www.bidi.unam.mx/ |

Criterios de búsqueda: Se utilizaron como palabras clave los términos “golfo de california”, “california gulf” y “gulf of california” en combinación mediante operadores booleanos (AND y OR) con los términos “patógeno”, “parásito”, “enfermedad”, “virus”, “pathogen”, “parasite” y “disease”.

La revisión se realizó dentro de la escala temporal comprendida del mes de enero del año 2000 al mes de mayo de 2021, con el fin de contar con información reciente y no sobreestimar la presencia o ausencia de alguno de los agentes. Para la selección, se consideraron las publicaciones cuyo objetivo fuese o incluyera la detección de patógenos en organismos vivos/muertos de las especies objeto de estudio dentro del área del Golfo de California, tomando en cuenta sólo aquellos documentos publicados en idioma español e inglés.

6.2.2 Búsqueda en buscadores especializados

Se realizó una búsqueda exhaustiva de acuerdo con los lineamientos del método PRISMA (Moher et al., 2009) en nueve buscadores especializados, los cuales se presentan en la Tabla III.

Tabla III. Buscadores utilizados para la búsqueda de información especializada y su enlace de acceso.

| Buscador | Clave | Enlace |
|------------------------------|----------|---|
| Journal of Wildlife Diseases | JWD | https://meridian.allenpress.com/jwd |
| Journal of Parasitology | JP | https://meridian.allenpress.com/journal-of-parasitology |
| Acta Parasitologica | AP | http://www.actaparasitologica.pan.pl/ |
| Veterinaria Mexico OA | VM | https://veterinariamexico.fmvz.unam.mx/index.php/vet |
| TesiUNAM | TESIUNAM | https://tesiunam.dgb.unam.mx/ |
| Repositorio UABCS | UABCS | http://rep.uabcs.mx/ |
| Repositorio CICIMAR | CICIMAR | https://www.repositoriodigital.ipn.mx/ |
| Repositorio CIBNOR | CIBNOR | https://cibnor.repositorioinstitucional.mx/ |
| Repositorio CICESE | CICESE | https://cicese.repositorioinstitucional.mx/ |

Criterios de búsqueda: Se utilizaron como palabras clave los términos “golfo de california”, “california gulf” y “gulf of california” en combinación mediante operadores booleanos (AND y OR) con los términos “patógeno”, “parásito”, “enfermedad”, “virus”, “pathogen”, “parasite” y “disease”. Nuevamente la escala temporal fue del año 2000 al mes de mayo de 2021. Para la selección final, se consideraron únicamente aquellas publicaciones en que el objetivo fuese o incluyera la detección de patógenos en organismos vivos/muertos de las especies objeto de estudio dentro del área del Golfo de California, tomando en cuenta solo aquellos documentos publicados en idioma español e inglés.

6.2.3 Registros del Sistema Nacional de Información sobre Biodiversidad de México

El Sistema Nacional de Biodiversidad de México (SNIB) es una plataforma digital creada por la Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad (CONABIO) para la compilación de registros y datos de ejemplares resguardados en colecciones científicas y observaciones de organismos en el territorio nacional (CONABIO, 2022).

Criterios de búsqueda: Se realizó la búsqueda en la versión más reciente (mayo de 2021), mediante el apoyo de la herramienta de búsqueda taxonómica avanzada. De esta manera se

logró la descarga de los datos georreferenciados disponibles para los siguientes grupos biológicos: bacterias, hongos, invertebrados, protoctistas y virus, tomando únicamente aquellos registros dentro del periodo 2000 a 2021, y seleccionando como país de origen de los datos a México y los estados de Baja California, Baja California Sur, Sinaloa y Sonora.

Depuración geográfica: Se realizó la descarga del Conjunto de datos del Territorio Insular Mexicano, escala 1:50,000 del Instituto Nacional de Estadística, Geografía e Informática (INEGI, 2013). Mediante el uso del software QGIS® (QGIS Association, 2022) versión 3.16 se creó una capa que únicamente contuviera los elementos insulares presentes dentro del Golfo de California, denominándola “*Territorio_Insular_GC2013.shp*” y respetando la proyección cartográfica (Cónica de Lambert) y el datum de origen (WGS84). Los datos provenientes del SNIB fueron comparados con esta capa, lo cual permitió depurar aquellos que únicamente se encontraran en el área de estudio.

Depuración agentes patógenos: Para clasificar los organismos reportados como agentes patógenos o no patógenos, se realizó la búsqueda de cada uno de los géneros taxonómicos registrados en bases de datos especializadas, mismas que se presentan en la Tabla IV.

Tabla IV. Bases de datos consultadas y enlaces de acceso.

| Base de consulta | Enlace |
|---|---|
| PubMed | https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/ |
| Enhanced Infectious Diseases Database | https://eid2.liverpool.ac.uk/ |
| Global Mammal Parasite Database | https://parasites.nunn-lab.org/ |
| National Microbial Pathogen Database Resource | https://www.hsls.pitt.edu/obrc/index.php?page=URL1174494324 |

6.2.4 Consultorías y datos de las Áreas Naturales Protegidas

Se redactó un oficio de solicitud de acceso a los informes de trabajo, reportes de estudio y consultorías públicas y privadas llevadas a cabo dentro de cada una de las 12 ANP con influencia en el Golfo de California. Los oficios fueron dirigidos a los directores y encargados de despacho, mencionando la intención y objetivos del presente estudio. Los informes recibidos fueron clasificados conforme al tipo de estudio, objetivos y especie de interés, considerando la temporalidad desde el mes de enero del año 2000 hasta el mes de mayo de 2021.

6.2.5 Registros Colecciones Nacionales

Se consultaron los registros disponibles en Colecciones Nacionales a través del Portal de Datos Abiertos UNAM (Dirección General de Repositorios Universitarios, 2022).

Criterios de búsqueda: Con el apoyo del buscador taxonómico y geográfico del portal se descargaron los registros existentes para acantocéfalos, ácaros, dinoflagelados, garrapatas y hongos, cuya georreferenciación fuese dentro de los estados de Baja California, Baja California Sur, Sinaloa y Sonora, cuya temporalidad fuese posterior al año 2000 y hasta mayo del 2021.

Depuración geográfica: A fin de lograr una depuración fina de la información, se contrastaron los registros georreferenciados obtenidos con la capa “*Territorio_Insular_GC2013*” en el software QGIS®; únicamente se seleccionaron los registros que estuviesen dentro del polígono.

Depuración agentes patógenos: La clasificación de los agentes como patógenos o no patógenos, se generó a través de su consulta en las bases especializadas (ver Tabla IV).

6.2.6 Sistema Mundial de Información Zoonositaria (WAHIS-OIE)

Se realizó la búsqueda de los reportes de brotes de enfermedades en el territorio nacional a través del portal del Sistema Mundial de Información Zoonositaria de la Organización Mundial de Sanidad Animal (Organización Mundial de Sanidad Animal, 2022).

Criterios de búsqueda: Con el apoyo del buscador especializado, se identificaron todos los registros para el país dentro del rango temporal determinado (enero 2000 – mayo 2021), realizando la descarga de la información.

Depuración geográfica: Para una depuración geográfica fina, se cargaron los registros georreferenciados obtenidos con la capa “*Territorio_Insular_GC2013*” en el software QGIS®; únicamente se seleccionaron los registros que estuviesen dentro del polígono.

6.2.7 Servicio Nacional de Sanidad, Inocuidad y Calidad Agroalimentaria

Se redactó un oficio de solicitud información ante el Servicio Nacional de Sanidad, Inocuidad y Calidad Agroalimentaria (SENASICA), dirigido específicamente a la Coordinación Regional I, misma que abarca los estados de Baja California, Baja California Sur, Sinaloa y Sonora; la

información solicitada comprendió aquella referente a reportes de bacterias, hongos, parásitos y virus en mamíferos, aves y reptiles de las IGC, en el periodo 2000 a 2021.

6.2.8 Global Biodiversity Information Facility

Se realizó la búsqueda de registros georreferenciados en la plataforma del Global Biodiversity Information Facility (GBIF) (GBIF.org, 2022).

Criterios de búsqueda: Con el apoyo del buscador especializado, se identificaron los registros correspondientes a los reinos Animalia (Phyla: Acanthocephala, Arthropoda, Nematoda y Plathelminthes), Archaea, Bacteria (Phyla: Actinobacteria, Cyanobacteria y Firmicutes), Chromista, Fungi y Protozoa, así como los de virus. La selección de datos a escala temporal fue de aquellos que estuviesen dentro del periodo 2000-2021.

Depuración geográfica: El portal GBIF cuenta con una herramienta para determinar la ubicación geográfica de la búsqueda. Con apoyo de esta utilidad, se trazó un polígono en el que se englobase únicamente el Golfo de California.

Para una depuración geográfica aún más fina, se cargaron los registros georreferenciados obtenidos con la capa “Territorio_Insular_GC2013” en el software QGIS®, seleccionando sólo aquellos registros que coincidieran dentro del polígono.

6.2.9 Global Mammal Parasite Database

Por último, se consultó al buscador especializado del Global Mammal Parasite Database (Stephens et al., 2017; GMPD, 2022), el cual compila registros de parásitos y hospederos mamíferos alrededor del mundo.

Criterios de búsqueda: Con el apoyo del buscador del portal, se identificaron todos los registros georreferenciados para el país, procediendo a su descarga.

Depuración geográfica: Los registros obtenidos se cargaron al proyecto en QGIS® y fueron contrastados con la capa “Territorio_Insular_GC2013”, seleccionando solo aquellos que estuvieran dentro del polígono.

6.3 Integración de la información seleccionada

6.3.1 Base de datos de patógenos de la región del Golfo de California

Se diseñó una plantilla de base de datos en el software Microsoft Excel® para realizar la captura de los registros obtenidos por parte de las diversas fuentes de información. Dicha plantilla cuenta con 46 campos a capturar para cada uno de los reportes identificados. Los campos y su descripción se presentan en la Tabla V.

Tabla V. Descripción de cada uno de los campos establecidos para la captura de registros de patógenos de las IGC.

| CAMPO | DESCRIPCIÓN | VALOR |
|--------------------------------|--|--|
| id_record | Identificador único del registro | Clave alfanumérica |
| collection_date | Año de colecta (si se especifica) | Año (valor numérico) |
| organism_classification | Tipo de organismo | Bacteria, virus, hongo, endoparásito, ectoparásito, protozooario |
| reported_organism | Organismo reportado | Nombre científico del registro |
| kingdom | Reino | Clasificación taxonómica ¹ |
| phylum | Phylum | Clasificación taxonómica ¹ |
| class | Clase | Clasificación taxonómica ¹ |
| order | Orden | Clasificación taxonómica ¹ |
| family | Familia | Clasificación taxonómica ¹ |
| genus | Género | Clasificación taxonómica ¹ |
| species | Especie | Clasificación taxonómica ¹ |
| infraspecies_1 | Subcategoría 1 (si aplica) | Clasificación taxonómica ¹ |
| infraspecies_2 | Subcategoría 2 (si aplica) | Clasificación taxonómica ¹ |
| valid_record | Actualización taxonómica | Nombre científico actualizado ² |
| valid_genus | Actualización de género | Género actualizado ² |
| valid_species | Actualización de especie | Especie actualizada ² |
| taxonomic_authority | Autoridad taxonómica | Autoridad y año |
| classification | Tipo de acción del microorganismo | Patógeno, no patógeno, oportunista, no documentado, sin información ³ |
| cycle | Tipo de ciclo (si aplica) | Directo, indirecto ³ |
| host_reported | Hospedero reportado en el estudio | Género, especie, no reportado |
| diagnosis | Técnica de diagnóstico reportada en el estudio | Nombre de la(s) técnica(s) |
| literature_host | Hospedero reportado en la literatura para el organismo | Reporte de interacciones en literatura ³ |
| distribution_range | Rango de distribución | Distribución de la especie, desconocido ³ |
| affected_species | Grupo que afecta | Mamíferos, aves, reptiles |
| zoonotic_report | Reporte como zoonosis | Numérico: 1 (sí), 0 (no) |
| zoonotic_literature | Fuente de referencia | Autor y año |

| | | |
|--------------------------|---|--|
| diseases_mx | Listado de enfermedades de exóticas de México | Numérico: 1 (sí), 0 (no) ⁴ |
| diseases_oie | Listado de enfermedades de la OIE | Numérico: 1 (sí), 0 (no) ⁵ |
| latitude | Latitud | Decimal |
| longitude | Longitud | Decimal |
| country | País | México |
| state | Estado | Registro geográfico |
| municipality | Municipio | Registro geográfico |
| island | Isla | Registro geográfico |
| locality | Localidad | Registro geográfico |
| first_author | Primer autor | Apellido, Nombre |
| authors | Autores de la publicación | Apellido(s), Nombre(s) |
| title | Título | Título de la publicación |
| year | Año de publicación | Año de la publicación |
| journal | Revista de publicación | Nombre |
| publisher | Editorial | Nombre |
| metasearch_engine | Metabuscadador utilizado | Nombre |
| document_type | Tipo de documento | Artículo, tesis, reporte técnico, registro |
| keywords | Palabras clave | Palabras clave |
| doi | Identificador DOI | Clave alfanumérica |

Notas: ¹La taxonomía fue consultada en las bases de datos del Integrated Taxonomy Information System (ITIS, 2022), World Register of Marine Species (WORMS, 2022), Global Biodiversity Information Facility (GBIF.org, 2022) y el International Committee on Taxonomy of Viruses (ICTV, 2022); ²En caso de existir una actualización taxonómica desde el momento de la publicación; ³Información obtenida a partir de la consulta en PubMed, Enhanced Infectious Diseases Database, Global Mammal Parasite Database y del National Microbial Pathogen Database Resource; ⁴Conforme al Acuerdo de las enfermedades y plagas exóticas y endémicas de notificación obligatoria (Diario Oficial de la Federación, 2018); ⁵Conforme al Código Sanitario para los Animales Terrestres de la Organización Mundial de Sanidad Animal (OIE, 2022a).

6.3.2 Variables socioambientales

Se diseñó una segunda plantilla de base de datos en el software Microsoft Excel® para realizar la captura de información referente a cada una de las islas reportadas en la base de patógenos. Dicha plantilla cuenta con 24 campos a capturar para cada una de las islas registradas. Los campos y su descripción se presentan en la Tabla VI.

Tabla VI. Descripción de los campos a capturar por cada isla en que existan registros de patógenos.

| CAMPO | DESCRIPCIÓN | VALOR |
|---------------------------|--|--|
| island | Nombre de la isla | Nombre ¹ |
| clave | Acrónimo | Clave |
| locality | Nombre de la localidad | Nombre (si aplica) |
| lat | Latitud | Decimal |
| long | Longitud | Decimal |
| surface_km2 | Superficie de la isla | Kilómetros cuadrados ¹ |
| dist_cont_km | Distancia al continente | Kilómetros ² |
| island_aie | Especies exóticas presentes | Género y especie |
| family_aie | Familias exóticas presentes | Familia taxonómica |
| literature_doi_1 | Referencia bibliográfica | Autor, año |
| notes_1 | Notas adicionales | Información extra |
| native_genus | Género de organismos nativos | Clasificación taxonómica |
| native_family | Familia de organismos nativos | Clasificación taxonómica |
| status | Clasificación | Residente, migratoria ³ |
| literature_doi_2 | Referencia bibliográfica | Autor, año |
| notes_2 | Notas adicionales | Información extra |
| dist_category | Categoría de disturbio | 1 (baja), 2 (media), 3 (alta) ⁴ |
| literature_doi | Referencia bibliográfica | Autor, año |
| closest_island_km | Distancia a la isla más cercana | Kilómetros ² |
| closest_island | Nombre de la isla más cercana | Nombre de la isla |
| closest_aie | Especies exóticas en la isla más cercana | Clasificación taxonómica |
| closest_aie_family | Familias exóticas en la isla más cercana | Clasificación taxonómica |
| literature_doi_3 | Referencia bibliográfica | Autor, año |
| notes_3 | Notas adicionales | Información extra |

Notas: ¹Información obtenida a partir del Conjunto de datos del Territorio Insular Mexicano (INEGI, 2013); ²Calculado con el software QGIS®; ³De acuerdo con el Programa de Manejo de Islas del Golfo de California (CONANP, 2000); ⁴Conforme a la Priorización de Conservación en Islas del Golfo de California (WWF, 2006).

6.4 Análisis de los datos

6.4.1 Registros de patógenos de la región del Golfo de California

Se realizó una primera aproximación a los datos mediante estadística descriptiva, lo cual permite conocer la naturaleza y comportamiento de la información, reflejando un panorama general acerca de las categorías taxonómicas de los patógenos reportados, los hospederos confirmados y potenciales, las islas con mayor número de estudios y un análisis del origen de la información. Se identificaron las categorías taxonómicas que permitirían desarrollar análisis estadísticos a escalas específicas.

6.4.2 Registros de patógenos de la región del Golfo de California (escala: Género)

Se estableció la escala taxonómica de Género para continuar con el análisis descriptivo, generando una depuración de los registros cuya taxonomía estuviese incompleta. La totalidad de estos registros fueron comparados con el listado de enfermedades y plagas exóticas y endémicas de notificación obligatoria en México (Diario Oficial de la Federación, 2018) para identificar los géneros de importancia a nivel nacional y con el listado de enfermedades del Código Sanitario para los Animales Terrestres (OIE, 2022a), por su relevancia enzoótica.

Con el apoyo del software PAST® (Øyvind et al., 2001) se generó un Dendograma taxonómico con los registros que incluyesen la categoría de género e incluso especie (138 en total), utilizando el algoritmo para análisis filogenético UPGMA (Unweight Pair Group Method using Arithmetic averages); método que asume que las especies son grupos por sí mismas, relacionando los dos grupos más cercanos basado en la matriz de distancias (Milena, 2007). Adicionalmente se seleccionó la opción del índice de similitud de Jaccard para evaluar a los conjuntos.

6.4.3 Registros de patógenos asociados a las IGC

Se realizó una segunda depuración de los resultados manteniendo únicamente aquellos registros georreferenciados a algún territorio insular. Mediante un diagrama de Venn se visualizarán tanto la distribución de los géneros como la coincidencia entre aquellos patógenos asociados y no asociados a islas.

Con la información obtenida del Programa de Manejo de las Islas del Golfo de California (CONANP, 2000), registros en Naturalista y GBIF, se generó un listado de las especies de mamíferos, aves y reptiles nativos presentes en las islas con reporte de patógenos; se obtuvieron las familias nativas para cada isla y este listado se contrastó con las familias hospederas reportadas en la literatura para cada género patógeno. De esta manera se generó un diagrama con las familias hospederas nativas y exóticas potencialmente hospederas para cada género patógeno reportado en las IGC.

6.4.4 Modelos Lineales Generalizados: géneros patógenos asociados a islas vs variables socioambientales

A partir de la disponibilidad de la información registrada se definió la escala taxonómica de género para los patógenos a analizar, utilizando únicamente aquellos géneros que cumplieran con esta condición y cuyo registro no fuese ambiguo, es decir, claramente asociado a una isla y que ocurriera al menos en tres o más territorios insulares distintos ($n = 23$ géneros).

El método utilizado para ajustar los modelos fue el de los Modelos Lineales Generalizados, los cuales son aproximaciones paramétricas para la construcción de modelos lineales. Poseen tres componentes: el predictor lineal, la función error y una función de enlace. Los modelos fueron ajustados con variables discretas y la interacción entre ellas en la plataforma R Studio® Versión 4.0.3 (R Core Team, 2021).

Se desarrollaron modelos binomiales de presencia – ausencia, debido a la disponibilidad de información y al ser uno de los métodos mayormente utilizados en este tipo de estudios epidemiológicos (Brian y Aldridge, 2021). Se definieron las variables socioambientales a integrar en los modelos de acuerdo con la biología de cada agente patógeno, su ciclo biológico, vías de contagio y potenciales hospederos, conforme al planteamiento de la Tabla VII.

Mediante el uso de los softwares IBM SPSS Statistics® (IBM Corp., 2021) y RStudio® se realizó primeramente un análisis de regresión binaria logística a fin de explorar las variables independientes que fuesen significativas para la presencia de un patógeno determinado (valores de p menores a 0.05).

Tabla VII. Definición de las variables para los Modelos Lineales Generalizados.

| Escala taxonómica | Tipo | Variable | Nombre |
|-------------------|---------------|----------|---|
| Género | Dependiente | Discreta | a. Presencia del patógeno en las IGC |
| | | Continua | b. Distancia a continente |
| | Independiente | Discreta | c. Número de especies exóticas reportadas en la isla |
| | | Discreta | d. Número de familias taxonómicas nativas potencialmente hospederas en la isla |
| | | Discreta | e. Número de familias taxonómicas exóticas potencialmente hospederas en la isla |
| | | Discreta | f. Categoría de disturbio humano en la isla |
| | | Discreta | g. Distancia a la isla más cercana |
| | | Continua | h. Superficie de la isla |

Para la construcción de los GLM se utilizó la función “GLM” del paquete “STATS” en R Studio (R Core Team, 2021); se asumió una distribución gamma con una función de enlace de identidad ($f(x)=x$) ya que mostró el mejor ajuste al no presentarse diferencias significativas entre la distribución de los datos y una distribución gamma teórica en todos los casos, determinando el método “step-backward” de WALD. La bondad de ajuste y selección de los modelos se realizó de acuerdo con el criterio de información de Akaike (AIC, por sus siglas en inglés). Cada GLM se comparó con un modelo nulo para determinar su validez. El planteamiento para cada género y su respectiva fórmula se presenta en la Tabla VIII. Una vez obtenidos los modelos cuyas variables explicativas fueron significativas, se realizó la predicción para el patógeno en las islas donde no hubiese sido reportado, con la función “predict” del paquete STATS (R Core Team, 2021).

Tabla VIII. Modelos desarrollados especificando el patógeno, número de islas en que se ha reportado y definición de las fórmulas utilizadas.

| Género y especie | Islas registradas | Fórmula del GLM |
|--|-------------------|--|
| <i>Acanthocheilonema odendhali</i> | 10 | $y \sim \beta_0 + \beta_1x_1 + \beta_2x_3 + \beta_3x_4 + \beta_4x_5$ |
| <i>Basilia pizonychus</i> | 4 | $y \sim \beta_0 + \beta_1x_1 + \beta_2x_6 + \beta_3x_7$ |
| <i>Campylobacter</i> sp. | 9 | $y \sim \beta_0 + \beta_1x_1 + \beta_2x_3 + \beta_3x_4 + \beta_4x_5 + \beta_5x_6 + \beta_6x_7$ |
| <i>Citrobacter</i> sp. | 4 | $y \sim \beta_0 + \beta_1x_1 + \beta_2x_3 + \beta_3x_4 + \beta_4x_5 + \beta_5x_6 + \beta_6x_7$ |
| <i>Clostridium</i> sp. | 10 | $y \sim \beta_0 + \beta_1x_1 + \beta_2x_3 + \beta_3x_4 + \beta_4x_5 + \beta_5x_6 + \beta_6x_7$ |
| <i>Dirofilaria immitis</i> | 10 | $y \sim \beta_0 + \beta_1x_1 + \beta_2x_3 + \beta_3x_4 + \beta_4x_5$ |
| <i>Zalophus californianus papillomavirus</i> | 8 | $y \sim \beta_0 + \beta_1x_1 + \beta_2x_3$ |
| <i>Edwardsiella</i> sp. | 3 | $y \sim \beta_0 + \beta_1x_3 + \beta_2x_4 + \beta_3x_5$ |
| <i>Enterococcus</i> sp. | 4 | $y \sim \beta_0 + \beta_1x_3 + \beta_2x_4 + \beta_3x_5$ |
| <i>Escherichia coli</i> | 6 | $y \sim \beta_0 + \beta_1x_3 + \beta_2x_4 + \beta_3x_5$ |
| <i>RHDV-2 (Lagovirus)</i> | 3 | $y \sim \beta_0 + \beta_1x_1 + \beta_2x_3 + \beta_3x_5 + \beta_4x_6 + \beta_5x_7$ |
| <i>Leptospira</i> sp. | 8 | $y \sim \beta_0 + \beta_1x_1 + \beta_2x_3 + \beta_3x_4 + \beta_4x_5 + \beta_5x_6 + \beta_6x_7$ |
| <i>Canine morbillivirus</i> | 7 | $y \sim \beta_0 + \beta_1x_1 + \beta_2x_3 + \beta_3x_4 + \beta_4x_5$ |
| <i>Ornithodoros dyeri</i> | 4 | $y \sim \beta_0 + \beta_1x_1 + \beta_2x_3 + \beta_3x_5 + \beta_4x_6$ |
| <i>Otariid herpesvirus</i> | 9 | $y \sim \beta_0 + \beta_1x_1 + \beta_2x_3$ |
| <i>Serratia</i> sp. | 4 | $y \sim \beta_0 + \beta_1x_3 + \beta_2x_4 + \beta_3x_5$ |
| <i>Shigella</i> sp. | 3 | $y \sim \beta_0 + \beta_1x_1 + \beta_2x_3 + \beta_3x_4 + \beta_4x_5 + \beta_5x_6$ |
| <i>Speleocola cortezi</i> | 4 | $y \sim \beta_0 + \beta_1x_1 + \beta_2x_3 + \beta_3x_4 + \beta_4x_6$ |
| <i>Spinturnix mexicana</i> | 4 | $y \sim \beta_0 + \beta_1x_1 + \beta_2x_3 + \beta_3x_4 + \beta_4x_6$ |
| <i>Steatonyssus leptus</i> | 4 | $y \sim \beta_0 + \beta_1x_1 + \beta_2x_3 + \beta_3x_4 + \beta_4x_6$ |
| <i>Streptococcus</i> sp. | 4 | $y \sim \beta_0 + \beta_1x_3 + \beta_2x_4 + \beta_3x_5$ |
| <i>Toxoplasma gondii</i> | 5 | $y \sim \beta_0 + \beta_1x_1 + \beta_2x_3 + \beta_3x_4 + \beta_4x_5 + \beta_5x_6$ |
| <i>Yersinia</i> sp. | 3 | $y \sim \beta_0 + \beta_1x_3 + \beta_2x_4 + \beta_3x_5$ |

Notas: x_1 Distancia al continente; x_2 Presencia de especies exóticas; x_3 Riqueza de familias nativas hospedadas; x_4 Riqueza de familias exóticas hospedadas; x_5 Categoría de disturbio humano; x_6 Distancia a la isla más cercana y x_7 Superficie de la isla.

7. RESULTADOS

7.1 Recopilación de la información disponible

7.1.1 Búsqueda en metabuscadore científicos

La recuperación de información en los metabuscadore arrojó 10,462 documentos para su revisión. Al aplicar los criterios de elegibilidad se removieron 1,074 documentos duplicados; de los 9,388 documentos para depuración, se suprimieron 8,922 por perseguir un objetivo distinto al establecido, 342 por estar fuera del área de estudio y 102 por referir a especies hospederas distintas a las de interés (mayoritariamente refieren a peces de interés comercial y camarones), . Se incluyeron 22 documentos para la revisión sistemática, de los cuales 17 fueron artículos científicos y cinco tesis de maestría. El manejo y depuración de los documentos se describe en la Fig. 5.

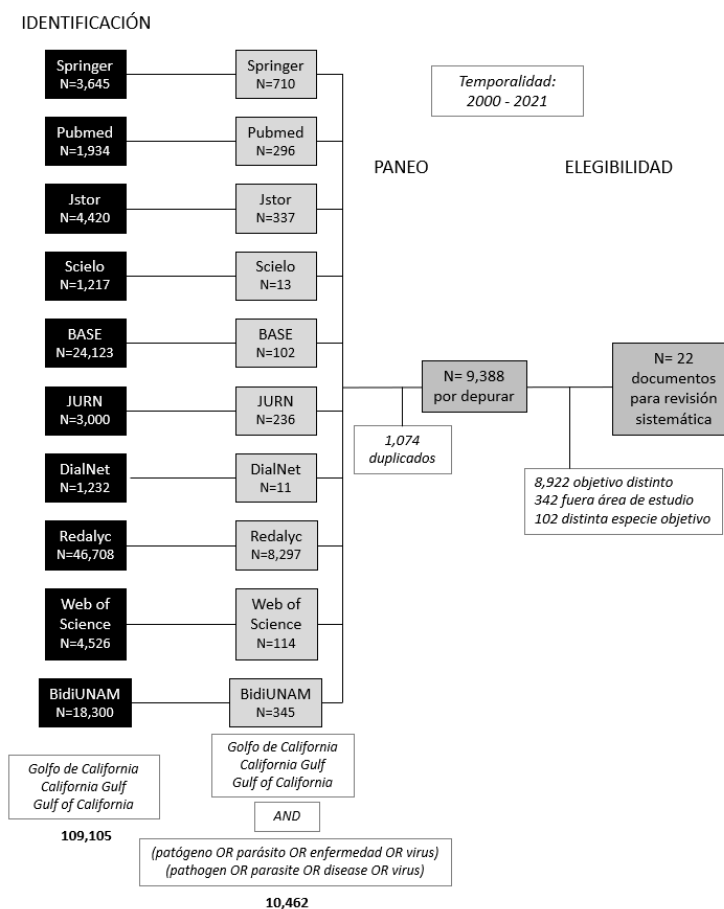


Figura 5. Diagrama de la recuperación sistemática en metabuscadore científicos de acuerdo con el método PRISMA.

7.1.2 Búsqueda en buscadores especializados

La recuperación de información en los buscadores especializados arrojó 1,882 documentos para su revisión. Al aplicar los criterios de elegibilidad se removieron 14 documentos duplicados; se trabajó con 1,868 documentos para depuración, suprimiendo 1,036 por perseguir un objetivo distinto al establecido, 251 por estar fuera del área de estudio y 307 por referir a especies hospedadoras distintas a las de interés. Finalmente se incluyeron cuatro documentos para la revisión sistemática, representados por tres tesis de maestría y una de licenciatura. El manejo y depuración de los documentos se describe en la Fig. 6.

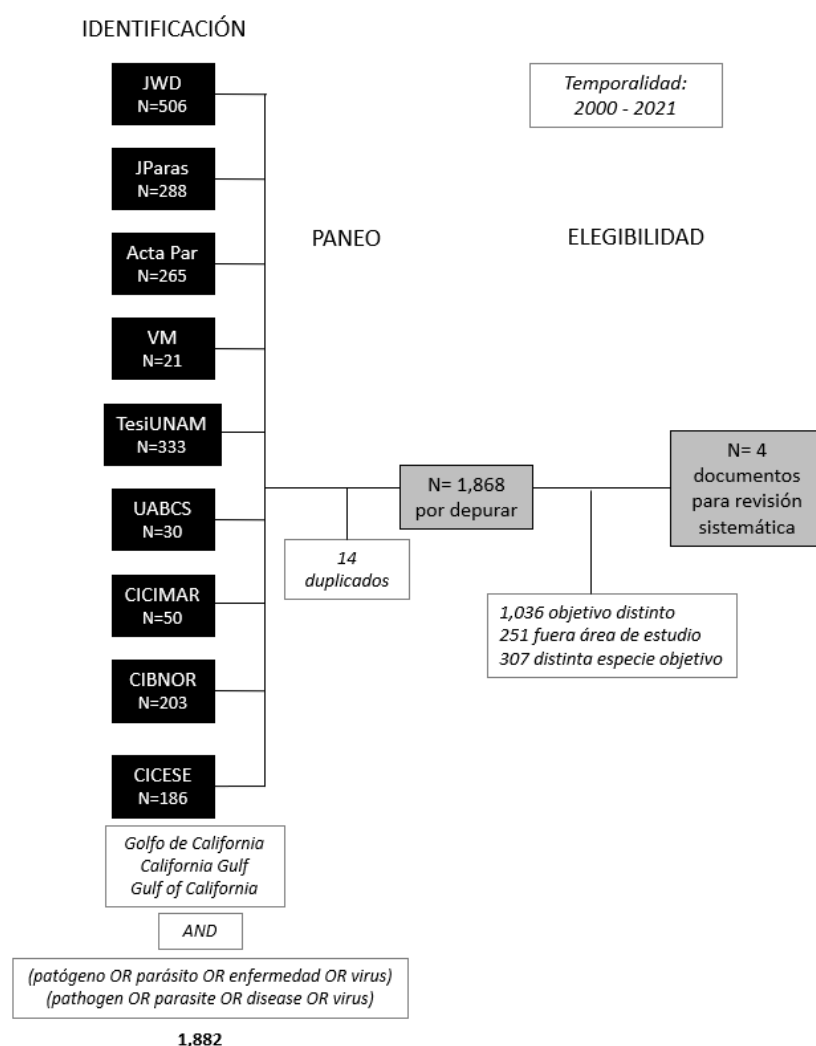


Figura 6. Diagrama de la recuperación sistemática en buscadores especializados de acuerdo con el método PRISMA.

7.1.3 Registros del Sistema Nacional de Información sobre Biodiversidad de México

La búsqueda en el SNIB arrojó 209,441 registros georreferenciados para los grupos de interés planteados en los cuatro estados de la República predefinidos. La depuración geográfica fina, acotó únicamente a 1,862 registros en el Golfo de California. De este total de registros, solamente uno fue clasificado como patógeno. El manejo y depuración de los documentos se describe en la Tabla IX.

Tabla IX. Resultados y depuración de los registros del SNIB.

| Grupo | Estados | Registros | Depuración geográfica | Por incluir a la revisión |
|---------------|-------------------|----------------|-----------------------|---------------------------|
| Bacterias | BC, BCS, SIN, SON | 17,333 | | |
| Hongos | BC, BCS, SIN, SON | 3,404 | | |
| Invertebrados | BC, BCS, SIN, SON | 155,629 | 1,862 | 1 |
| Protoctistas | BC, BCS, SIN, SON | 33,063 | | |
| Virus | BCS, SIN | 12 | | |
| | Total | 209,441 | 1,862 | 1 |

7.1.4 Consultorías y datos de las Áreas Naturales Protegidas

Se recibió respuesta por parte de cinco direcciones de Área Natural Protegida, de quienes se recuperaron nueve documentos. Se complementó la información con aquella que está disponible de manera pública en el portal de la Comisión Nacional de Áreas Naturales Protegidas (CONANP, 2022). En total se hizo la revisión de 44 documentos, de los cuales únicamente cuatro cumplieron con las características para ser integrados a la revisión; dos de ellos son reportes técnicos, un artículo científico y un resultado de laboratorio.

7.1.5 Registros Colecciones Nacionales

La búsqueda en el portal de datos abiertos arrojó 26,640 registros georreferenciados. La depuración geográfica fina, acotó únicamente a tres los registros en las IGC. De este total de registros, únicamente uno fue clasificado como patógeno. El manejo y depuración de los documentos se describe en la Tabla X.

Tabla X. Resultados y depuración de los registros de Colecciones Nacionales.

| Origen | Institución | Registros | Depuración geográfica | Por incluir |
|------------------------------|-----------------------|---------------|-----------------------|-------------|
| Colección Nacional de Ácaros | Instituto de Biología | 2,371 | | |
| Dinoflagelados | Instituto de Biología | 10,868 | 3 | 1 |
| Colección Nacional de Hongos | Instituto de Biología | 12,472 | | |
| Colección de Hongos | Facultad de Ciencias | 929 | | |
| Total | | 26,640 | 3 | 1 |

7.1.6 Sistema Mundial de Información Zoonosaria (WAHIS-OIE)

La información existente en el portal contiene 15,716 reportes de brotes de enfermedades en el país. La depuración geográfica permitió identificar dos registros para la zona, los cuales fueron incluidos en la revisión.

7.1.7 Servicio Nacional de Sanidad, Inocuidad y Calidad Agroalimentaria

No se recibió respuesta por parte de la Dirección Regional, por lo cual no se integran resultados de esta fuente.

7.1.8 Global Biodiversity Information Facility

Se recuperaron 100,965 registros de la plataforma GBIF, de los cuales únicamente 98,481 fueron posteriores al año 2000; estos últimos fueron depurados geográficamente en el software QGIS® resultando en 13,771 registros para la región del Golfo de California. Posteriormente, se eliminaron 1,119 registros al no contar con fecha de registro/colecta. La Fig. 7 esquematiza a manera de resumen los pasos seguidos en la depuración.

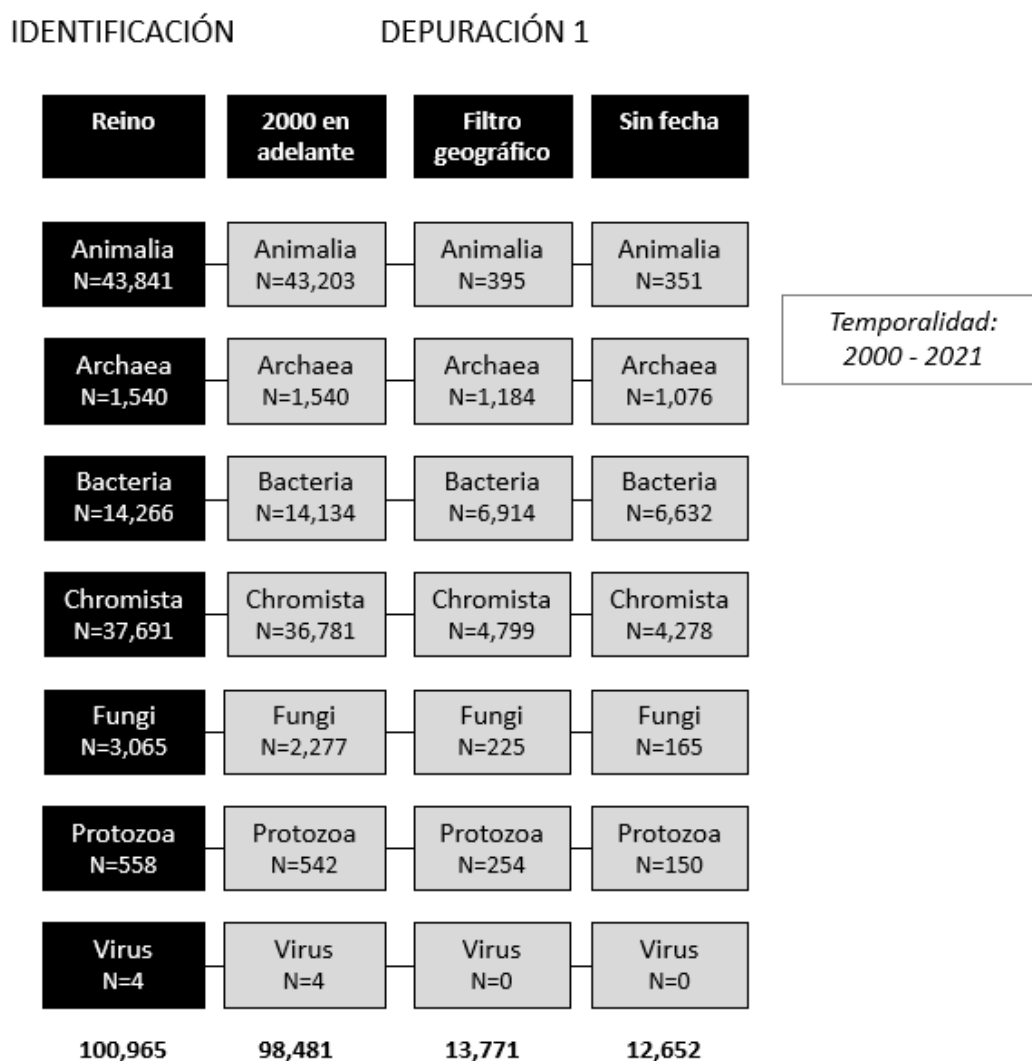


Figura 7. Diagrama de la búsqueda sistemática en la plataforma GBIF.

En una segunda depuración, se revisó la clasificación taxonómica de los 12,652 registros restantes, incluyendo únicamente a aquellos cuya escala taxonómica estuviese definida hasta nivel género (475) y que además, exista el registro de su potencial patógeno en los grupos objeto de estudio (60). Los resultados de esta segunda depuración se muestran en la Tabla XI.

Tabla XI. Depuración sistemática de los registros de GBIF.

| | Reino | Phylum | Clase | Orden | Familia | Género | Género patógeno¹ |
|----------------------------|---------------|---------------|--------------|--------------|----------------|---------------|------------------------------------|
| Animalia | 351 | 351 | 334 | 324 | 195 | 122 | 0 |
| Archaea | 1,076 | 747 | 534 | 329 | 170 | 10 | 0 |
| Bacteria | 6,632 | 5,500 | 4,605 | 3,637 | 2,350 | 116 | 60 |
| Chromista | 4,278 | 4,278 | 4,071 | 729 | 229 | 217 | 0 |
| Fungi | 165 | 70 | 54 | 47 | 41 | 8 | 0 |
| Protozoa | 150 | 147 | 21 | 5 | 5 | 2 | 0 |
| Virus | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 |
| Registros restantes | 12,652 | 11,093 | 9,619 | 5,071 | 2,990 | 475 | 60 |

Notas: ¹Información obtenida a partir de la consulta en PubMed, Enhanced Infectious Diseases Database, Global Mammal Parasite Database y del National Microbial Pathogen Database Resource.

7.1.9 Global Mammal Parasite Database

Esta base de datos reportó 24 registros para México, sin embargo, al contrastar los registros georreferenciados en el sistema de Información Geográfica, ninguno de ellos se encuentra en la región del Golfo de California.

7.2 Integración de la información seleccionada

7.2.1 Registros de patógenos de la región del Golfo de California

La integración de todos los registros resultantes de la revisión sistemática de las nueve fuentes consultadas arrojó un total de 451 registros georreferenciados, cuyo origen se expone en el diagrama de la Fig. 8; de estos registros, 387 sí especifican el organismo hospedero en el cual fueron detectados.

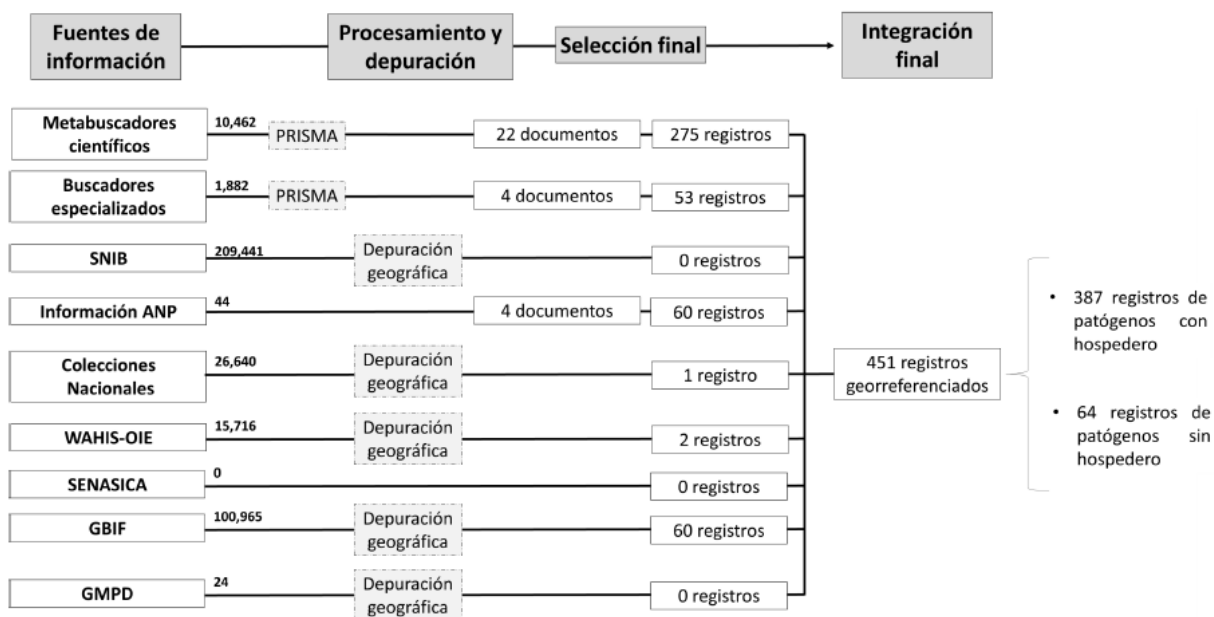


Figura 8. Diagrama de flujo de la integración de información georreferenciada de patógenos de mamíferos, aves y reptiles en el Golfo de California.

La mayor parte de los registros, el 61% (275) provienen de los metabuscadores científicos, en un segundo lugar, la información provista por las ANP y por GBIF aportaron un 13% (60) de los registros individualmente. El 12% (53) de los registros provienen de los buscadores especializados y solo el 1% (3) provienen del Sistema WAHIS-OIE y las colecciones científicas, como se muestra en la Fig. 9.

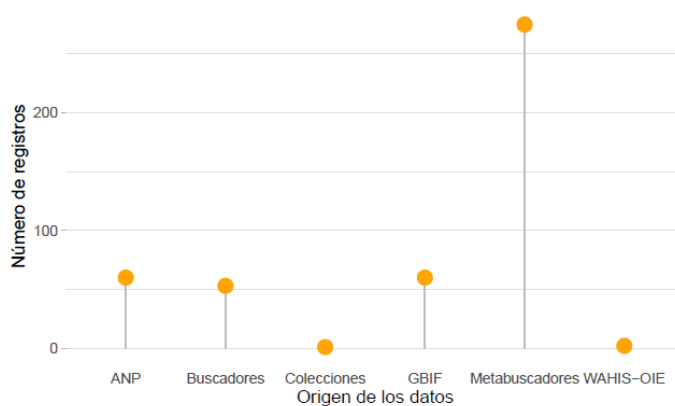


Figura 9. Distribución del origen de los registros integrados a la base de datos.

Los registros fueron clasificados en cinco grandes grupos, siendo las bacterias los organismos mayormente representados (298 observaciones), seguidos por los endoparásitos (61 observaciones), en tercer lugar los virus (54 observaciones) y posteriormente ectoparásitos y protozoarios con 28 y 10 observaciones respectivamente, como se muestra en la Fig. 10.

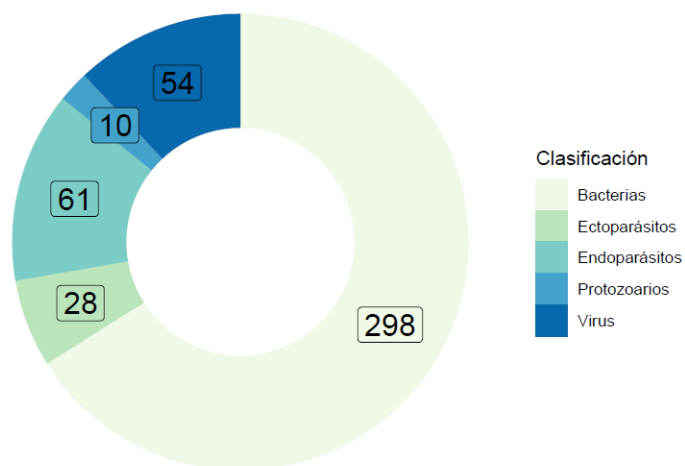


Figura 10. Clasificación general de los registros integrados a la base de datos.

Los registros de patógenos para la región del Golfo de California refieren a 12 géneros hospederos, donde destaca el lobo marino (*Zalophus californianus*) con 233 registros, seguido por el pelícano pardo (*Pelecanus occidentalis*) con 53 registros; en tercera posición ballenas del género *Balaenopterus* presenta 34 registros. El resto de las menciones se distribuye entre murciélagos del género *Myotis*, tortugas marinas de los géneros *Lepidochelys* y *Chelonya*, delfín tornillo (*Stenella longirostris*), gato doméstico (*Felis catus*), charrán elegante (*Thalasseus elegans*), gaviota ploma (*Larus heermanii*), liebres del género *Lepus* y vaquita marina (*Phocoena sinus*) (ver Fig. 11).

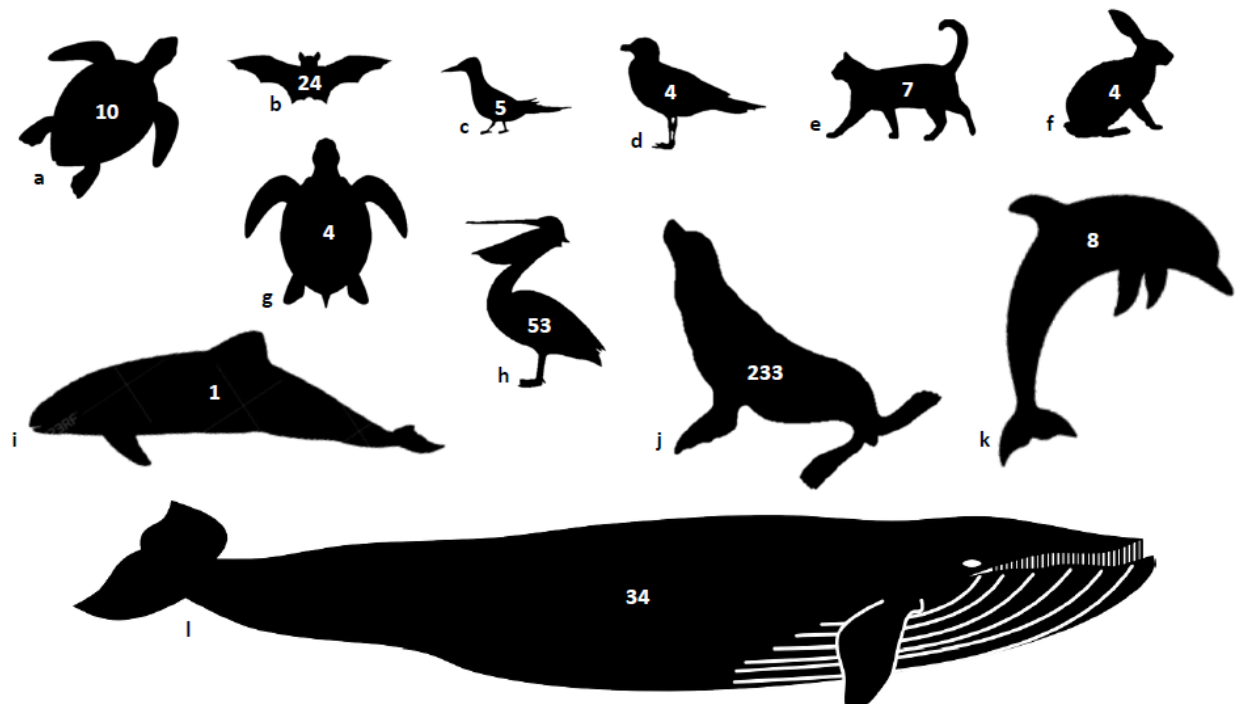


Figura 11. Especies reportadas como hospederas y número de registros existentes para cada una: a) *Lepidochelys* sp., b) *Myotis* sp., c) *Thalasseus* sp., d) *Larus* sp., e) *Felis* sp., f) *Lepus* sp., g) *Chelonya* sp., h) *Pelecanus* sp., i) *Phocoena* sp., j) *Zalophus* sp., k) *Stenella* sp., l) *Balaenoptera* sp.

En la Tabla XIII se presentan los registros de agentes patógenos reportados para cada una de las especies hospederas en la región del Golfo de California.

Tabla XII. Registros de agentes patógenos reportados por tipo de hospedero en la Región del Golfo de California.

| Hospedero reportado | Agente registrado | Referencia |
|---------------------------------|--|--|
| <i>Balaenoptera musculus</i> | <i>Balantidium</i> sp. | (Pacheco, 2019) |
| | <i>Bolbosoma balaenae</i> | (Pacheco, 2019) |
| | <i>Bolbosoma</i> sp. | (Flores-Cascante, 2012; Flores-Cascante y Gendron, 2012; Flores-Cascante et al., 2019) |
| | <i>Bolbosoma turbinella</i> | (Pacheco, 2019) |
| | <i>Crassicauda</i> sp. | (Flores-Cascante, 2012; Pacheco, 2019) |
| | <i>Diphyllobothrium</i> sp. | (Flores-Cascante et al., 2019; Pacheco, 2019) |
| | <i>Diplogonoporus</i> sp. | (Flores-Cascante, 2012) |
| | <i>Entamoeba</i> sp. | (Pacheco, 2019) |
| | <i>Giardia</i> sp. | (Pacheco, 2019) |
| | <i>Ogmogaster antarctica</i> | (Pacheco, 2019) |
| | <i>Staphylococcus capitis</i> | (Rocha, 2009) |
| <i>Staphylococcus pasteurii</i> | (Rocha, 2009) | |
| <i>Streptococcus</i> sp. | (Rocha, 2009) | |
| <i>Balaenoptera physalus</i> | <i>Bolbosoma</i> sp. | (Flores-Cascante, 2012; Flores-Cascante y Gendron, 2012; Flores-Cascante et al., 2019) |
| | <i>Crassicauda</i> sp. | (Flores-Cascante et al., 2019) |
| | <i>Ogmogaster</i> sp. | (Flores-Cascante et al., 2019) |
| <i>Chelony mydas agasizii</i> | <i>Scutavirus</i> (chelonid alphaherpesvirus 5) | (Mejía-Radillo et al., 2019) |
| | <i>Vibrio alginolyticus</i> | (Zavala-Norzagaray et al., 2015) |
| | <i>Vibrio fluvialis</i> | (Zavala-Norzagaray et al., 2015) |
| | <i>Vibrio parahaemolyticus</i> | (Zavala-Norzagaray et al., 2015) |
| <i>Felis catus</i> | <i>Leptospira interrogans</i> | (Ortiz-Alcaraz et al., 2016) |
| | <i>Leptospira kirschneri</i> | (Ortiz-Alcaraz et al., 2016) |
| | <i>Leptospira weilii</i> | (Ortiz-Alcaraz et al., 2016) |
| <i>Larus heermanii</i> | <i>Escherichia coli</i> | (Contreras-Rodríguez et al., 2019) |
| | <i>Staphylococcus aureus</i> | (Contreras-Rodríguez et al., 2019) |
| | <i>Staphylococcus sciuri</i> | (Contreras-Rodríguez et al., 2019) |
| | <i>Vibrio alginolyticus</i> | (Contreras-Rodríguez et al., 2019) |
| <i>Lepidochelys olivacea</i> | <i>Citrobacter freundii</i> | (Zavala-Norzagaray et al., 2015) |
| | <i>Edwardsiella</i> sp. | (Zavala-Norzagaray et al., 2015) |
| | <i>Escherichia coli</i> | (Zavala-Norzagaray et al., 2015) |
| | <i>Scutavirus</i> (chelonid alphaherpesvirus 5) | (Mejía-Radillo et al., 2019) |
| | <i>Vibrio alginolyticus</i> | (Zavala-Norzagaray et al., 2015) |
| | <i>Vibrio cholerae</i> | (Zavala-Norzagaray et al., 2015) |
| | <i>Vibrio fluvialis</i> | (Zavala-Norzagaray et al., 2015) |
| | <i>Vibrio furnisi</i> | (Zavala-Norzagaray et al., 2015) |
| | <i>Vibrio</i> sp. | (Zavala-Norzagaray et al., 2015) |
| <i>Vibrio parahaemolyticus</i> | (Zavala-Norzagaray et al., 2015) | |
| <i>Lepus alleni</i> | <i>Lagovirus</i> | (Lorenzo-Monterrubio et al., 2020) |

| | | |
|-------------------------------|-------------------------------------|---|
| <i>tiburonensis</i> | | |
| <i>Lepus insularis</i> | <i>Lagovirus</i> | (CPA, 2021; OIE, 2021, 2022b) |
| <i>Myotis</i> sp. | <i>Whartonia sonorensis</i> | (IBUNAM, 2000) |
| <i>Myotis vivesi</i> | <i>Acanthopthirus pizonixeos</i> | (Pérez-Corona, 2003) |
| | <i>Basilisa pyzonichus</i> | (Pérez-Corona, 2003) |
| | <i>Ornithodoros dyeri</i> | (Pérez-Corona, 2003) |
| | <i>Pteracarus pizonychus</i> | (Pérez-Corona, 2003) |
| | <i>Speleocola cortezi</i> | (Pérez-Corona, 2003) |
| | <i>Spinturnix mexicana</i> | (Pérez-Corona, 2003) |
| | <i>Steatonyssus leptus</i> | (Pérez-Corona, 2003) |
| | <i>Whartonia sonorensis</i> | (Pérez-Corona, 2003) |
| <i>Pelecanus occidentalis</i> | <i>Citrobacter braaki</i> | (Zepeda, 2006) |
| | <i>Citrobacter</i> sp. | (Zepeda, 2006) |
| | <i>Citrobacter sedlakii</i> | (Zepeda, 2006) |
| | <i>Contracecum multipapillatum</i> | (Molina-Fernández et al., 2017; Valles-Vega et al., 2017) |
| | <i>Edwardsiella hoshinae</i> | (Zepeda, 2006) |
| | <i>Edwardsiella tarda</i> | (Zepeda, 2006) |
| | <i>Enterobacter aerogenes</i> | (Zepeda, 2006) |
| | <i>Enterobacter cancerogenus</i> | (Zepeda, 2006) |
| | <i>Enterobacter gergoviae</i> | (Zepeda, 2006) |
| | <i>Enterococcus faecium</i> | (Zepeda, 2006) |
| | <i>Enterococcus gallinarum</i> | (Zepeda, 2006) |
| | <i>Erysipelothrix rhusiopathiae</i> | (Zepeda, 2006) |
| | <i>Escherichia coli</i> | (Zepeda, 2006) |
| | <i>Hafnia alvei</i> | (Zepeda, 2006) |
| | <i>Kluyvera ascorbata</i> | (Zepeda, 2006) |
| | <i>Kocuria kristinae</i> | (Zepeda, 2006) |
| | <i>Plesiomonas shigelloides</i> | (Zepeda, 2006) |
| | <i>Proteus mirabilis</i> | (Zepeda, 2006) |
| | <i>Proteus vulgaris</i> | (Zepeda, 2006) |
| | <i>Providencia alcalifaciens</i> | (Zepeda, 2006) |
| | <i>Providencia rettgeri</i> | (Zepeda, 2006) |
| | <i>Raoultella ornithinolytica</i> | (Zepeda, 2006) |
| | <i>Salmonella enterica</i> | (Zepeda, 2006) |
| | <i>Serratia marescens</i> | (Zepeda, 2006) |
| | <i>Serratia odorifera</i> | (Zepeda, 2006) |
| | <i>Shigella</i> sp. | (Zepeda, 2006) |
| | <i>Shigella sonnei</i> | (Zepeda, 2006) |
| | <i>Streptococcus bovis</i> | (Zepeda, 2006) |
| | <i>Streptococcus mutans</i> | (Zepeda, 2006) |
| | <i>Streptococcus sanguinis</i> | (Zepeda, 2006) |
| <i>Vagococcus fluvialis</i> | (Zepeda, 2006) | |
| <i>Yersinia rohdei</i> | (Zepeda, 2006) | |
| <i>Yersinia ruckeri</i> | (Zepeda, 2006) | |
| <i>Phococaena sinus</i> | <i>Synthesium tursionis</i> | (García-Prieto et al., 2012) |
| <i>Stenella</i> | <i>Anisakis típica</i> | (García-Prieto et al., 2012) |

| | | |
|----------------------------------|---|---|
| <i>longirostris</i> | <i>Bolbosoma hamiltoni</i> | (García-Prieto et al., 2012) |
| | <i>Brachycladium pacificum</i> | (García-Prieto et al., 2012) |
| | <i>Strobilocephalus triangularis</i> | (García-Prieto et al., 2012) |
| | <i>Synthesium tursionis</i> | (García-Prieto et al., 2012) |
| | <i>Tetrabothrius</i> sp. | (García-Prieto et al., 2012) |
| | <i>Trigonocotyle</i> sp. | (García-Prieto et al., 2012) |
| <i>Thalasseus elegans</i> | <i>Escherichia coli</i> | (Contreras-Rodríguez et al., 2019) |
| | <i>Staphylococcus aureus</i> | (Contreras-Rodríguez et al., 2019) |
| | <i>Staphylococcus saprophyticus</i> | (Contreras-Rodríguez et al., 2019) |
| | <i>Staphylococcus sciuri</i> | (Contreras-Rodríguez et al., 2019) |
| | <i>Vibrio parahaemolyticus</i> | (Contreras-Rodríguez et al., 2019) |
| <i>Zalophus californianus</i> | <i>Acanthocheilonema odendhali</i> | (Farriols et al., 2020) |
| | <i>Acinetobacter baumannii</i> | (Hernández-Castro et al., 2005) |
| | <i>Acinetobacter calcoaceticus</i> | (Hernández-Castro et al., 2005) |
| | <i>Acinetobacter iwoffii</i> | (Hernández-Castro et al., 2005) |
| | <i>Aeromonas</i> sp. | (Hernández-Castro et al., 2005) |
| | <i>Anisakis</i> sp. | (García-Prieto et al., 2012) |
| | <i>Antarctophthirus microchir</i> | (Izquierdo-Suzán et al., 2013; Sánchez-Montes et al., 2013) |
| | <i>Arcanobacterium haemolyticum</i> | (Hernández-Castro et al., 2005) |
| | <i>Bacillus coagulans</i> | (Hernández-Castro et al., 2005) |
| | <i>Brucella ceti</i> | (Ávalos-Téllez et al., 2014) |
| | <i>Brucella melitensis</i> | (Ávalos-Téllez et al., 2014) |
| | <i>Brucella</i> sp. | (Ávalos-Téllez et al., 2014) |
| | <i>Brucella pinnipedialis</i> | (Ávalos-Téllez et al., 2014) |
| | <i>Campylobacter</i> sp. | (Pereida-Aguilar, 2021) |
| | <i>Clostridium</i> sp. | (Pereida-Aguilar, 2021) |
| | <i>Corynosoma</i> sp. | (García-Prieto et al., 2012) |
| | <i>Diphyllobothrium</i> sp. | (García-Prieto et al., 2012) |
| | <i>Dirofilaria immitis</i> | (Farriols et al., 2020) |
| | <i>Dyonupapillomavirus</i> (<i>Z. californianus</i> papillomavirus 1) | (Peñín et al., 2019; Pereida-Aguilar, 2021) |
| | <i>Escherichia coli</i> | (Hernández-Castro et al., 2005, 2020) |
| | <i>Klebsiella</i> sp. | (Hernández-Castro et al., 2005) |
| | <i>Kocuria varians</i> | (Hernández-Castro et al., 2005) |
| | <i>Kurthia</i> sp. | (Hernández-Castro et al., 2005) |
| | <i>Leptospira borgpetersenii</i> | (Ávalos-Téllez et al., 2016) |
| | <i>Leptospira interrogans</i> | (Acevedo-Whitehouse, 2001; Ávalos-Téllez et al., 2016) |
| | <i>Leptospira kirschneri</i> | (Acevedo-Whitehouse, 2001; Acevedo-Whitehouse et al., 2003; Ávalos-Téllez et al., 2016) |
| | <i>Leptospira weilii</i> | (Ávalos-Téllez et al., 2016) |
| <i>Leptospira wolffii</i> | (Ávalos-Téllez et al., 2016) | |
| <i>Lysinibacillus sphaericus</i> | (Hernández-Castro et al., 2005) | |
| <i>Micrococcus luteus</i> | (Hernández-Castro et al., 2005) | |
| <i>Moraxella bovis</i> | (Hernández-Castro et al., 2005) | |
| <i>Moraxella catarrhalis</i> | (Hernández-Castro et al., 2005) | |
| <i>Moraxella lacunata</i> | (Hernández-Castro et al., 2005) | |

| | |
|---|---|
| <i>Moraxella nonliquefaciens</i> | (Hernández-Castro et al., 2005) |
| <i>Moraxella</i> sp. | (Hernández-Castro et al., 2005) |
| <i>Moraxella osloensis</i> | (Hernández-Castro et al., 2005) |
| <i>Morbillivirus (Canine morbillivirus)</i> | (Rivera, 2010; Suárez-Ramírez, 2014) |
| <i>Morbillivirus (Phocine morbillivirus)</i> | (Suárez-Ramírez, 2014) |
| <i>Neisseria flavescens</i> | (Hernández-Castro et al., 2005) |
| <i>Neisseria mucosa</i> | (Hernández-Castro et al., 2005) |
| <i>Neisseria</i> sp. | (Hernández-Castro et al., 2005) |
| <i>Orthohalarachne</i> sp. | (Izquierdo-Suzán et al., 2013) |
| <i>Pseudomonas</i> sp. | (Hernández-Castro et al., 2005) |
| <i>Psychrobacter phenylpyruvicus</i> | (Hernández-Castro et al., 2005) |
| <i>Rhadinovirus</i> (Human gammaherpesvirus 8) | (Peñín et al., 2019) |
| <i>Staphylococcus aureus</i> | (Hernández-Castro et al., 2005) |
| <i>Staphylococcus epidermis</i> | (Hernández-Castro et al., 2005) |
| <i>Stenotrophomona maltophilia</i> | (Hernández-Castro et al., 2005) |
| <i>Toxoplasma gondii</i> | (López-Fernández, 2015) |
| <i>Uncinaria</i> sp. | (García-Prieto et al., 2012) |
| <i>Unclassified otariid herpesvirus</i> | (Peñín et al., 2019; Pereida-Aguilar, 2021) |

La distribución geográfica de los registros se ve representada mayoritariamente en la región de las grandes islas (medio Golfo de California), donde se han llevado a cabo la mayoría de los trabajos. En las Fig. 12 y 13 se esquematiza la localización de los registros y los géneros de los hospederos reportados en la literatura.

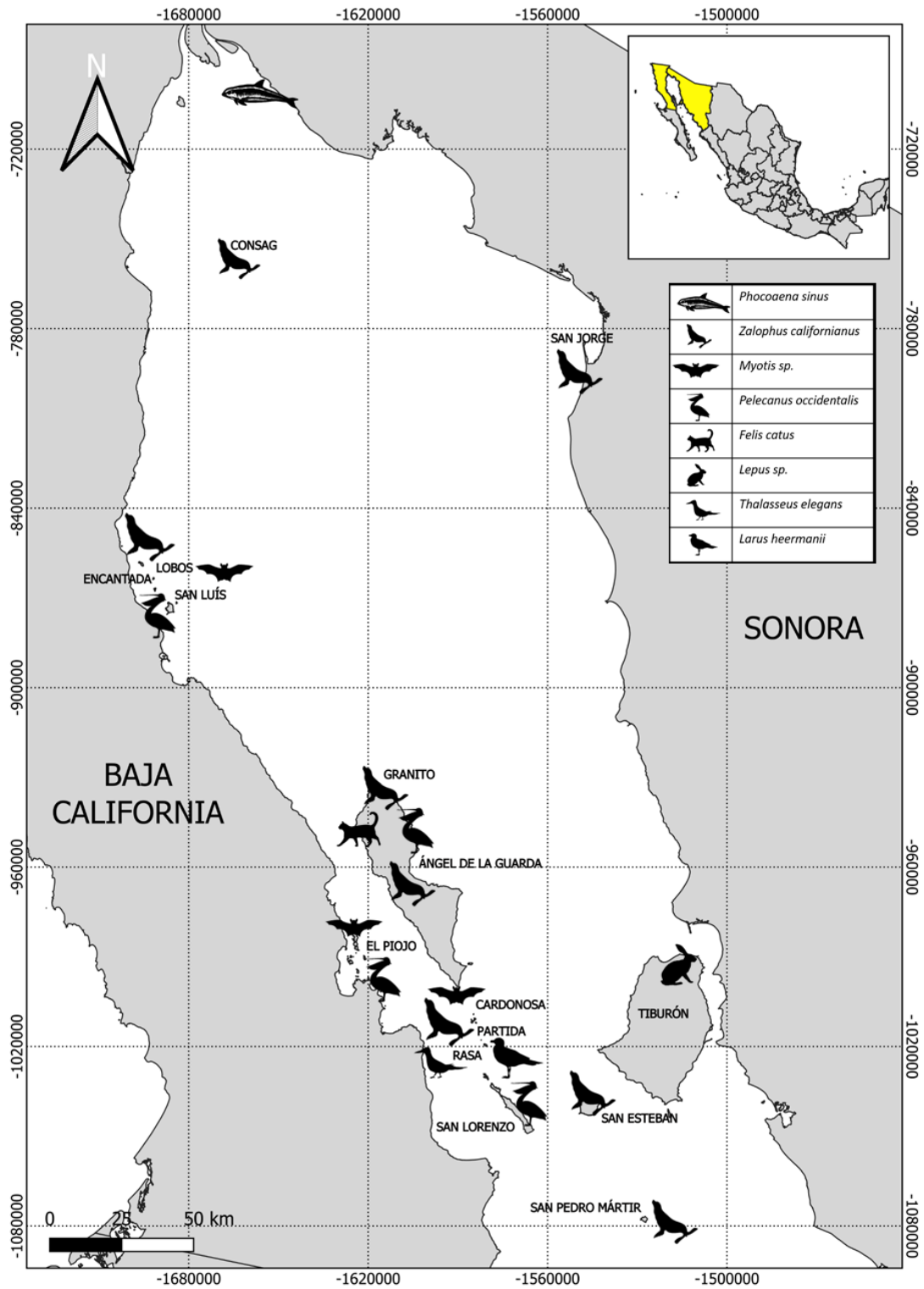


Figura 12. Distribución geográfica de los registros haciendo énfasis en los hospederos descritos en la región Norte y Centro del Golfo de California.

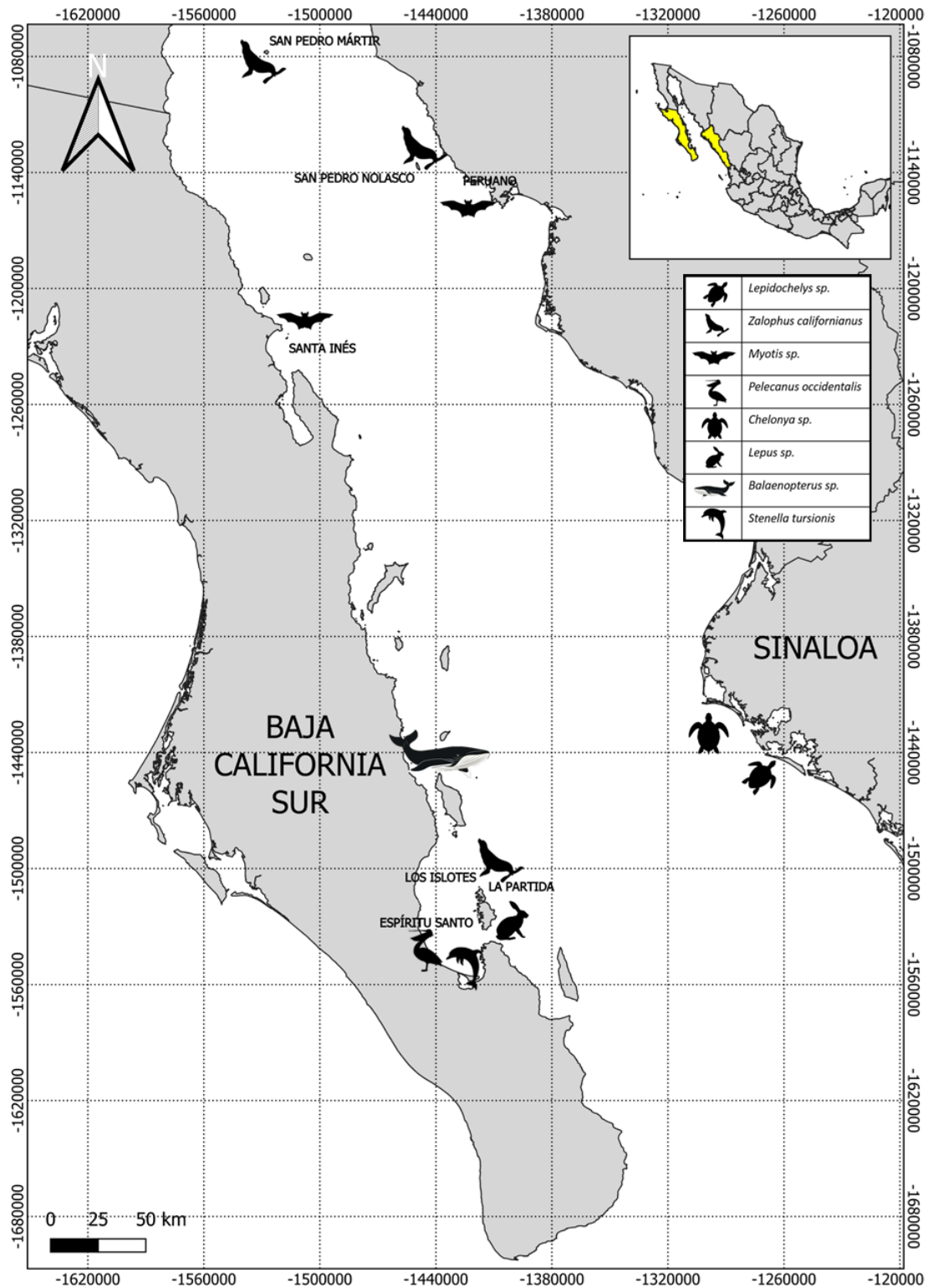


Figura 13. Distribución geográfica de los registros haciendo énfasis en los hospederos descritos en la región Sur del Golfo de California.

Los registros están distribuidos taxonómicamente en ocho reinos, siendo el reino Bacteria nuevamente el mayor representado (298 reportes), seguido por organismos del reino Animalia (89 reportes) y en menor proporción los reinos Orthonavirae, Heunggongvirae, Shotokuvirae, Chromista, Protozoa y Chromalveolata. De los ocho reinos registrados se desprenden 20 Phyla, 26 Clases, 44 Órdenes, 59 Familias, 85 Géneros y 97 especies, conforme a lo presentado en la Tabla XIII.

Tabla XIII. Distribución taxonómica de los registros compilados en la región del Golfo de California.

| Reino | Phylum | Clase | Orden | Familia | Género | Especie |
|-----------------------|-----------|-----------|-----------|-----------|-----------|-----------|
| Animalia | 4 | 6 | 13 | 20 | 26 | 20 |
| Bacteria | 8 | 12 | 23 | 30 | 49 | 69 |
| Chromalveolata | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 |
| Chromista | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 |
| Heunggongvirae | 1 | 1 | 1 | 2 | 3 | 3 |
| Orthonavirae | 2 | 2 | 2 | 2 | 2 | 3 |
| Protozoa | 2 | 2 | 2 | 2 | 2 | 0 |
| Shotokuvirae | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 |
| Total | 20 | 26 | 44 | 59 | 85 | 97 |

7.2.2 Registros de patógenos de la región del Golfo de California (escala: Género)

Se definió la escala taxonómica de Género para análisis; se reportan 85 géneros patógenos para las Clases Mammalia, Aves y Reptilia en la región del Golfo de California. De éstos, 47 han sido descritos como patógenos en los hospederos reportados; 23 géneros son clasificados como patógenos oportunistas, 10 géneros permanecen como patógenos indeterminados (derivado de la novedad del registro en el hospedero) y cinco géneros clasificados como patógenos transitorios.

En cuanto al estatus de salud pública, de los 85 géneros patógenos identificados 60 son reportados como de potencial zoonótico. De este total, 13 géneros patógenos se encuentran reportados en el listado de enfermedades y plagas exóticas y endémicas de notificación obligatoria en México (Diario Oficial de la Federación, 2018) y 12 en el listado de enfermedades del Código Sanitario para los Animales Terrestres de la Organización Mundial de Sanidad Animal (OIE, 2022a).

Se generó el Dendograma taxonómico con los registros que incluyesen género y/o especie (138 en total), utilizando el algoritmo UPGMA y el índice de similitud de Jaccard, obteniendo un valor de correlación de Cophen de 0.9997.

Dicho diagrama permite identificar las categorías taxonómicas a las que pertenece cada patógeno así como identificar los 60 géneros que cuentan con un reporte zoonótico; en el mismo diagrama se indican aquellos géneros que han sido reportados en la literatura como patógenos potenciales de las Clases Mammalia, Aves y Reptilia (ver Fig. 14).

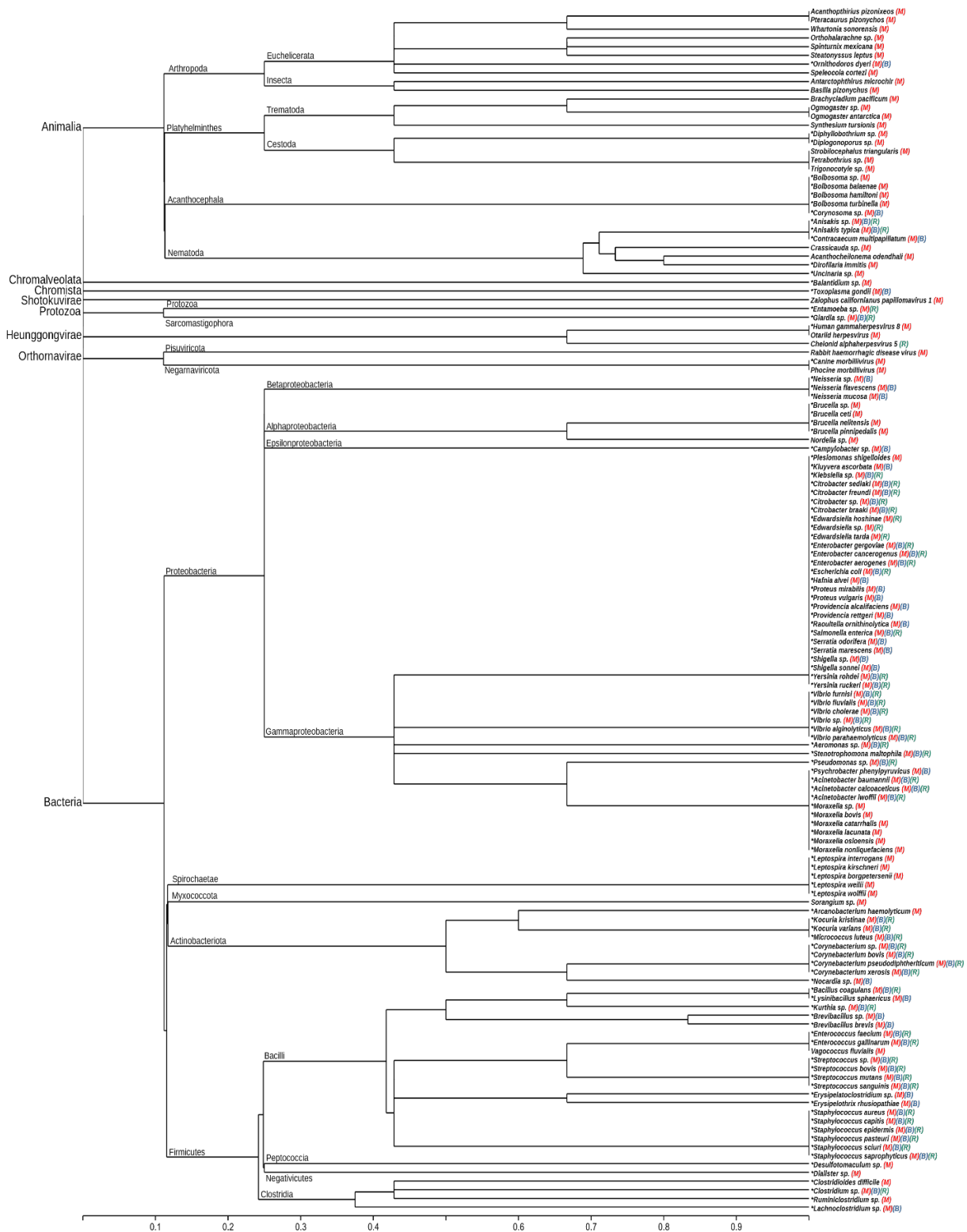


Figura 14. Dendrograma filogenético de los géneros y especies de patógenos reportados en el Golfo de California con anotaciones sobre Clases hospederas potenciales. Notas: *Reporte zoonótico; (M) Reportes en mamíferos; (B) Reportes en aves; (R) Reportes en reptiles.

7.2.3 Registros de patógenos asociados a las IGC

Se registraron 61 géneros patógenos asociados a IGC, de los cuales únicamente 10 son compartidos con el grupo de patógenos no asociados a islas (ver Fig. 15), representados por los géneros *Anisakis* y *Diphyllobothrium* (pertenecientes al Reino Animalia) y *Brevibacillus*, *Citrobacter*, *Corynebacterium*, *Edwardsiella*, *Escherichia*, *Staphylococcus*, *Streptococcus* y *Vibrio* (del Reino Bacteria).

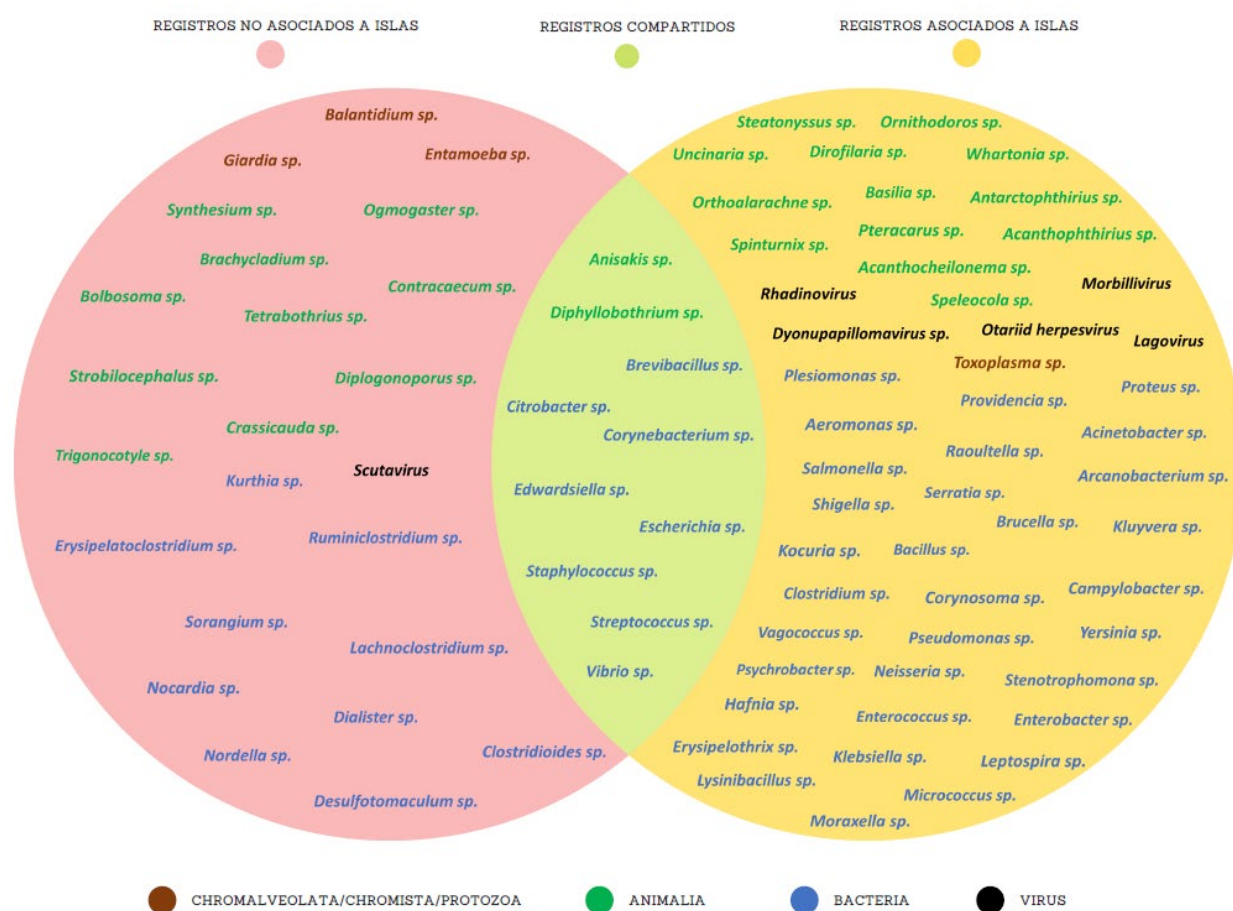


Figura 15. Diagrama de Venn representando los géneros patógenos comunes para ambos grupos, Géneros patógenos asociados a islas y Géneros patógenos no asociados a islas.

Del total de registros, 332 (73.6%) están georreferenciados en territorios insulares, el resto (119 registros) fueron colectados en el mar o en costa continental. De manera que, los estudios referentes a patógenos en el Golfo de California han sido llevados a cabo en 22 islas, como se muestra en la Tabla XIV. Nota: de los 332 registros en islas, 34 son ambiguos en determinar la isla en que se colectó/detectó el organismo al no asociar géneros patógenos a islas específicas.

Tabla XIV. Islas del Golfo de California en donde se han llevado a cabo estudios sobre patógenos en mamíferos, aves y reptiles.

| Isla | Clave | Géneros patógenos reportados |
|--------------------|--------------|-------------------------------------|
| Ángel de la Guarda | ADG | 21 |
| Encantada | ENC | 5 |
| Espíritu Santo | ESA | 1 |
| Granito | GRA | 11 |
| Islote Peruano | IPE | 1 |
| Lobos | LOB | 8 |
| Los Islotes | ISL | 9 |
| Partida Norte | PNO | 8 |
| Partida sur | PSU | 1 |
| Partido | PAR | 4 |
| Piojo | PIO | 15 |
| Rasa | RAS | 3 |
| Rasito | RTO | 9 |
| Rocas Consag | ROC | 7 |
| San Esteban | SES | 9 |
| San Jorge | SJO | 6 |
| San Lorenzo | SLO | 14 |
| San Luis Gonzaga | SLG | 10 |
| San Pedro Mártir | SPM | 4 |
| San Pedro Nolasco | SPN | 6 |
| Santa Inés | SIN | 5 |
| Tiburón | TIB | 1 |

De manera que se generó un listado de los agentes patógenos presentes en cada una de las 22 islas, contemplando las especies hospederas involucradas, como se presenta en la Tabla XV.

Tabla XV. Agentes patógenos reportados en las islas del Golfo de California en el periodo 2000-2021. Se incluyen las especies hospederas involucradas.

| Territorio insular | Hospedero | Agente patógeno |
|---------------------------|-------------------------------|--|
| | <i>Felis catus</i> | <i>Leptospira interrogans</i> <i>Leptospira kirschneri</i> <i>Leptospira weilii</i> |
| | <i>Pelecanus occidentalis</i> | <i>Citrobacter sedlakii</i> <i>Edwardsiella tarda</i> <i>Enterobacter cancerogenus</i> <i>Enterobacter gergoviae</i> <i>Enterococcus faecium</i> <i>Escherichia coli</i> <i>Kocuria kristinae</i> <i>Raoultella ornithinolytica</i> <i>Serratia odorifera</i> <i>Shigella</i> sp. <i>Streptococcus mutans</i> <i>Streptococcus sanguinis</i> <i>Yersinia rohdei</i> |
| Ángel de la Guarda | <i>Zalophus californianus</i> | <i>Acanthocheilonema odendhali</i> <i>Antarctophthirus microchir</i> <i>Campylobacter</i> sp. <i>Clostridium</i> sp. <i>Dirofilaria immitis</i> <i>Dyonupapillomavirus</i> (<i>Z. californianus</i> papillomavirus 1) <i>Leptospira borgpetersenii</i> <i>Leptospira interrogans</i> <i>Leptospira kirschneri</i> <i>Leptospira weilii</i> <i>Leptospira wolffii</i> <i>Morbillivirus</i> (morbillivirus canino) <i>Morbillivirus</i> (morbillivirus de fócidos) <i>Toxoplasma gondii</i> Unclassified otariid herpesvirus |
| Encantada | <i>Myotis vivesi</i> | <i>Basilisa pizonychus</i> <i>Ornithodoros dyeri</i> <i>Speleocola cortezi</i> <i>Spinturnix mexicana</i> <i>Steatonyssus leptus</i> |
| Espíritu Santo | <i>Lepus insularis</i> | <i>Lagovirus</i> |
| Granito | <i>Zalophus californianus</i> | <i>Acanthocheilonema odendhali</i> <i>Antarctophthirus microchir</i> <i>Campylobacter</i> sp. <i>Clostridium</i> sp. <i>Dirofilaria immitis</i> |

| | | |
|-----------------------|-------------------------------|--|
| | | <i>Dyonupapillomavirus</i> <i>(Z. californianus papillomavirus 1)</i> <i>Leptospira borgpetersenii</i> <i>Leptospira interrogans</i> <i>Leptospira kirschneri</i> <i>Leptospira weilii</i> <i>Leptospira wolffii</i> <i>Morbillivirus (morbillivirus canino)</i> <i>Morbillivirus (morbillivirus de fócidos)</i> <i>Orthohalarachne sp.</i> <i>Toxoplasma gondii</i> <i>Uncinaria sp.</i> |
| Islote Peruano | <i>Myotis sp.</i> | <i>Whartonia sonorensis</i> |
| Lobos | <i>Zalophus californianus</i> | <i>Acanthocheilonema odendhali</i> <i>Campylobacter sp.</i> <i>Clostridium sp.</i> <i>Dirofilaria immitis</i> <i>Leptospira borgpetersenii</i> <i>Leptospira interrogans</i> <i>Leptospira kirschneri</i> <i>Leptospira weilii</i> <i>Leptospira wolffii</i> <i>Morbillivirus (morbillivirus canino)</i> <i>Toxoplasma gondii</i> |
| Los islotes | <i>Zalophus californianus</i> | <i>Unclassified otariid herpesvirus</i> <i>Acanthocheilonema odendhali</i> <i>Anisakis sp.</i> <i>Campylobacter sp.</i> <i>Clostridium sp.</i> <i>Corynosoma sp.</i> <i>Diphyllobothrium sp.</i> <i>Dirofilaria immitis</i> <i>Dyonupapillomavirus</i> <i>(Z. californianus papillomavirus 1)</i> <i>Unclassified otariid herpesvirus</i> |
| Partida norte | <i>Myotis vivesi</i> | <i>Acanthophthirius pizonixeos</i> <i>Basilisa pizonychus</i> <i>Ornithodoros dyeri</i> <i>Pteracarus pizonychus</i> <i>Speleocola cortezi</i> <i>Spinturnix mexicana</i> <i>Steatonyssus leptus</i> |
| Partida Sur | <i>Lepus insularis</i> | <i>Morbillivirus (morbillivirus canino)</i> <i>Morbillivirus (morbillivirus de fócidos)</i> <i>Lagovirus</i> |
| Partido | <i>Zalophus californianus</i> | <i>Acanthocheilonema odendhali</i> <i>Dirofilaria immitis</i> <i>Leptospira borgpetersenii</i> |

| | | |
|--------------------|-------------------------------|--|
| | | <i>Leptospira interrogans</i> <i>Leptospira kirschneri</i> <i>Leptospira weilii</i> <i>Leptospira wolffii</i> <i>Toxoplasma gondii</i> |
| | <i>Myotis vivesi</i> | <i>Basilisa pizonychus</i> <i>Ornithodoros dyeri</i> <i>Speleocola cortezi</i> <i>Spinturnix mexicana</i> <i>Steatonyssus leptus</i> <i>Whartonia sonorensis</i> |
| Piojo | <i>Pelecanus occidentalis</i> | <i>Citrobacter</i> sp. <i>Edwardsiella hoshinae</i> <i>Edwardsiella tarda</i> <i>Enterobacter aerogenes</i> <i>Enterococcus faecium</i> <i>Escherichia coli</i> <i>Proteus mirabilis</i> <i>Providencia alcalifaciens</i> <i>Serratia odorifera</i> <i>Streptococcus bovis</i> |
| | <i>Larus heermanii</i> | <i>Escherichia coli</i> <i>Staphylococcus aureus</i> <i>Staphylococcus sciuri</i> <i>Vibrio alginolyticus</i> |
| Rasa | <i>Thalasseus elegans</i> | <i>Escherichia coli</i> <i>Staphylococcus aureus</i> <i>Staphylococcus saprophyticus</i> <i>Staphylococcus sciuri</i> <i>Vibrio parahaemolyticus</i> |
| | <i>Zalophus californianus</i> | <i>Acanthocheilonema odendhali</i> <i>Campylobacter</i> sp. <i>Clostridium</i> sp. <i>Dirofilaria immitis</i> <i>Dyonupapillomavirus</i> <i>(Z. californianus papillomavirus 1)</i> <i>Leptospira kirschneri</i> <i>Morbillivirus (morbillivirus canino)</i> <i>Morbillivirus (morbillivirus de fócidos)</i> <i>Toxoplasma gondii</i> Unclassified otariid herpesvirus |
| Roca Consag | <i>Zalophus californianus</i> | <i>Acanthocheilonema odendhali</i> <i>Clostridium</i> sp. <i>Dirofilaria immitis</i> <i>Dyonupapillomavirus</i> <i>(Z. californianus papillomavirus 1)</i> <i>Leptospira borgpetersenii</i> <i>Leptospira interrogans</i> <i>Leptospira kirschneri</i> |

| | | |
|-------------------------|-------------------------------|---|
| | | <i>Leptospira weilii</i> <i>Leptospira wolffii</i> <i>Morbillivirus</i> (morbillivirus canino) <i>Morbillivirus</i> (morbillivirus de fócidos) Unclassified otariid herpesvirus |
| San Esteban | <i>Zalophus californianus</i> | <i>Acanthocheilonema odendhali</i> <i>Brucella ceti</i> <i>Brucella melitensis</i> <i>Brucella pinnipedialis</i> <i>Brucella</i> sp. <i>Campylobacter</i> sp. <i>Clostridium</i> sp. <i>Dirofilaria immitis</i> <i>Dyonupapillomavirus</i> (Z. <i>californianus</i> papillomavirus 1) <i>Escherichia coli</i> <i>Leptospira kirschneri</i> Unclassified otariid herpesvirus |
| San Jorge | <i>Zalophus californianus</i> | <i>Acanthocheilonema odendhali</i> <i>Campylobacter</i> sp. <i>Clostridium</i> sp. <i>Dirofilaria immitis</i> <i>Dyonupapillomavirus</i> (Z. <i>californianus</i> papillomavirus 1) Unclassified otariid herpesvirus |
| San Lorenzo | <i>Pelecanus occidentalis</i> | <i>Citrobacter braakii</i> <i>Edwardsiella tarda</i> <i>Enterococcus faecium</i> <i>Enterococcus gallinarum</i> <i>Escherichia coli</i> <i>Kluyvera ascorbata</i> <i>Plesiomonas shigelloides</i> <i>Proteus vulgaris</i> <i>Providencia rettgeri</i> <i>Salmonella enterica</i> <i>Serratia odorifera</i> <i>Shigella sonnei</i> <i>Streptococcus bovis</i> <i>Streptococcus mutans</i> <i>Streptococcus sanguinis</i> <i>Vagococcus fluvialis</i> <i>Yersinia ruckeri</i> |
| San Luis Gonzaga | <i>Pelecanus occidentalis</i> | <i>Citrobacter</i> sp. <i>Enterococcus faecium</i> <i>Erysipelothrix rhusiopathiae</i> <i>Escherichia coli</i> <i>Hafnia alvei</i> <i>Serratia marescens</i> <i>Serratia odorifera</i> |

| | | |
|--------------------------|----------------------------------|--|
| | | <i>Shigella</i> sp. <i>Streptococcus mutans</i> <i>Streptococcus sanguinis</i> <i>Yersinia ruckeri</i> |
| | <i>Zalophus californianus</i> | <i>Morbillivirus</i> (morbillivirus canino) <i>Morbillivirus</i> (morbillivirus de fócidos) |
| San Pedro Mártir | <i>Zalophus californianus</i> | <i>Campylobacter</i> sp. <i>Clostridium</i> sp. <i>Leptospira kirschneri</i> Unclassified otariid herpesvirus |
| San Pedro Nolasco | <i>Zalophus californianus</i> | <i>Acanthocheilonema odendhali</i> <i>Campylobacter</i> sp. <i>Clostridium</i> sp. <i>Dirofilaria immitis</i> <i>Dyonupapillomavirus</i> <i>(Z. californianus papillomavirus 1)</i> Unclassified otariid herpesvirus |
| Santa Inés | <i>Myotis vivesi</i> | <i>Basilia pizonychus</i> <i>Ornithodoros dyeri</i> <i>Speleocola cortezi</i> <i>Spinturnix mexicana</i> <i>Steatonyssus leptus</i> |
| Tiburón | <i>Lepus alleni tiburonensis</i> | <i>Lagovirus</i> (enfermedad hemorrágica) |

Para cada uno de los géneros patógenos registrados en las IGC se realizó un listado de las familias hospederas reportadas en la literatura disponible (nacional/internacional). Este listado se contrastó con el de las familias nativas y exóticas presentes en cada una de las 22 islas de interés, generando así un diagrama de cuerdas (ver Fig. 16) que representa la interacción entre los 46 géneros patógenos asociados a las islas con las familias potencialmente hospederas presentes en las IGC.

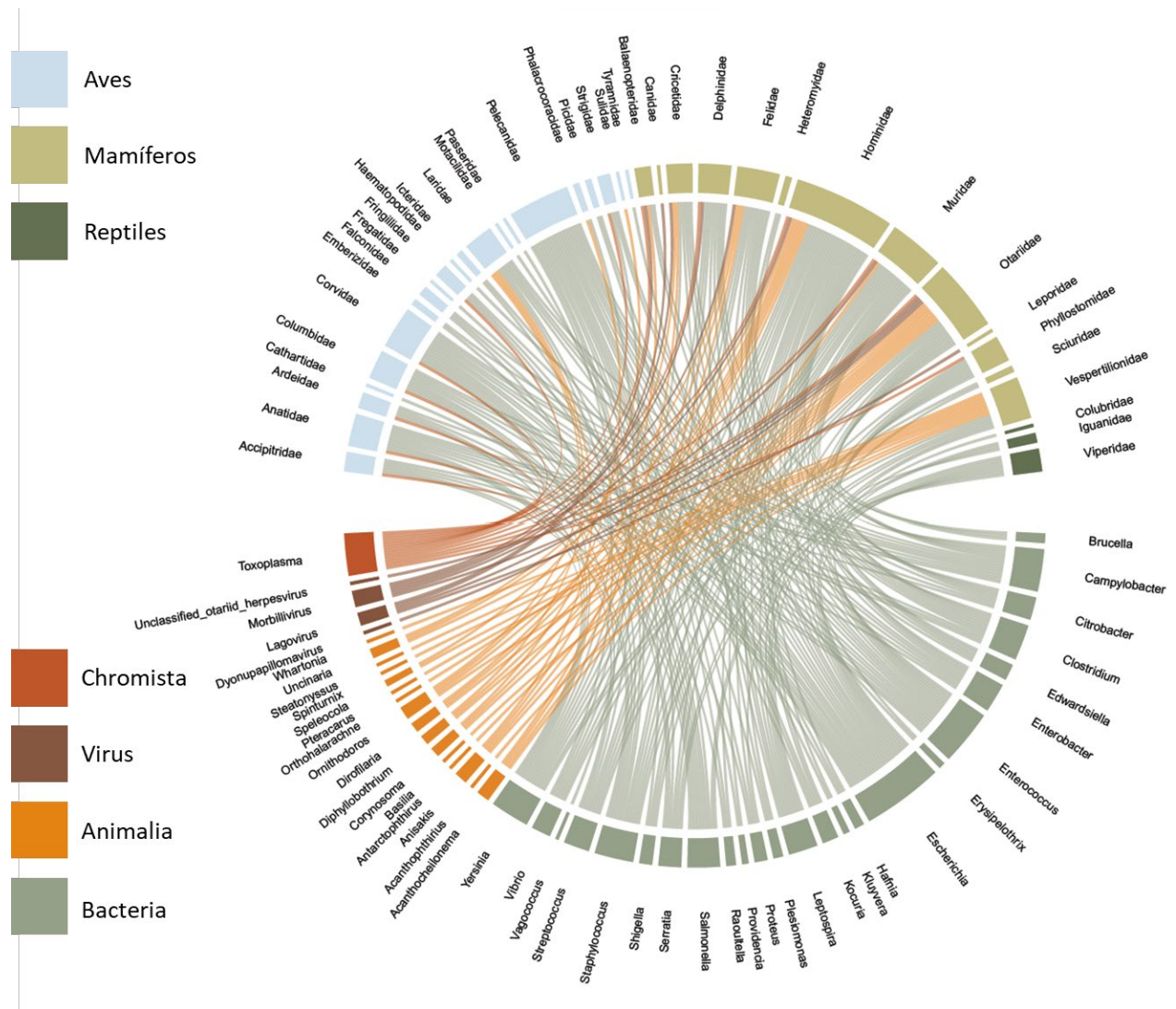


Figura 16. Diagrama de cuerdas representando la afinidad entre géneros patógenos reportados en las IGC con las familias potencialmente hospederas (nativas/exóticas) presentes en los 22 territorios insulares analizados.

Este mismo listado (géneros patógenos vs familias potencialmente hospederas) permitió relacionar los géneros patógenos que pueden ser potencialmente compartidos entre diversas familias de interés, como se presenta en la Fig. 17. Se muestran como ejemplo los patógenos que potencialmente pudieran compartir cánidos y félidos, roedores, murciélagos, lobo marino y seres humanos; esto por las interacciones que existen entre los hospederos en la región de las IGC derivado de actividades productivas y recreativas.

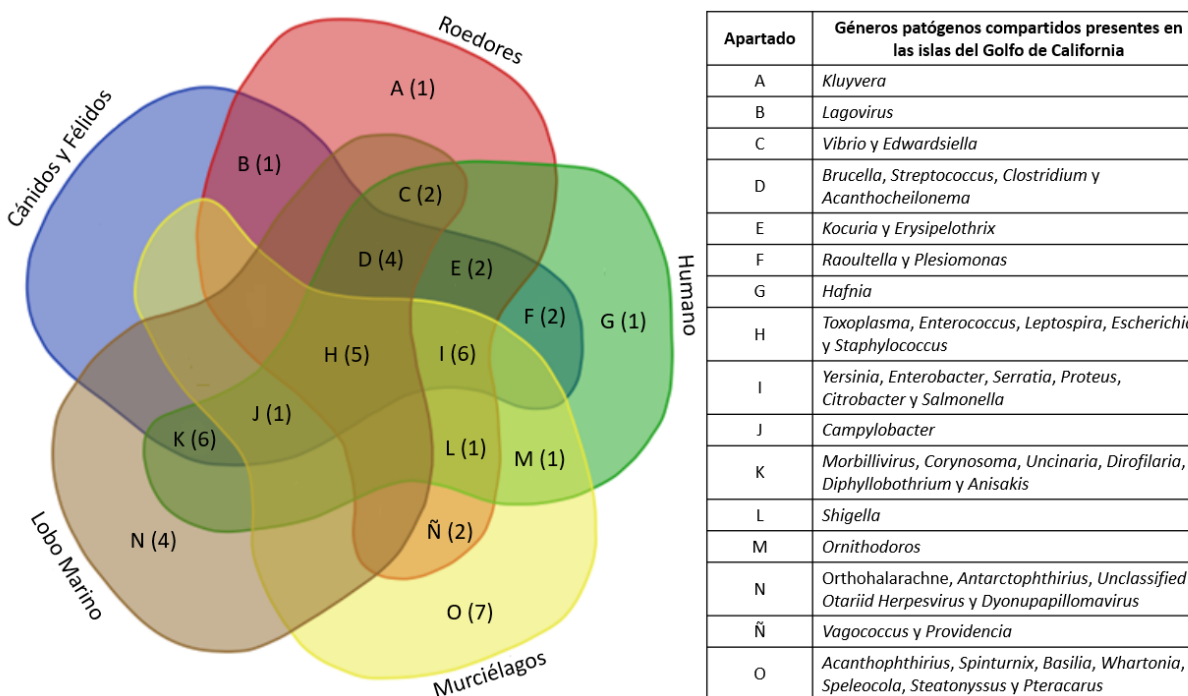


Figura 17. Diagrama de Venn representando los géneros patógenos compartidos entre grupos potencialmente hospederos de interés: Cánidos y Félidos, Roedores, Murciélagos, Lobo marino y Humano. Entre paréntesis se muestra el número de géneros patógenos exclusivos para esa interacción.

7.3 Variables ambientales

Se identificaron las distintas variables socioambientales para cada una de las 22 islas reportadas en la base de datos, mismas que se presentan en la Tabla XV.

Tabla XVI. Variables ambientales capturadas para cada una de las 22 islas con registros de patógenos en las Islas del Golfo de California.

| Clave | Dist_cont ¹ | Exotic ² | Host ³ | Human_dist ⁴ | Closest ⁵ | Nearest ⁶ | Surface ⁷ |
|-------|------------------------|---------------------|-------------------|-------------------------|----------------------|----------------------|----------------------|
| ADG | 12.27 | 3 | 40 | 2 | Estanque | 0.66 | 930.43 |
| ENC | 6.66 | ND | 3 | 3 | Encantadita | 0.58 | 0.44 |
| ESA | 6.2 | 1 | 39 | 3 | Partida Sur | 0.19 | 83.78 |
| GRA | 26.7 | 1 | 7 | 2 | Ángel de la Guarda | 1.4 | 0.26 |
| IPE | 0.32 | ND | ND | 2 | <i>Sin nombre</i> | 2.58 | 0.03 |
| LOB | 7.24 | ND | 4 | 2 | Encantada | 2.91 | 19.77 |
| ISL | 31.57 | ND | 4 | 2 | Partida Sur | 0.77 | 0.02 |
| PNO | 17.17 | ND | 27 | 2 | Cardonosa | 0.67 | 0.93 |
| PSU | 28.97 | 1 | 5 | 3 | Espíritu Santo | 0.19 | 17.71 |
| PAR | 18.86 | ND | ND | 1 | Partida Norte | 1.18 | 0.02 |
| PIO | 6.04 | ND | ND | 2 | Coronado | 2.3 | 0.6 |
| RAS | 19.97 | 2 | 36 | 2 | Rasito | 1.6 | 0.57 |
| RTO | 19.03 | ND | 2 | 1 | Rasa | 1.6 | 0.01 |
| ROC | 31.53 | ND | ND | 2 | San Martín | 36.06 | 0.001 |
| SES | 33.14 | 3 | 36 | 2 | <i>Sin nombre</i> | 0.08 | 39.66 |
| SJO | 11.29 | 2 | 8 | 3 | San Nicolás | 36.6 | 0.24 |
| SLO | 15.8 | ND | 32 | 2 | Las Ánimas | 0.18 | 31.96 |
| SLG | 4.56 | 1 | 6 | 2 | La Poma | 1.26 | 1.75 |
| SPM | 48.05 | 1 | 39 | 2 | Turner | 33.95 | 2.71 |
| SPN | 14.5 | 2 | 6 | 2 | El Venado | 22.9 | 3.48 |
| SIN | 4.52 | ND | ND | 2 | Roca Santa Inés | 0.81 | 0.27 |
| TIB | 1.62 | 3 | 40 | 3 | Roca la Foca | 0.78 | 1,198.74 |

Nota: Clave: ADG/Ángel de la Guarda, ENC/Encantada, ESA/Espíritu Santo. GRA/Granito, IPE/Isote peruano, LOB/Lobos, ISL/Isotes, PNO/Partida norte, PSU/Partida sur, PAR/Partido, PIO/Piojo, RAS/Rasa, RTO/Rasito, ROC/Rocas Consag, SES/San Esteban, SJO/San Jorge, SLO/San Lorenzo, SLG/San Luis Gonzaga, SPM/San Pedro Mártir, SPN/San Pedro Nolasco, SIN/Santa Inés, TIB/Tiburón. ¹Dist_cont: Distancia a continente (km); ²Exotic: Riqueza de especies exóticas reportadas; ³Host: Riqueza de familias nativas reportadas; ⁴Human_dist: Categoría de disturbio; ⁵Closest: Isla más cercana (km); ⁶Nearest: Distancia a la isla más cercana (km); ⁷Surface: Superficie de la isla (km²). ND: Información no disponible. *Sin nombre*: Cuerpo insular sin nombre asignado actualmente.

7.4 Análisis estadísticos

7.4.1 GLM: patógenos asociados a islas vs variables socioambientales

Se desarrollaron modelos lineales generalizados para los 23 géneros patógenos reportados en tres o más territorios insulares. Los análisis GLM indicaron que no existe correlación entre la presencia de *Acanthocheilonema*, *Basilisa*, *Citrobacter*, *Dirofilaria*, *Dyonupapillomavirus*, *Edwardsiella*, *Enterococcus*, *Lagovirus*, *Morbillivirus*, *Ornithodoros*, *Serratia*, *Shigella*, *Speleocola*, *Spinturnix*, *Steatonyssus*, *Streptococcus*, *Toxoplasma* y *Yersinia*, respecto a las siete variables socioambientales: Distancia al continente, distancia a la isla más cercana, especies exóticas, riqueza de familias nativas hospedadas, riqueza de familias exóticas hospedadas, disturbio humano y superficie de la isla.

Para el herpesvirus otárido, el modelo mostró una correlación marginalmente significativa para la variable **distancia al continente** ($p = 0.056$), lo cual pudiera deberse debido al enorme rango de movilidad de la especie hospedada (*Zalophus californianus*), cuyo rango de movimiento migratorio reportado es de hasta 1,940 km (Gearin et al., 2017).

Para los otros cuatro géneros, se obtuvieron valores significativos para respecto a alguna de las variables socioambientales, siendo descritos a continuación:

- a) Para el género *Campylobacter*, la variable *riqueza de familias nativas hospedadas* obtuvo valor significativo. Los coeficientes estimados se presentan a continuación (Tabla XVI), así como la gráfica del modelo (Fig. 18).

Tabla XVII. Coeficientes estimados para el GLM de *Campylobacter* sp.

$$y = -2.2846 + 0.6292x_2$$

| Tratamiento | Variable | Estimado | p value | AIC |
|--------------------------|-------------------------------------|----------|---------|-------|
| <i>Campylobacter</i> sp. | Intercepto | -2.2846 | 0.0200 | 25.42 |
| | Riqueza familias nativas hospederas | 0.6292 | 0.042 | |

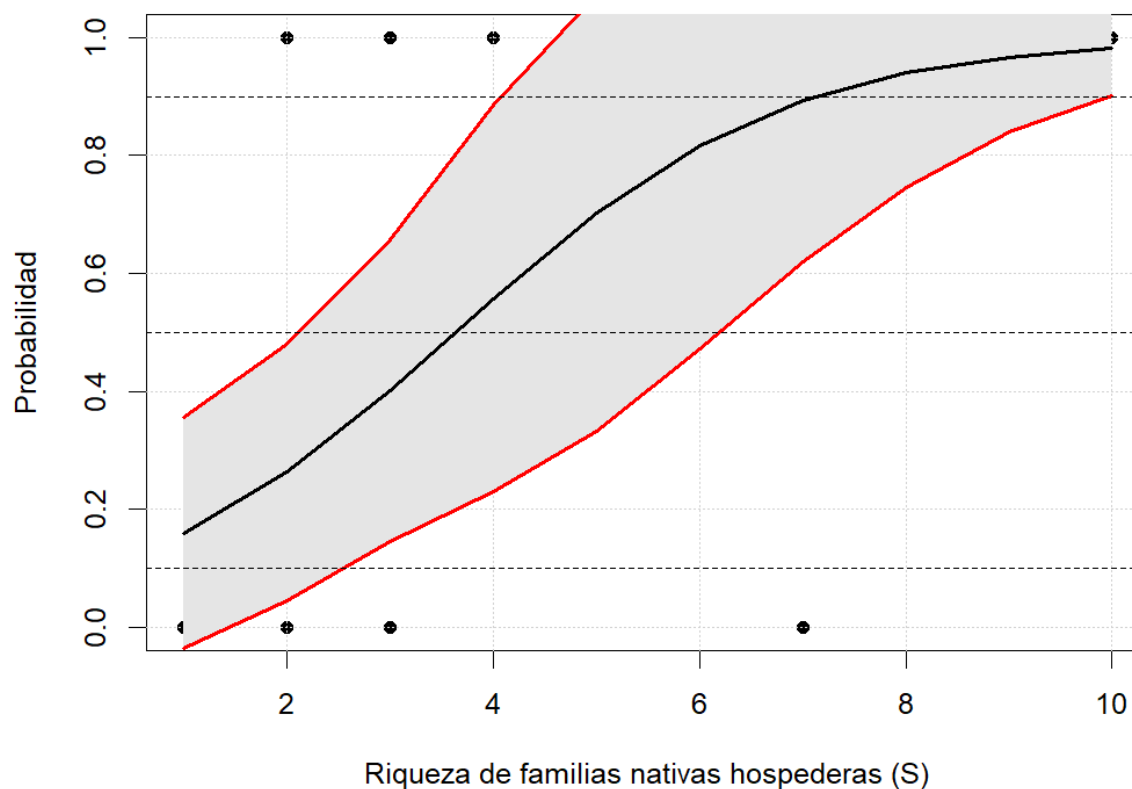


Figura 18. Modelo lineal generalizado representando la probabilidad de presencia de *Campylobacter* sp. respecto al número de familias nativas hospederas presentes en la isla. Los puntos representan las observaciones ingresadas al modelo; la línea negra el modelo *per se* y el sombreado gris representa el error estándar. Las líneas punteadas representan la probabilidad al 10%, 50% y 90%, respectivamente.

b) Para el género *Clostridium* sp., la variable *distancia al continente* obtuvo valor significativo. Los coeficientes estimados se presentan a continuación (Tabla XVII), así como la gráfica del modelo (Fig. 19).

Tabla XVIII. Coeficientes estimados para el GLM de *Clostridium* sp.

$$y = -2.0422 + 0.1131x_1$$

| Tratamiento | Variable | Estimado | p value | AIC |
|------------------------|-------------------------|----------|---------|-------|
| <i>Clostridium</i> sp. | Intercepto | -2.0422 | 0.0370 | 27.58 |
| | Distancia al continente | 0.1131 | 0.0321 | |

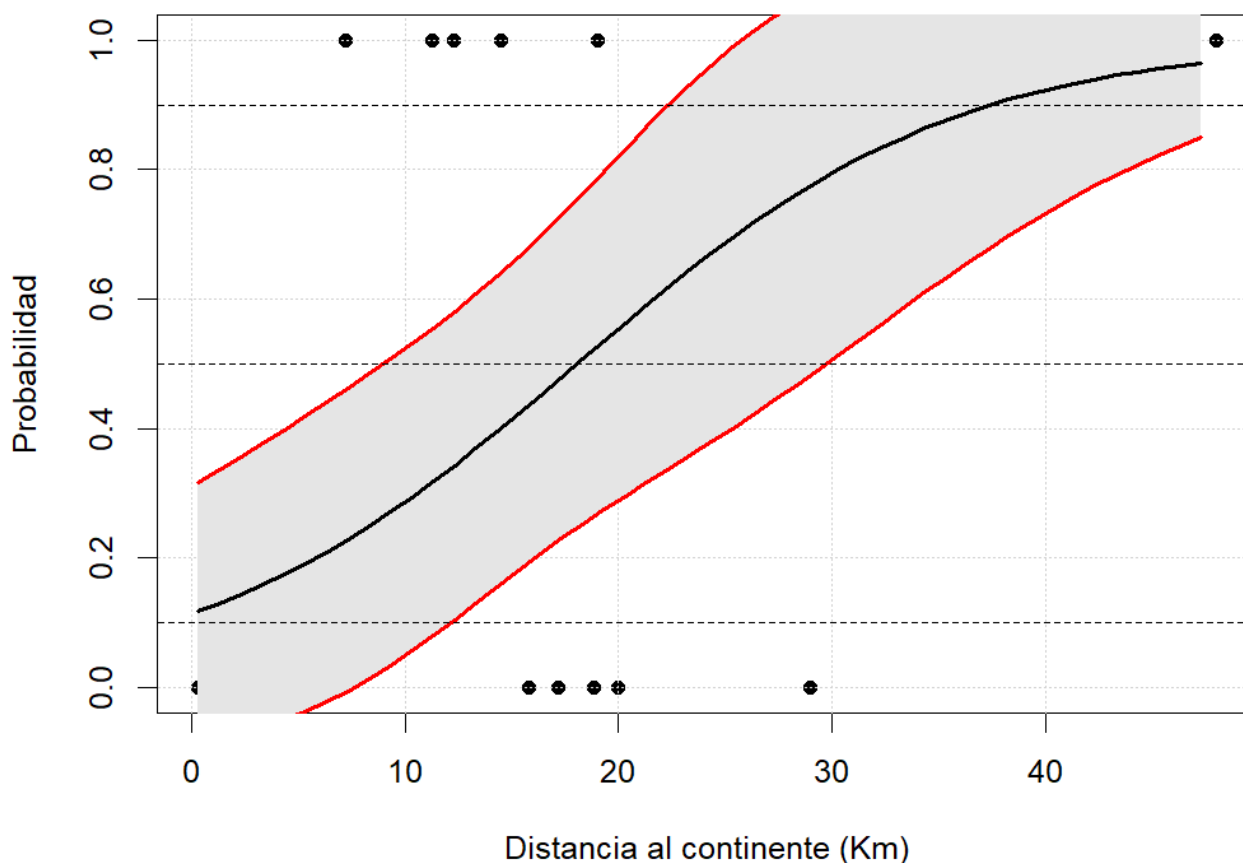


Figura 19. Modelo lineal generalizado representando la probabilidad de presencia de *Clostridium* sp. respecto a la distancia al continente desde las islas. Los puntos representan las observaciones ingresadas al modelo; la línea negra el modelo *per se* y el sombreado gris representa el error estándar. Las líneas punteadas representan la probabilidad al 10%, 50% y 90%, respectivamente.

c) Para *Escherichia coli*, la variable *riqueza de familias nativas hospederas* resultó significativa. Los coeficientes estimados se presentan a continuación (Tabla XVIII), así como la gráfica del modelo (Fig. 20).

Tabla XIX. Coeficientes estimados para el GLM de *Escherichia coli*.

$$y = -2.8540 + 0.3845x_2$$

| Tratamiento | Variable | Estimado | p value | AIC |
|-------------------------|-------------------------------------|----------|---------|-------|
| <i>Escherichia coli</i> | Intercepto | -2.8540 | 0.0033 | 18.15 |
| | Riqueza familias nativas hospederas | 0.3845 | 0.0181 | |

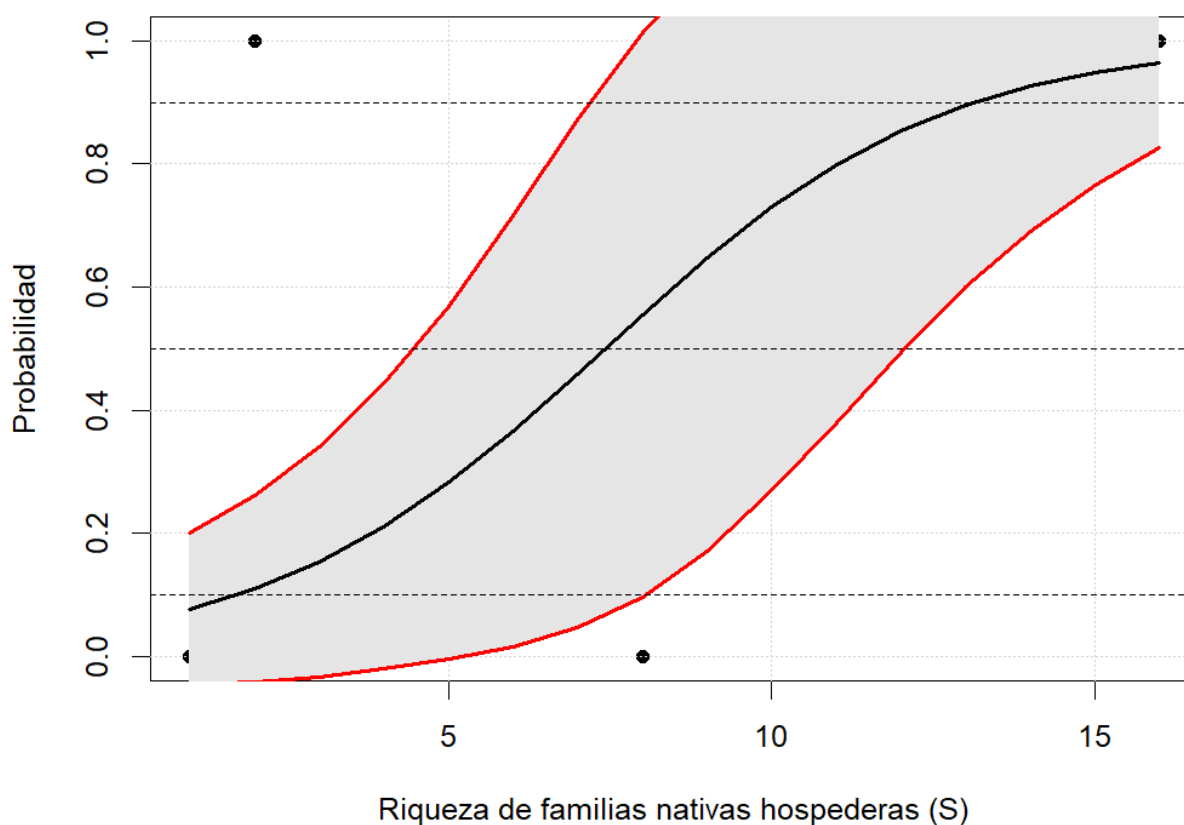


Figura 20. Modelo lineal generalizado representando la probabilidad de presencia de *Escherichia coli* respecto a la riqueza de familias nativas hospederas en las islas. Los puntos representan las observaciones ingresadas al modelo; la línea negra el modelo *per se* y el sombreado gris representa el error estándar. Las líneas punteadas representan la probabilidad al 10%, 50% y 90%, respectivamente.

d) Para *Leptospira* sp., la variable *distancia al continente* resultó significativa. Los coeficientes estimados se presentan a continuación (Tabla XIX), así como la gráfica del modelo (Fig. 21).

Tabla XX. Coeficientes estimados para el GLM de *Leptospira* sp.

$$y = -2.3609 + 0.1016x_1$$

| Tratamiento | Variable | Estimado | p value | AIC |
|-----------------------|-------------------------|----------|---------|-------|
| <i>Leptospira</i> sp. | Intercepto | -2.3609 | 0.0226 | 27.03 |
| | Distancia al continente | 0.1016 | 0.0399 | |

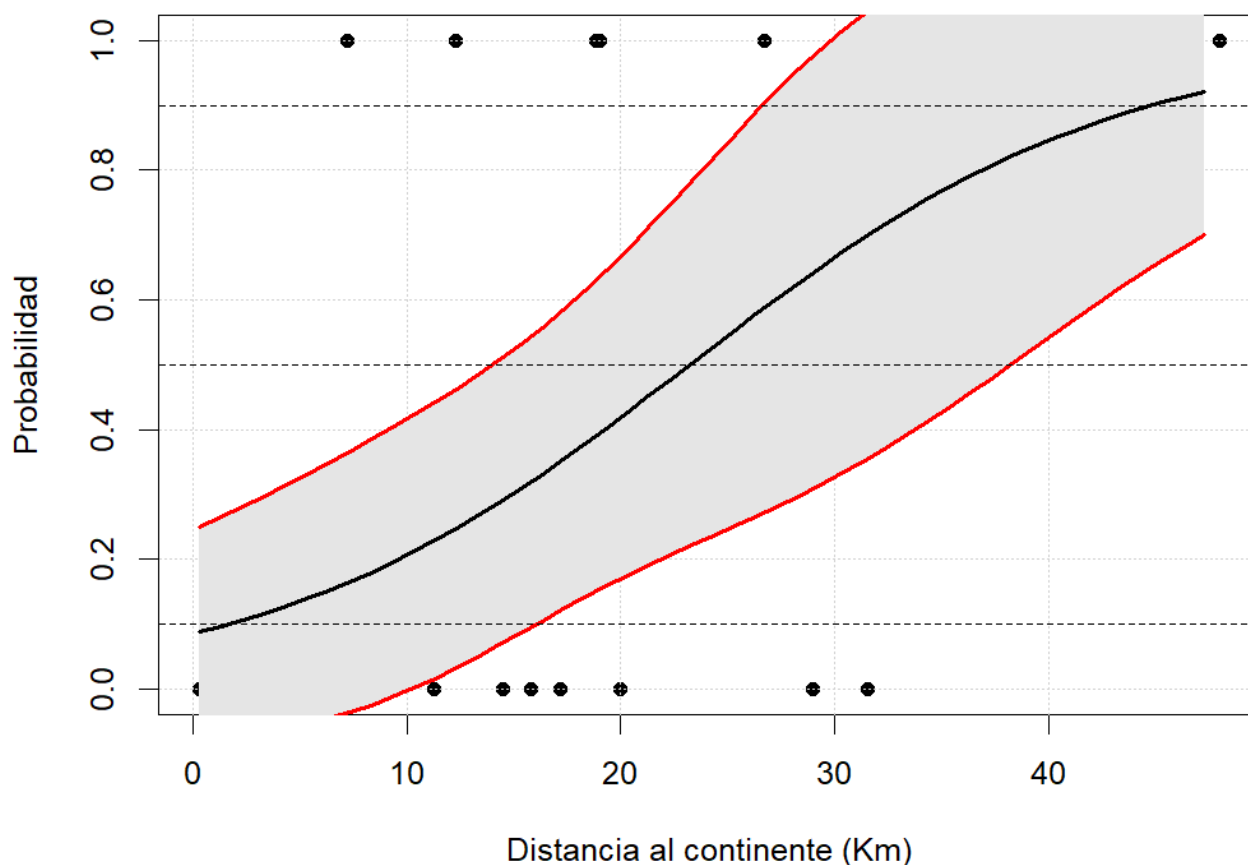


Figura 21. Modelo lineal generalizado representando la probabilidad de presencia de *Leptospira* sp. respecto a la distancia al continente desde las islas. Los puntos representan las observaciones ingresadas al modelo; la línea negra el modelo *per se* y el sombreado gris representa el error estándar. Las líneas punteadas representan la probabilidad al 10%, 50% y 90%, respectivamente.

Una vez obtenidos los modelos, éstos fueron utilizados para predecir la presencia de cada uno de los patógenos en las islas donde no han sido reportados. En la tabla XXI se detallan las islas donde existe una probabilidad de al menos 50% para la detección de cada uno de los agentes patógenos con un intervalo del 95% de confianza.

Tabla XXI. Predicción de probabilidad de detección de agentes patógenos en islas del Golfo de California (intervalo de confianza: 95%).

| Agente patógeno | Probabilidad | Valor | Isla propuesta |
|--------------------------|---------------------|---|---|
| <i>Campylobacter</i> sp. | 50% | Al menos seis familias nativas hospederas | Ninguna de las 13 islas restantes en el estudio |
| <i>Clostridium</i> sp. | 50% | Al menos 30 km de distancia al continente | Partido, Partida Norte, Partida sur, Rasito y San Lorenzo |
| <i>Escherichia coli</i> | 50% | Al menos 11 familias nativas hospederas | Ninguna de las 16 islas restantes en el estudio |
| <i>Leptospira</i> sp. | 50% | Al menos 37 km de distancia al continente | Ninguna de las 14 islas restantes en el estudio |

8. DISCUSIÓN

En el marco de la conservación de la biodiversidad es de vital importancia definir la escala y delimitación geográfica del sitio donde se llevará a cabo el estudio (Garden et al., 2010). En una fase inicial el presente estudio pretendía realizar un análisis regional contemplando la Península de Baja California, tomando en cuenta tanto las Islas del Pacífico como las del Golfo; sin embargo, el principal obstáculo enfrentado fue la incapacidad de depurar de manera sistemática, y a partir de palabras clave en los motores de búsqueda, las islas del Pacífico que pertenecen al territorio Mexicano.

Se determinó trabajar con las Islas del Golfo de California, generando el primer diagnóstico de este tipo al realizar la búsqueda exhaustiva en diferentes fuentes. Respecto a los 10 metabuscadores utilizados, seis de ellos son comúnmente mencionados para recuperar información en este tipo de estudios (Springer, PubMed, Jstor, Scielo, Redalyc y Web of Science); fue a partir de estos metabuscadores que se obtuvieron el 28.15% de los registros analizados. Los metabuscadores adicionales (BASE, JURN, DialNet y BidiUNAM), permitieron identificar reportes adicionales, mismos que representan el 32.8% de los registros mostrados. Esta situación debe ser tomada en cuenta debido a la variabilidad propia de las herramientas de búsqueda y la manera en que obtienen los resultados (Falagas et al., 2008).

Debido a la naturaleza de los metabuscadores y las bases de datos a las que se encuentran ligadas (Isfandyari-Moghaddam y Parirokh, 2006), éstos recuperaron en conjunto cerca del 61% de los registros, provenientes de revistas indexadas; ante esta situación se amplió la búsqueda a través de Journals especializados y repositorios locales. De esta manera el 11.75% de registros fueron añadidos, correspondientes a tesis de maestría en su mayoría. El 27% restante de los registros se obtuvo de bases de datos virtuales y consulta directa a las ANP, a las cuales no tienen acceso los metabuscadores. Esto representa una importante cantidad de registros subutilizados y disponibles para análisis futuros.

Para la generación de estudios epidemiológicos es de suma importancia contar con la mayor cantidad de información, incluida la georreferenciación de los registros, para la generación de los modelos (Brian y Aldridge, 2021). De los 451 registros, 96 (20%) fueron excluidos por no contar con esta información.

El 51.8% de los registros de patógenos reportados para la Región del Golfo de California provienen de la denominada *literatura blanca*, sin embargo, un 48.2% de los registros provienen de *literatura gris*. La integración de este tipo de literatura en bibliotecas digitales especializadas permite su disponibilidad e integración a la *literatura blanca*, siendo catalogada como pieza fundamental en análisis integrativos. La integración de esta información provee datos que no son difundidos comercialmente o que incluyen resultados negativos que no han sido explorados. De manera que, la *literatura gris* en metaanálisis, reduce el sesgo y aumenta la comprensión del estudio (Paez, 2017).

De manera general los estudios epidemiológicos integrativos requieren el conocimiento de la biología de los agentes patógenos, los factores ambientales y los hospederos potenciales (Casadevall y Pirofski, 2000), obteniendo esto último a partir de listados faunísticos actualizados. Esta situación representó un segundo obstáculo ya que no existe este tipo de listados para cinco de las 22 islas estudiadas; de las islas restantes los listados no son del todo completos o se encuentran desactualizados.

Como tercer obstáculo de la investigación se refiere el sesgo, el cual está representado en dos apartados: a) Sesgo de la investigación (a nivel agente y/o hospedero), y b) Sesgo geográfico.

El sesgo de la investigación refiere al particular interés de los grupos académicos por especies hospederas o agentes patógenos en particular, lo cual representa una desproporción acerca de la información disponible para las distintas especies (e.g. lobo marino y liebres insulares). En este mismo tópico se incluye el sesgo por publicación, referente a trabajos con resultados negativos que no son publicados en revistas especializadas pero sí dentro de la *literatura gris* (Siddiqi, 2011).

El sesgo geográfico referente a la dificultad de acceso a diversas islas para la realización de investigaciones (e. g. alto Golfo de California), lo cual limita el conocimiento de los agentes presentes no solo en un espacio determinado, sino en un tiempo específico (Tompkins et al., 2015).

Los agentes patógenos son parte de la biodiversidad en general (Suzán et al., 2000), su presencia es un factor importante para evaluar la salud ecosistémica y cumplen roles dentro de los procesos propios de los organismos (e. g. digestión) o del hábitat (e. g. regulación de

poblaciones). A través de ellos se pueden estudiar dinámicas tróficas, afectación a poblaciones hospederas (con el subsecuente salto a nuevos hospederos) y la salud del ecosistema en general (Marcogliese, 2005).

Dentro de la región del Golfo de California se reportaron 85 géneros patógenos de los cuales 60 son reportados como zoonóticos; destacan en este grupo los géneros *Bacillus*, *Brucella*, *Campylobacter*, *Clostridium*, *Giardia*, *Leptospira*, *Salmonella*, *Shigella*, *Toxoplasma* y *Yersinia* debido a que su presentación en seres humanos puede tener consecuencias letales (Alparo, 2005; Didelot et al., 2009; Zhou et al., 2011; Haake y Levett, 2015; Álvarez-Hernández et al., 2015; Alfaro-Mora, 2018; Liu et al., 2018; Parisot et al., 2018; Lucero-Estrada et al., 2020).

El dendograma filogenético permitió visualizar la afinidad de los agentes del Reino Animalia con hospederos mamíferos, sin embargo esto pudiera deberse al sesgo de la investigación, al no contarse con estudios sobre parasitosis en aves y reptiles insulares. De acuerdo con la revisión realizada por Poulin y Morand, existe una mayor proporción de parásitos reportados en aves acuáticas que en mamíferos terrestres (Poulin y Morand, 2000).

En el caso de las bacterias, resulta más complicado establecer esta relación debido a la subclasificación que puedan tener como agentes patógenos en las distintas especies hospederas. Para el Golfo de California tres de los cinco Phylum reportados tienen como hospederos potenciales las clases Mammalia, Reptilia y Aves (Proteobacteria, Actinobacteriota y Firmicutes). Esto encuentra sentido ya que estos tres Phyla se encuentran presentes de manera ubicua, forman parte de la composición del suelo y tienen un papel importante en la degradación de materia orgánica. Forman parte de la microbiota autóctona en tracto digestivo de los vertebrados, siendo encontradas comúnmente en el intestino grueso, donde el tránsito lento les permite proliferar en presencia de sustratos disponibles (Mukhopadhyaya et al., 2012; Sebastián y Sánchez, 2018).

Respecto a los GLM, para el género *Campylobacter*, la variable **riqueza de familias nativas hospederas** tuvo valor estadísticamente significativo ($p = 0.042$). Este género comprende a bacterias Gram negativas (G⁻) que son móviles gracias a sus flagelos polares. Se trata de un agente zoonótico, microorganismos comensales del tracto digestivo que pueden ocasionar intoxicaciones alimentarias. Forman parte del Grupo 2 del Acuerdo de enfermedades exóticas y

endémicas al país (endémicas transmisibles) (DOF, 2016) y están enlistadas en el Código Sanitario para los Animales Terrestres (OIE, 2019). Entre las especies más destacables del género se incluyen: *C. jejuni*, *C. coli*, *C. lari*, *C. upsaliensis*, *C. concisus*, *C. ureolyticus* o *C. fetus* (Ugarte, 2015). Este género fue registrado en lobos marinos de nueve islas del Golfo de California; debido a su naturaleza comensal existe una gran probabilidad de detección en mamíferos y aves de la región. Se considera que el aumento de la temperatura ambiental tiene injerencia en la presentación de brotes debido a que supone el aumento de la población de moscas (vectores), lo que favorece el contacto entre organismos (Ugarte, 2015).

Respecto al género *Clostridium*, fue la variable **distancia al continente** la que obtuvo un valor estadísticamente significativo ($p = 0.032$). Las bacterias del género *Clostridium* son organismos anaeróbicos obligados Gram positivos (G +) con la capacidad de producir esporas. Se trata de un agente zoonótico, algunas de las especies son comensales del tracto digestivo en mamíferos y forman parte de la microbiota fecal, proliferando en estados de inmunosupresión (Rodríguez-Pardo et al., 2013). Forman parte del Grupo 3 del Acuerdo de enfermedades exóticas y endémicas al país (endémicas que requieren control) (DOF, 2016). Entre las especies más destacables del género se incluyen: *C. difficile*, *C. tetani* y *C. botulinum* (Farooq et al., 2015; Anonye et al., 2019). Este género fue registrado en lobos marinos de diez islas del Golfo de California. El modelo arrojó una probabilidad de detección del 50% en islas que se encuentran a más de 18 km del continente. Este resultado pudiera no encontrar un significado biológico a menos que se contara con mayor número de datos para alimentar el modelo, ampliando la detección en otras especies hospederas o su monitoreo en otras islas; adicionalmente se debe tomar en cuenta el hecho de que las Regresiones Lineales sobreestiman las probabilidades en estudios con tamaños de muestra pequeños (Gordóvil-Merino et al., 2012).

Para la especie *Escherichia coli*, la variable **riqueza de familias nativas hospederas** tuvo valor estadísticamente significativo ($p = 0.0181$). Se trata de un bacilo Gram negativo (G -) anaerobio facultativo. Se trata de un agente zoonótico, microorganismo comensal del tracto digestivo que incluso apoya en el proceso digestivo, residente en el colon (Vidal et al., 2007). Este género fue registrado tanto en aves (gaviota ploma, charrán elegante y pelícano pardo) como en lobos marinos en seis islas del Golfo de California; debido a su naturaleza comensal existe una gran probabilidad de detección en mamíferos y aves de la región.

Finalmente, para el género *Leptospira*, la variable **distancia al continente** tuvo valor estadísticamente significativo ($p = 0.039$). Este género comprende a espiroquetas helicoidales con extremidades incurvadas en forma de gancho. Se trata de una zoonosis de impacto global con cerca de medio millón de casos anuales (Siuce M. et al., 2015). La infección se produce por exposición directa a la orina de animales infectados o en fuentes de agua; los roedores son los principales transmisores de la enfermedad (Siuce M. et al., 2015). Se trata de un agente zoonótico, microorganismos comensales del tracto digestivo que pueden ocasionar intoxicaciones alimentarias. Forman parte del Grupo 3 del Acuerdo de enfermedades exóticas y endémicas al país (endémicas que requieren control) (DOF, 2016) y están enlistadas en el Código Sanitario para los Animales Terrestres (OIE, 2019). Este género fue registrado en lobos marinos y gatos presentes en ocho islas del Golfo de California; nuevamente, este resultado pudiera no encontrar un significado biológico a menos que se contara con mayor número de datos para alimentar el modelo. *Leptospira* tiene la capacidad de infectar organismos homeotermos, por lo que el sesgo de investigación pudiera ser el responsable de la variación en el modelo; ampliando la detección en otras especies hospederas así como el monitoreo en otras islas se alimentará el modelo para una mejor predictibilidad. (Gordóvil-Merino et al., 2012).

De manera general se puede observar que los modelos obtenidos cuentan con limitaciones debido al tamaño muestral y a los sesgos tanto de investigación como geográfico; es decir, los registros son escasos y los reportes esporádicos. De acuerdo con diversos autores, se requiere la exploración de variables más específicas para cada género patógeno, dentro de las cuales se encuentran :

- i. Clima: se trata de un factor determinante tanto para la flora como la fauna de un sitio; se ha descrito el uso de la temperatura ambiental como el mejor predictor para la diversidad de especies ectotérmicas (Guernier et al., 2004).
- ii. La precipitación anual ha sido reportada como el mejor predictor para la distribución de agentes patógenos transmitidos por vectores; esto en relación con los requerimientos para completar sus ciclos biológicos (Guernier et al., 2004).
- iii. Presencia de especies exóticas: En la última década se ha reportado en Europa el establecimiento de al menos 60 especies de mamíferos exóticos, 70 especies de aves y

40 especies de reptiles, los cual representa el acceso de nuevos patógenos a un área determinada (Hulme, 2014).

- iv. Densidad de población humana: al ser un factor de modificación y presión al ecosistema (Zhang et al., 2022).
- v. Grado de pérdida de biodiversidad: la pérdida de biodiversidad disminuye la capacidad de resiliencia de un ecosistema, propiciando la aparición de brotes de enfermedades infecciosas (Zhang et al., 2022).
- vi. Por parte del agente se deben tomar en cuenta las tasas de incidencia, de contagio y de resistencia; en cuanto a la población hospedera, la cantidad de población expuesta, el tipo y tiempo de exposición y la variabilidad genética (Wilcox y Gubler, 2005).
- vii. La interacción existente entre las variables expuestas y su potencialización a partir del cambio climático (Tompkins et al., 2015).

El desarrollo de modelos predictivos a menor escala y su posterior validación en campo permitirá el desarrollo de protocolos de bioseguridad insular especie-específicos, siendo una estrategia preventiva para la protección de especies en riesgo o de la misma especie humana.

9. CONCLUSIONES

- Se asoció la presencia de tres géneros bacterianos y una espiroqueta a variables ambientales (*distancia al continente* y *riqueza de familias nativas hospederas*).
- Se identificó la riqueza de patógenos reportados asociados a mamíferos, aves y reptiles de las islas del Golfo de California.
- Se requiere mayor esfuerzo de muestreo sistemático, así como la actualización de los listados faunísticos de las islas del Golfo de California para complementar el desarrollo de modelos predictivos.
- Se requiere la actualización de los listados faunísticos de especies nativas y exóticas, así como el modelado de la redistribución de especies hospederas y vectores a causa del cambio climático.
- Se sugiere el desarrollo de nuevos modelos con la integración de variables climáticas.
- Se deben explorar los efectos que tendrá la introducción de especies exóticas, el cambio climático y la fragmentación de ecosistemas.

10. LITERATURA CITADA

- Acevedo-Whitehouse, K. 2001. Incidencia de Leptospirosis en crías de *Zalophus californianus californianus* en siete colonias reproductivas del Golfo de California durante la temporada reproductiva del 2000. Tesis de Maestría. Centro de Investigación Científica y de Educación Superior de Ensenada, México.
- Acevedo-Whitehouse, K. 2009. The importance of disease management programmes for wildlife conservation. *Animal Conservation* 12: 185-186.
- Acevedo-Whitehouse, K., de la Cueva, H., Gulland, F., Auriolles-Gamboa, D., Arellano-Carbajal, F., Suárez-Güemes, F. 2003. Evidence of *Leptospira interrogans* infection in California sea lion pups from the Gulf of California. *Journal of Wildlife Diseases* 39: 145-151.
- Agosta, S.J., Janz, N., Brooks, D.R. 2010. How specialists can be generalists: resolving the «parasite paradox» and implications for emerging infectious disease. *Zoologia (Curitiba)* 27: 151-162.
- Alfaro-Mora, R. 2018. Aspectos relevantes sobre *Salmonella* sp en humanos. *Revista Cubana de Medicina Integral* 34: 110-122.
- Alparo, I. 2005. Giardiasis y desnutrición. *Revista de la Sociedad Boliviana de Pediatría* 44: 166-173.
- Álvarez-Hernández, N.E., Díaz-Flores, M., Ortiz-Reynoso, M. 2015. Brucelosis, una zoonosis frecuente. *Medicina e Investigación* 3: 129-133.
- Álvarez-Romero, J. 2006. Impactos de vertebrados exóticos invasores en áreas continentales.
- Anonye, B.O., Hassall, J., Patient, J., Detamornrat, U., Aladdad, A.M., Schüller, S., Rose, F.R.A.J., Unnikrishnan, M. 2019. Probing *Clostridium difficile* infection in complex human gut cellular models. *Frontiers in Microbiology* 10: 879.
- Ávalos-Téllez, R., Carrillo-Casas, E.M., Atilano-López, D., Godínez-Reyes, C.R., Díaz-Aparicio, E., Ramírez-Delgado, D., Ramírez-Echenique, M.F. et al. 2016. Pathogenic *Leptospira* serovars in free-living sea lions in the Gulf of California and along the Baja California coast of Mexico. *Journal of Wildlife Diseases* 52: 199-208.
- Ávalos-Téllez, R., Ramírez-Pfeiffer, C., Hernández-Castro, R., Díaz-Aparicio, E., Sánchez-Domínguez, C., Zavala-Norzagaray, A., Arellano-Reynoso, B. et al. 2014. Infection of California sea lions (*Zalophus californianus*) with terrestrial *Brucella* spp. *The Veterinary Journal* 202: 198-200.
- de Bellocq, J., Morand, S., Feliu, C. 2002. Patterns of parasite species richness of Western Palaearctic micro-mammals: Island effects. *Ecography* 25: 173-183.
- Bevins, S.N., Shriner, S.A., Cumbee, J.C., Dilione, K.E., Douglass, K.E., Ellis, J.W., Killian, M.L. et al. 2022. Intercontinental Movement of Highly Pathogenic Avian Influenza A(H5N1) Clade 2.3.4.4 Virus to the United States, 2021. *Emerging Infectious Diseases* 28: 1006-1011.
- Bolaños-García, R., Rodríguez-Estrella, R., Guzmán-Cornejo, C. 2018. Ectoparasites associated with a Great Horned Owl nesting population in fragmented landscape of Baja California peninsula, México. *Acta Zoológica Mexicana (N.S.)* 34: 1-15.
- Brearley, G., Rhodes, J., Bradley, A., Baxter, G., Seabrook, L., Lunney, D., Liu, Y., McAlpine, C. 2012. Wildlife disease prevalence in human-modified landscapes: Wildlife disease in human-modified landscapes. *Biological Reviews* 88: 427-442.

- Brian, J.I., Aldridge, D.C. 2021. Both presence–absence and abundance models provide important and different information about parasite infracommunities. *Parasitology Research* 120: 3933-3937.
- Casadevall, A., Pirofski, L. 2000. Host-Pathogen Interactions: Basic Concepts of Microbial Commensalism, Colonization, Infection, and Disease Portnoy, D. A. (ed.),. *Infection and Immunity* 68: 6511-6518.
- Casadevall, A., Pirofski, L.-A. 2002. What is a pathogen? *Annals of Medicine* 34: 2-4.
- Chown, S.L., Hodgins, K.A., Griffin, P.C., Oakeshott, J.G., Byrne, M., Hoffmann, A.A. 2015. Biological invasions, climate change and genomics. *Evolutionary Applications* 8: 23-46.
- Collinge, S., Ray, C. 2006. Community epidemiology. En *Disease Ecology: community structure and pathogen dynamics*, pp. 1-5. Oxford University Press.
- CONABIO. 2022. Sistema Nacional de Información sobre Biodiversidad de México. Disponible en: <https://www.snib.mx/ejemplares/download/>.
- CONANP. 2022. Comisión Nacional de Áreas Nacionales Protegidas - Acciones y Programas. Disponible en: <https://www.gob.mx/conanp#1424>.
- CONANP. 2000. Programa de manejo Área de Protección de Flora y Fauna Islas del Golfo de California.
- Conn, D.B. 2014. Aquatic invasive species and emerging infectious disease threats: A One Health perspective. *Aquatic Invasions* 9: 383-390.
- Contreras-Rodríguez, A., Aguilera-Arreola, M.G., Osorio, A.R., Martin, M.D., Guzmán, R.L., Velarde, E., Ruiz, E.A. 2019. Detection of potential human pathogenic bacteria isolated from feces of two colonial seabirds nesting on Isla Rasa, Gulf of California: Heermann's gull (*Larus heermanni*) and Elegant tern (*Thalasseus elegans*). *Tropical Conservation Science* 12: 194008291985567.
- CPA. 2021. Informe de resultados -número de caso CPA-06822-21.
- Daszak, P., Cunningham, A.A., Hyatt, A. 2000. Emerging infectious diseases of wildlife - Threats to biodiversity and human health. *Science* 287: 443-449.
- Destoumieux-Garzón, D., Mavingui, P., Boetsch, G., Boissier, J., Darriet, F., Duboz, P., Fritsch, C. et al. 2018. The One Health concept: 10 years old and a long road ahead. *Frontiers in Veterinary Science* 5: 14.
- Diario Oficial de la Federación. 2018. ACUERDO mediante el cual se dan a conocer en los Estados Unidos Mexicanos las enfermedades y plagas exóticas y endémicas de notificación obligatoria de los animales terrestres y acuáticos.
- Didelot, X., Barker, M., Falush, D., Priest, F.G. 2009. Evolution of pathogenicity in the *Bacillus cereus* group. *Systematic and Applied Microbiology* 32: 81-90.
- Dirección General de Repositorios Universitarios. 2022. Portal de datos abiertos UNAM, Colecciones Universitarias. *Universidad Nacional Autónoma de México*. Disponible en: <https://datosabiertos.unam.mx/>.
- DOF. 2016. ACUERDO por el que se determina la Lista de las Especies Exóticas Invasoras para México.
- Falagas, M.E., Pitsouni, E.I., Malietzis, G.A., Pappas, G. 2008. Comparison of PubMed, Scopus, Web of Science, and Google Scholar: strengths and weaknesses. *The FASEB Journal* 22: 338-342.
- Farooq, P.D., Urrunaga, N.H., Tang, D.M., von Rosenvinge, E.C. 2015. Pseudomembranous colitis. *Disease-a-Month* 61: 181-206.

- Farriols, M., Arellano-Carbajal, F., Elorriaga-Verplancken, F.R., Adame-Fernández, K., Garrido, E., Álvarez-Martínez, R.C., Bárcenas, R.T. et al. 2020. Filarial infections in California sea lions vary spatially within the Gulf of California, Mexico. *Parasitology Research* 119: 1281-1290.
- Fisher, M.C., Henk, Daniel.A., Briggs, C.J., Brownstein, J.S., Madoff, L.C., McCraw, S.L., Gurr, S.J. 2012. Emerging fungal threats to animal, plant and ecosystem health. *Nature* 484: 186-194.
- Flores-Cascante, L. 2012. *Caracterización de la carga parasitaria intestinal en ballenas azules del Golfo de California*. Tesis de Maestría. Instituto Politécnico Nacional, Mexico.
- Flores-Cascante, L., Gendron, D. 2012. Application of McMaster's technique in live blue whales. *Veterinary Record* 171: 220-220.
- Flores-Cascante, L., Gómez-Gutiérrez, J., Gómez del Prado-Rosas, M. del C., Gendron, D. 2019. Helminth load in feces of free-ranging blue and fin whales from the Gulf of California. *Acta Parasitologica* 64: 625-637.
- García-Prieto, L., Falcón-Ordaz, J., Guzmán-Cornejo, C. 2012. *Helminth parasites of wild Mexican mammals: list of species, hosts and geographical distribution*. Magnolia Press, Auckland, N.Z.
- Garden, J.G., McAlpine, C.A., Possingham, H.P. 2010. Multi-scaled habitat considerations for conserving urban biodiversity: native reptiles and small mammals in Brisbane, Australia. *Landscape Ecology* 25: 1013-1028.
- GBIF.org. 2022. Global Biodiversity Information Facility. Home Page. Disponible en: <https://www.gbif.org>.
- Gearin, P., Melin, S., DeLong, R., Goshu, M., Jeffries, S. 2017. *Migration patterns of adult male California sea lions (Zalophus californianus)*. National Oceanic and Atmospheric Administration, United States.
- GMPD. 2022. Global Mammal Parasite Database. Disponible en: <https://parasites.nunn-lab.org/data/>.
- Gordóvil-Merino, A., Guárdia-Olmos, J., Perú-cebollero, M. 2012. Estimation of logistic regression models in small samples. A simulation study using a weakly informative default prior distribution. *Psicológica* 33: 345-361.
- Guernier, V., Hochberg, M., Guégan, J.-F. 2004. Ecology drives the worldwide distribution of human diseases. *PLoS Biology* 2: 740-746.
- Haake, D.A., Levett, P.N. 2015. Leptospirosis in humans. En Adler, B. (ed.), *Leptospira and Leptospirosis*, Current Topics in Microbiology and Immunology, pp. 65-97. Springer Berlin Heidelberg, Berlin, Heidelberg.
- Hernández-Castro, R., Martínez-Chavarría, L., Díaz-Avelar, A., Romero-Osorio, A., Godínez-Reyes, C., Zavala-González, A., Verdugo-Rodríguez, A. 2005. Aerobic bacterial flora of the nasal cavity in Gulf of California sea lion (*Zalophus californianus*) pups. *The Veterinary Journal* 170: 359-363.
- Hernández-Castro, R., Rodríguez-Santiago, J., Téllez-Sosa, J., Bravo-Romero, S., Silva-Sánchez, J., Sánchez-Pérez, A., Avalos-Téllez, R. et al. 2020. Molecular and genome characterization of colistin-resistant *Escherichia coli* isolates from wild sea lions (*Zalophus californianus*). *Brazilian Journal of Microbiology* 51: 2009-2014.
- Hulme, P.E. 2014. Invasive species challenge the global response to emerging diseases. *Trends in Parasitology* 30: 267-270.

- IBM Corp. 2021. IBM SPSS Statistics for Windows.
- IBUNAM. 2000. *Whartonia sonorensis* - ID 1434245. Instituto de Biología UNAM, Colección Nacional de Ácaros.
- ICTV. 2022. International Committee on Taxonomy of Viruses. Disponible en: <https://talk.ictvonline.org/taxonomy/>.
- INEGI. 2013. Conjunto de datos del Territorio Insular Mexicano. Escala 1:50 000. Versión 2.0. *Territorio Insular Mexicano*. Disponible en: <https://www.inegi.org.mx/app/biblioteca/ficha.html?upc=889463039839>.
- Isfandyari-Moghaddam, A., Parirokh, M. 2006. A comparative study on overlapping of search results in metasearch engines and their common underlying search engines. *Library Review* 55: 301-306.
- ITIS. 2022. Integrated Taxonomic Information System. Disponible en: <https://www.itis.gov/>.
- Izquierdo-Suzán, M., Vergara-Pineda, S., Godínez-Reyes, C., Acevedo-Whitehouse, K. 2013. Registro de *Anctartopthirus microchir* y *Orthoalarachne* sp. como artrópodos parásitos del lobo marino de California en el Golfo de California. En *VIII Congreso Latinoamericano de Entomología y XLVIII Congreso Nacional de la Sociedad Mexicana de Entomología*, Sociedad Mexicana de Entomología, México.
- Johnson, P.T.J., Ostfeld, R.S., Keesing, F. 2015. Frontiers in research on biodiversity and disease Seabloom, E. (ed.),. *Ecology Letters* 18: 1119-1133.
- Liu, F., Ma, R., Wang, Y., Zhang, L. 2018. The Clinical Importance of *Campylobacter concisus* and Other Human Hosted *Campylobacter* Species. *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology* 8: 243.
- López-Fernández, O. 2015. *Evidencia de Toxoplasma gondii en el lobo marino de California (Zalophus californianus) de la Península de Baja California, México*. Tesis de Maestría. Universidad Nacional Autónoma de México, México.
- Lorenzo Monterrubio, C., Lafón-Terrazas, A., Fernández, J.A., Cervantes, F.A., Martínez-Meyer, E. 2020. La enfermedad hemorrágica viral del conejo impacta a México y amenaza al resto de Latinoamérica. *Therya* 11: 340-345.
- Lorenzo-Monterrubio, C., Lafón-Terrazas, A., Fernández, J.A., Cervantes, F.A., Martínez-Meyer, E. 2020. La enfermedad hemorrágica viral del conejo impacta a México y amenaza al resto de Latinoamérica. *Therya* 11: 340-345.
- Lucero-Estrada, C., Favier, G.I., Escudero, M.E. 2020. An overview of *Yersinia enterocolitica* and related species in samples of different origin from San Luis, Argentina. *Food Microbiology* 86: 103345.
- Marcogliese, D.J. 2005. Parasites of the superorganism: Are they indicators of ecosystem health? *International Journal for Parasitology* 35: 705-716.
- Mejía-Radillo, R., Zavala-Norzagaray, A., Chávez-Medina, J., Aguirre, A., Escobedo-Bonilla, C. 2019. Presence of chelonid herpesvirus 5 (ChHV5) in sea turtles in northern Sinaloa, Mexico. *Diseases of Aquatic Organisms* 132: 99-108.
- Méthot, P.-O., Alizon, S. 2014. What is a pathogen? Toward a process view of host-parasite interactions. *Virulence* 5: 775-785.
- Milena, S. 2007. *Algoritmo para análisis filogenético: UPGMA*. Tesis de Licenciatura. Universidad del Norte, Barranquilla, Colombia.

- Miquel, J., Casanova, J., Fons, R., Feliu, C., Marchand, B., Torres, J., Clara, J. 1996. Helminthes parasites des rongeurs muridés des îles d'Hyères (Var, France): aspects écologiques. *Vie Milieu* 46: 219-223.
- Mitchell, B., Balogh, S., New South Wales, Department of Primary Industries, Australia, Bureau of Rural Sciences, Natural Heritage Trust (Australia). 2007. *Monitoring techniques for vertebrate pests: rabbits*. NSW Dept. of Primary Industries ; Bureau of Rural Sciences, Orange, N.S.W.; Canberra.
- Moher, D., Liberati, A., Tetzlaff, J., Altman, D.G., The PRISMA Group. 2009. Preferred reporting items for systematic reviews and meta-analyses: The PRISMA Statement. *PLoS Medicine* 6: e1000097.
- Molina-Fernández, D., Valles-Vega, I., Hernández-Trujillo, S., Adroher, F.J., Benítez, R. 2017. A scanning electron microscopy study of early development in vitro of *Contracaecum multipapillatum* s.l. (Nematoda: Anisakidae) from a brown pelican (*Pelecanus occidentalis*) from the Gulf of California, Mexico. *Parasitology Research* 116: 2733-2740.
- Morand, S., Poulin, R. 1998. Density, body mass and parasite species richness of terrestrial mammals. *Evolutionary Ecology* 12: 717-727.
- Mukhopadhy, I., Hansen, R., El-Omar, E.M., Hold, G.L. 2012. IBD—what role do Proteobacteria play? *Nature Reviews Gastroenterology & Hepatology* 9: 219-230.
- Nieberding, C., Morand, S., Libois, R., Michaux, J.R. 2006. Parasites and the island syndrome: the colonization of the western Mediterranean islands by Heligmosomoides polygyrus (Dujardin, 1845). *Journal of Biogeography* 33: 1212-1222.
- OIE. 2022a. Código Sanitario para los Animales Terrestres. Disponible en: <https://www.oie.int/es/que-hacemos/normas/codigos-y-manuales/acceso-en-linea-al-codigo-terrestre/>.
- OIE. 2019. Enfermedades, infecciones e infestaciones de la lista de la OIE. En *Código Sanitario para los Animales Terrestres*, Organización Mundial de Sanidad Animal.
- OIE. 2021. *Outbreak 84472 - La Paz BCS*. Organización Mundial de Sanidad Animal, Mexico.
- OIE. 2022b. *Outbreak 84473 - La Paz, BCS*. Organización Mundial de Sanidad Animal, Mexico.
- Organización Mundial de Sanidad Animal. 2022. Sistema Mundial de Información Zoonositaria. *Análisis cuantitativo*. Disponible en: <https://wahis.oie.int/#/dashboards/qd-dashboard>.
- Ortiz-Alcaraz, A., Torres-García, F., Solís-Carlos, F., Méndez-Sánchez, F., Aguirre-Muñoz, A. 2016. *Diagnóstico de la presencia del gato feral en isla Ángel de la Guarda y roedores introducidos en Isla Mejía*. Grupo de Ecología y Conservación de Islas.
- Øyvind, H., Harper, D., Ryan, P. 2001. PAST: Paleontological Statistics Software Package for Education and Data Analysis. *Palaeontologia Electronica* 4: .
- Pacheco, M. 2019. *Identificación morfológica y molecular de endoparásitos de la Ballena Azul (Balaenopterus musculus) de vida libre en el suroeste del Golfo de California*. Tesis de Maestría. Instituto Politécnico Nacional, Mexico.
- Paez, A. 2017. Gray literature: An important resource in systematic reviews. *Journal of Evidence-Based Medicine* 10: 233-240.
- Parisot, M., Parez, N., Boukhari, R., Breurec, S., Jolivet, A. 2018. Shigella infection in children under 5 years old in western French Guiana. *Epidemiology and Infection* 146: 980-984.
- Peñín, I., Figueroa-Cabañas, M.E., Guerrero-de la Rosa, F., Soto-García, L.A., Álvarez-Martínez, R., Flores-Morán, A., Acevedo-Whitehouse, K. 2019. Transcriptional profiles of California

- Sea Lion peripheral NK and CD+8 T cells reflect ecological regionalization and infection by oncogenic viruses. *Frontiers in Immunology* 10: 413.
- Pereida-Aguilar, J. 2021. *Microbioma cervical y su relación con la transformación epitelial cervical en el lobo marino de California (Zalophus californianus)*. Tesis de Maestría. Universidad Autónoma de Querétaro, México.
- Pérez-Corona, T. 2003. *Artrópodos parásitos de Myotis vivesi (Chiroptera: Vespertilionidae) de México*. Tesis de Licenciatura. Universidad Nacional Autónoma de México, Mexico.
- Pirofski, L., Casadevall, A. 2012. Q&A: What is a pathogen? A question that begs the point. *BMC Biology* 10: 6.
- Poulin, R., Morand, S. 2000. The diversity of parasites. *The Quarterly Review of Biology* 75: 277-293.
- QGIS Association. 2022. QGIS Geographic Information System.
- R Core Team. 2021. R: A language and environment for statistical computing.
- Rivera, J. 2010. *Identificación por técnicas de biología molecular de Morbillivirus en lobos marinos (Zalophus californianus) del Golfo de California*. Tesis de Maestría. Instituto Politécnico Nacional, México.
- Rocha, A. 2009. *Caracterización de la carga microbiana y parasitaria de tres especies de misticetos en las costas de la Península de Baja California, México*. Tesis de Maestría. Instituto Politécnico Nacional, Mexico.
- Rodríguez-Pardo, D., Mirelis, B., Navarro, F. 2013. Infecciones producidas por *Clostridium difficile*. *Enfermedades Infecciosas y Microbiología Clínica* 31: 254-263.
- Sánchez-Montes, S., Guzmán-Cornejo, C., León-Paniagua, L., Rivas, G. 2013. A checklist of sucking lice (Insecta: Phthiraptera: Anoplura) associated with Mexican wild mammals, including geographical records and a host-parasite list. *Zootaxa* 3722: 183.
- Sebastián, J., Sánchez, C. 2018. De la flora intestinal al microbioma. *Revista Española de Enfermedades Digestivas* 110: 51-56.
- Siddiqi, N. 2011. Publication bias in epidemiological studies. *Central European Journal of Public Health* 19: 118-120.
- Siuce M., J., Calle E., S., Pinto J., P.J., Pacheco S., G., Salvatierra R., G. 2015. Identificación de serogrupos patógenos de *Leptospira* en canes domésticos. *Revista de Investigaciones Veterinarias del Perú* 26: 664.
- Stephens, P.R., Pappalardo, P., Huang, S., Byers, J.E., Farrell, M.J., Gehman, A., Ghai, R.R. et al. 2017. Global Mammal Parasite Database version 2.0. *Ecology* 98: 1476-1476.
- Suárez-Ramírez, L. 2014. *Identificación molecular y serológica de Morbillivirus en mamíferos marinos y carnívoros terrestres de las costas de la Península de Baja California, México*. Tesis de Maestría. Universidad Nacional Autónoma de México, México.
- Suzán, G., Galindo, F., Ceballos, G. 2000. La importancia del estudio de enfermedades en la conservación de fauna silvestre. *Veterinaria México* 31: 223-229.
- Tompkins, D.M., Carver, S., Jones, M.E., Krkošek, M., Skerratt, L.F. 2015. Emerging infectious diseases of wildlife: a critical perspective. *Trends in Parasitology* 31: 149-159.
- Trojan, P. 1998. Faunistic studies in Poland - historiography and stages of development. *Fragmenta Faunistica* 41: 139-150.
- Ugarte, M. 2015. *Detección y caracterización de Campylobacter procedentes de animales, alimentos y agua residual*. Tesis de Doctorado. Universidad Complutense de Madrid, España.

- Valles-Vega, I., Molina-Fernández, D., Benítez, R., Hernández-Trujillo, S., Adroher, F. 2017. Early development and life cycle of *Contracaecum multipapillatum* s.l. from a brown pelican *Pelecanus occidentalis* in the Gulf of California, Mexico. *Diseases of Aquatic Organisms* 125: 167-178.
- Vidal, J., Canizales-Román, A., Gutiérrez-Jiménez, J., Navarro-García, F. 2007. Patogénesis molecular, epidemiología y diagnóstico de *Escherichia coli* enteropatógena. *Salud Pública de México* 49: 376-386.
- Whittaker, R.J. 1998. *Island biogeography: ecology, evolution, and conservation*. Oxford University Press, Oxford ; New York.
- Wilcox, B., Gubler, D. 2005. Disease ecology and the global emergence of zoonotic pathogens. *Environmental Health and Preventive Medicine* 10: 263-272.
- WORMS. 2022. World Register of Marine Species. Disponible en: <https://www.marinespecies.org/>.
- WWF. 2006. *Estableciendo prioridades de conservación en islas del Golfo de California: Un ejercicio con criterios múltiples*. World Wildlife Fund.
- Zavala-Norzagaray, A.A., Aguirre, A.A., Velazquez-Roman, J., Flores-Villaseñor, H., León-Sicairos, N., Ley-Quiñonez, C.P., Hernández-Díaz, L.D.J., Canizalez-Roman, A. 2015. Isolation, characterization, and antibiotic resistance of *Vibrio* spp. in sea turtles from Northwestern Mexico. *Frontiers in Microbiology* 6: .
- Zepeda, H. 2006. Distribución, abundancia y presencia de patógenos en algunas especies de aves marinas de las regiones centro y norte del Golfo de California.
- Zhang, L., Rohr, J., Cui, R., Xin, Y., Han, L., Yang, X., Gu, S. et al. 2022a. Biological invasions facilitate zoonotic disease emergences. *Nature Communications* 13: 1762.
- Zhang, L., Rohr, J., Cui, R., Xin, Y., Han, L., Yang, X., Gu, S. et al. 2022b. Biological invasions facilitate zoonotic disease emergences. *Nature Communications* 13: 1762.
- Zhou, P., Chen, Z., Li, H.-L., Zheng, H., He, S., Lin, R.-Q., Zhu, X.-Q. 2011. *Toxoplasma gondii* infection in humans in China. *Parasites & Vectors* 4: 165.

IN MEMORIAM



Dr. Ricardo Rodríguez Estrella

1968 - 2022