



UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO
MAESTRÍA EN CIENCIAS DE LA PRODUCCIÓN Y SALUD ANIMAL
FACULTAD DE MEDICINA VETERINARIA Y ZOOTECNIA
FAUNA SILVESTRE

EVALUACIÓN DEL NIVEL DE RIESGO DE INFECCIÓN POR
MORBILLIVIRUS EN LOBOS MARINOS (*Zalophus californianus*) EN LA
PENÍNSULA Y GOLFO DE CALIFORNIA

TESIS

QUE PARA OPTAR POR EL GRADO DE:

MAESTRÍA EN CIENCIAS DE LA PRODUCCIÓN Y DE LA SALUD ANIMAL

Presenta:

ROCÍO DE JESÚS BARRAGÁN OCAMPO

TUTOR PRINCIPAL: RAFAEL ÁVILA FLORES

Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, UNAM

COMITÉ TUTOR: GERARDO SUZÁN AZPIRI

Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, UNAM

LUIS MEDRANO GÓNZALEZ

Facultad de Ciencias, UNAM

HELIOT ZARZA VILLANUEVA

Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, UNAM

Ciudad Universitaria, Cd. Mx. Noviembre 2016.



Universidad Nacional
Autónoma de México



UNAM – Dirección General de Bibliotecas
Tesis Digitales
Restricciones de uso

DERECHOS RESERVADOS ©
PROHIBIDA SU REPRODUCCIÓN TOTAL O PARCIAL

Todo el material contenido en esta tesis esta protegido por la Ley Federal del Derecho de Autor (LFDA) de los Estados Unidos Mexicanos (México).

El uso de imágenes, fragmentos de videos, y demás material que sea objeto de protección de los derechos de autor, será exclusivamente para fines educativos e informativos y deberá citar la fuente donde la obtuvo mencionando el autor o autores. Cualquier uso distinto como el lucro, reproducción, edición o modificación, será perseguido y sancionado por el respectivo titular de los Derechos de Autor.

Dedicatorias

La presente tesis la dedico con todo mi cariño a mis padres, quienes siempre han estado para apoyarme incondicionalmente en todos los aspectos de mi vida, por sus consejos y paciencia. Son los más fuertes y valiosos pilares en mi vida y formación profesional. A mis hermanos por su paciencia y sus consejos para impulsarme y seguir adelante.

A mi asesor y amigo Dr. Rafael Ávila Flores, que durante este proceso se originó una amistad, de quien aprendí mucho, además tuvo la paciencia y dedicación para guiarme y concluir este proyecto. Al Dr. Heliot Zarza Villanueva de quien obtuve consejos para organizar y presentar mi proyecto. También al Dr. Gerardo Suzán por su disposición para atender mis dudas y ayudo a integrarme en el área de medicina de la conservación.

Y a Juan Enrique Martínez Mendoza, quien sin esperar nada a cambio y por ser una gran persona me apoyo académicamente. A mis amigos por darme ánimos para llegar a mi meta y a quienes aprecio.

Agradecimientos

Agradezco de corazón a la Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia de la UNAM, por apoyarme a cursar estudios de maestría en el Programa de Maestría y Doctorado en Ciencias de la Producción y de la Salud Animal.

Agradezco al Programa de Apoyo a Proyectos de Investigación e Innovación Tecnológica (PAPIIT) por otorgar el financiamiento para la realización de mis estudios de maestría y al Consejo Nacional Ciencia y Tecnología (Conacyt) por el financiamiento de la beca para realizar la maestría. Y al Programa de Apoyo a los Estudios de Posgrado (PAEP), UNAM por el apoyo para complementar mis estudios y mi formación profesional.

A mi comité tutorial: Dr. Rafael Ávila Flores, Dr. Gerardo Suzán Azpiri, Dr. Luis Medrano González, quienes estuvieron dirigiendo con la atención debida a mi proyecto de tesis.

También agradezco a los integrantes de mi jurado, al Dr. Rafael Ávila Flores, Dr. Francisco Morroy López, Dr. Alfredo Castañeda Ramírez, Dr. Oscar Rico Chávez y Dr. Heliot Zarza Villanueva, quienes me dieron las mejores recomendaciones para enriquecer mi tesis.

Resumen

En las últimas décadas, se han reportado varias epidemias de morbillivirus en diferentes especies de mamíferos marinos alrededor del mundo. Como consecuencia de estas epidemias las poblaciones de pinnípedos han declinado significativamente. De acuerdo con estudios moleculares, la variante génica del morbillivirus de los pinnípedos está estrechamente emparentada con el virus del distemper canino. Asimismo, las actividades antropogénicas juegan un papel importante en la aparición de estas epidemias. El objetivo de este trabajo, fue identificar las áreas de riesgo de transmisión de morbillivirus en *Zalophus californianus* de las costas de la Península y Golfo de California. Se generó un modelo espacial para zonas costeras con base en un análisis multi-criterio combinado con un SIG, usando como variables explicativas la probabilidad de ocurrencia de perros, la probabilidad de condiciones adecuadas para la presencia de coyotes, la densidad poblacional humana, la distribución de colonias de lobos marinos y la probabilidad de condiciones adecuadas para la presencia de pinnípedos con morbillivirus. Para el modelo insular, se analizó la correlación de la posición geográfica de las islas, la prevalencia del virus y la densidad de población humana. Las zonas con mayor riesgo de transmisión de morbillivirus se presentaron en el norte de la península del lado del Pacífico y en el sur en la zona de Los Cabos y del lado del Golfo en Sonora y sur de Sinaloa. Ningún modelo insular fue consistente debido a la falta de datos. Sin embargo, se sugirió que para la posible transmisión del morbillivirus es relevante la influencia de cánidos silvestres, la posición geográfica de las colonias y la movilidad de los lobos marinos en las zonas de alimentación, por lo que se recomienda realizar monitoreo satelital de los lobos marinos y controlar las poblaciones de perros para mejorar las estrategias de conservación.

Palabras clave: lobos marinos de California, distemper canino, perro, Baja California, pinnípedos, análisis multi-criterio

Abstract

In recent decades, several epidemics of morbillivirus have been reported in different species of marine mammals around the world, which have resulted in a significant decrease of pinniped populations. Molecular studies have shown that the gene variant of the pinniped morbillivirus is closely related to the canine distemper virus. Anthropogenic activities also play an important role in the appearance of these epidemics. The goal of this work was to identify risk areas for transmission of morbillivirus in *Zalophus californianus* from the coast of the Baja peninsula and Gulf of California. A spatial model for coastal zones was generated based on multiple-criteria analysis in combination with a GIS, using as explanatory variables the probability of dog presence, the probability of suitable conditions for coyote presence, the human population density, the distribution of sea lion colonies, and the probability of suitable conditions for the presence of pinnipeds infected with morbillivirus. For the island model, we analyzed the correlation between the geographical position of the islands, the prevalence of the virus and the human population density. The areas with the highest risk of morbillivirus transmission were the north of the Baja peninsula and Los Cabos area on the Pacific side, as well as the coasts of Sonora and southern Sinaloa on the Gulf side. No island model could be properly developed due to insufficient data. However, given that the influence of wild canids, the geographical position of the colonies and the mobility of the sea lions in the feeding areas are all important factors in the transmission of morbillivirus, I suggest that both satellite monitoring of sea lions and improved control of stray dog populations are strategies that may be used to improve conservation efforts.

Key words: California sea lion, distemper canino, dogs, Baja California, pinnipeds, multicriteria analysis

Contenido

Resumen	i
Abstract	ii
Lista de figuras	iii
Lista de Cuadros	iv
Lista de Tablas	
1. Introducción.	1
2. Antecedentes.	2
2.1 Epidemiología de la infección por morbillivirus en mamíferos marinos.	2
2.2 Ciclo de replicación del morbillivirus.	6
2.3 Epidemias causadas por morbillivirus en mamíferos marinos.	6
2.6 Ecología del lobo marino de California.	8
2.5 El Impacto de actividades antropogénicas en las poblaciones de <i>Zalophus</i> <i>californianus</i>	12
2.5.1 Pesca incidental.	12
2.5.2 Introducción de especies invasoras.	13
2.5.3 Contaminación con organoclorados.	16
2.6 Ecología de enfermedades.	15
3. Objetivo general.	16
3.1 Objetivos particulares.	17
6. Hipótesis.	17
5. Métodos.	17
5.1 Área de estudio.	17
5.2 Enfoque de estudio.	19
5.3 Generación de capas geográficas.	20
5.3.1. Probabilidad relativa de ocurrencia de perros (POP).	20
5.3.2. Probabilidad de condiciones adecuadas para la presencia de coyote (PCAC).	22
5.3.3. Densidad poblacional humana (DPH).	26

5.3.6. Probabilidad de condiciones adecuadas para la presencia de pinnípedos infectados con morbillivirus (PCAPMb).	26
5.6. Análisis espaciales.	25
5.6.1. Modelo continental.	25
5.6.2 Análisis Multi-criterio.	25
5.6.3 Modelo insular.	30
6. Resultados.	36
6.1. Capas geográficas.	36
6.2 Análisis multi-criterio.	39
6.2.1 Zonas de riesgo de infección por morbillivirus.	66
6.2.2 Validación del modelo.	66
6.3 Modelo insular.	67
7. Discusión.	51
8. Conclusiones.	55
9. Literatura citada.	57
Anexo abreviaturas.	61
Anexo 5.1 Base de datos de coyotes (GBIF).	62
Anexo 5.2 Base de datos de infección por morbillivirus en mamíferos marinos.....	63

Lista de Figuras

2.1 Esquema de los componentes de los Morbillivirus.	3
2.2 Epidemias de infección por morbillivirus en diferentes especies de mamíferos marinos en varias partes del mundo.	8
2.3 Distribución del <i>Zalopus californianus</i> .	10
5.1 Área de estudio.	19
5.2 Diagrama de jerarquías para el AHP.	27
6.1 Probabilidad relativa de ocurrencia de perros.	35
6.2 Probabilidad de condiciones adecuadas para la presencia de coyote.	36
6.3 Densidad poblacional humana.	37

6.4 Probabilidad de condiciones adecuadas para la presencia de pinnípedos con morbillivirus.	38
6.5 Multiplicación de matrices de las subvariables y variables.	43
6.6 Gráfica del peso ponderado de las variables POP, PCAC, DPH, CL y PCAPMb. .44	
6.7 Zonas de riesgo de infección por morbillivirus en la Península y Golfo de California.	45
6.8 Validación del modelo continental.	46
6.9 Dispersión de perros.	47
6.10 Dispersión de perros y/o con humanos.	48
6.11 Dispersión de perros y/o con humanos – lobos.	48
6.12 Modelo 2a de distancias medias a poblaciones humanos y modelo 2b adicionando el número de lobos.	49
6.13 Modelo 3a de distancia mínima a los humanos y modelo 3b número de perros con respecto a la distancia mínima a humanos.	49
6.14 Modelo 6a distancias de las localidades de los municipios costeros de Sonora y Baja California y cantidad de humanos y modelo 6b es el modelo 6a por el número de lobos.	50
6.15 Modelo de actividad pesquera.	50

Lista de Cuadros

2.1 Epidemias de infección por morbillivirus en mamíferos marinos en diferentes partes del mundo.	7
5.1 Caracterización de las variables.	28
5.2 Escala estandarizada por Thomas Saaty.	28
5.3 Peso ponderado de las variables.	29
5.4 Procedimiento de matrices pareadas.	29
5.5 Índice de consistencia aleatorio.	30
5.6 Información de colonias de <i>Zalophus californianus</i>	31
6.1a Matriz de comparaciones por pares con respecto al objetivo.	39
6.1b Matriz de comparaciones por pares con respecto al objetivo normalizada.	39
6.1c Razón de consistencia de la matriz con respecto al objetivo.	39
6.2a Matriz de comparaciones por pares con respecto a POP.	40

6.2b Matriz de comparaciones por pares con respecto a POP normalizada.	40
6.2c Razón de consistencia de la matriz con respecto a POP.	40
6.3a Matriz de comparaciones por pares con respecto PCAC.	40
6.3b Matriz de comparaciones por pares con respecto a PCAC normalizada.	41
6.3c Razón de consistencia de la matriz con respecto a PCAC.	41
6.6a Matriz de comparaciones por pares con respecto DPH.	41
6.6b Matriz de comparaciones por pares con respecto a DPH normalizada.	41
6.6c Razón de consistencia de la matriz con respecto a DPH.	42
6.5a Matriz de comparaciones por pares con respecto CL.	42
6.5b Matriz de comparaciones por pares con respecto a CL normalizada.	42
6.5c Razón de consistencia de la matriz con respecto a CL.	42
6.6a Matriz de comparaciones por pares con respecto PCAPMb.	43
6.6b Matriz de comparaciones por pares con respecto a PCAPMb normalizada.	43
6.6c Razón de consistencia de la matriz con respecto a PCAPMb.	43
6.7 Peso final ponderado de las variables.	44

1. Introducción

Los mamíferos marinos han sido utilizados como indicadores de las condiciones ambientales de los ecosistemas marinos, debido a sus atributos anatómicos, biológicos y ecológicos, y su ausencia puede tener fuertes implicaciones sociales y económicas en las regiones que dependen de la conservación y aprovechamiento de la biodiversidad marina (Bossart, 2011; Moore, 2008). Los cambios que ocurren en el ambiente marino como consecuencia de las actividades antropogénicas han alterado la dinámica de los ecosistemas oceánicos y amenazan la conservación de los mamíferos marinos (Godínez, 2006). Un ejemplo de ello, son los cambios en los patrones de distribución, abundancia y migración de algunas especies marinas como el caso de la foca de Groenlandia (*Pagophilus groenlandicus*) que han alterado la cantidad e intensidad de las interacciones interespecíficas (Davidson, 2011). Aunado a esto, el crecimiento y expansión de las poblaciones humanas han acentuado el contacto entre personas, animales domésticos y fauna silvestre, lo que ha provocado la aparición de enfermedades antes desconocidas por la ciencia (emergentes) y el aumento en la transmisión de enfermedades conocidas (ébola, ántrax, influenza aviar, VIH y SARS) (Medina, 2010).

Entre las enfermedades emergentes en ambientes marinos se encuentran aquellas asociadas a los morbillivirus (Saliki, 2002; Daszak, 2000). Se ha considerado que este grupo de virus, considerados los patógenos más agresivos en pinnípedos y cetáceos, infectó por primera vez a poblaciones de pinnípedos por medio de perros domésticos portadores del virus del distemper canino en 1955 (Bengston et al., 1991). De acuerdo con esta hipótesis, el contacto directo entre los perros de los esquimales y los pinnípedos durante los viajes de cacería facilitó el salto taxonómico del virus (Kenedy et al., 2000). La estrecha similitud genética entre el distemper canino y el morbillivirus de los pinnípedos proporciona un fuerte sustento a esta hipótesis (Osterhaus et al. 1995, Tryland et al., 2012).

En México, existen dos registros de la presencia de distemper canino en crías de lobos marinos de las Islas del Golfo de California (Suárez 2016). Se ha sugerido que la infección por morbillivirus es de carácter enzoótico en esta región, por lo tanto está latente la posibilidad de que se presente una epidemia en estas poblaciones marinas. Es

importante que los *Z. californianus* se mantengan sin contacto con los otros hospederos para que así pueda disminuir su prevalencia (Kennedy et al. 2000). Sin embargo, debido a la falta de información sobre enfermedades que afectan a los mamíferos marinos es apremiante a realizar estudios más específicos en esta área.

Este estudio es un esfuerzo para abonar a esta necesidad en el área. El objetivo de este trabajo fue generar un modelo espacial en donde se identificaron las áreas de riesgo de transmisión de morbillivirus en *Zalophus californianus* de las costas e islas del Golfo y Península de California. La información generada en este trabajo contribuyó a identificar las zonas de mayor riesgo de infección por morbillivirus como consecuencia de actividades antropogénicas, variabilidad climática y presencia de especies terrestres reservorios como perros ferales y coyotes. También, se determinó si los casos positivos de infección por morbillivirus documentados recientemente en la misma región correspondieron con alguna de las áreas de riesgo identificadas por alguno de los modelos propuestos con el uso de análisis multi-criterio. Este conocimiento puede ser relevante para la planeación y el desarrollo de estrategias de conservación.

2. Antecedentes

2.1 Epidemiología de la infección por morbillivirus en mamíferos marinos

El género *Morbillivirus* pertenece al orden de los Mononegavirales, de la familia Paramixoviridae; son virus esféricos, presentan pleomorfismo debido a que poseen una envoltura laxa, su tamaño varía entre 150 y 250 nm. Es muy lábil al calor, a la congelación y a la desecación (Noyce et al., 2013). Está conformado por una cadena sencilla de RNA de sentido negativo no segmentado, de una longitud de 15.7 kilobases, lo que lo hace más estable genéticamente (Sarute et al., 2013; Banyard et al., 2007). Tiene seis unidades de transcripción que codifican seis proteínas estructurales: la proteína de nucleocápside (N), la fosfoproteína (P), la proteína de matriz (M), la proteína de fusión (F), la hemaglutinina (H) y la RNA polimerasa dependiente de RNA (L) (figura 1). El gen que codifica para la proteína P contiene marcos de lectura sobrelapados, los cuales codifican para las proteínas no estructurales cuya función es el

reconocimiento alternativo del codón de iniciación (C) y la transcripción de RNA (V) (Banyard et al., 2008; Hiroki, et al., 2012; Pinotii et al., 2009).

La proteína N es el principal componente de la cápside helicoidal que envuelve el RNA viral y lo protege contra las RNAsas celulares. La proteína P y L interactúan con la proteína N para formar unidades funcionales de transcripción y replicación del virión (Banyard et al., 2008). La porción carboxilo terminal de la proteína N también interactúa con proteínas reguladoras celulares como el factor de regulación de interferón IRF-3, interacción vital para la eficiente replicación del virus (Sarute et al., 2013).

La proteína M se ensambla entre la envoltura y la nucleocápside, organiza y mantiene la estructura del virión. Las dos glicoproteínas claves en el proceso de infección por morbillivirus son la proteína F, que es responsable de la fusión del virus y la membrana plasmática, y la proteína H que es la responsable de la adherencia al receptor, esta última es la menos conservada, esto puede reflejar el uso de diferentes receptores celulares con la evolución del virus en diferentes especies de animales (Wild et al., 1995; Lamb et al., 2006).

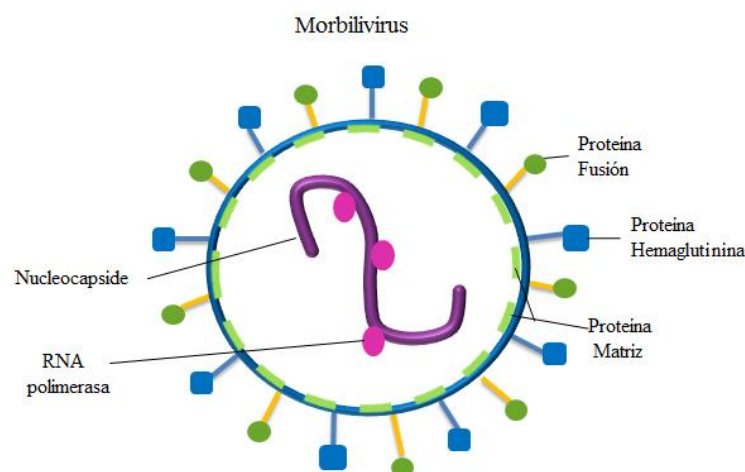


Figura 2.1: Esquema de los componentes de los Morbillivirus. La partícula viral contiene el complejo ribonucleoproteico que consiste en la nucleocápside (RNA genómico y proteína N) y la RNA polimerasa (proteínas P y L), y la envoltura que consiste en proteínas M, F, H.

2.2 Ciclo de replicación del morbillivirus

Las partículas virales llevan a cabo el reconocimiento de las células hospederas mediante la interacción de la hemaglutinina viral. Los dos receptores presentes en dos linajes celulares son: CD66, una proteína cofactor de unión de complemento que inhibe la activación de complemento, para cepas vacunales y la CD150 o SLAM (signaling lymphocyte activation molecule) un receptor de los linfocitos, la cual participa en la activación de estas células (Wild et al., 1995; Tatsuo et al., 2001). Es el principal receptor *in vivo* de morbillivirus en humanos, vacas y perros, además es expresado en varias células inmunes, así como timocitos, activando células T y B, células dendríticas maduras y macrófagos (Oishi et al., 2012). La distribución y función de SLAM depende del tropismo celular y la inmunosupresión causada por los morbillivirus, esto indica que el rango de hospederos puede ser explicado por los residuos de aminoácidos esenciales de SLAM en la interface con el morbillivirus (Hiroki et al., 2012; Oishi et al., 2012).

Después de reconocer el receptor sobre la membrana celular, la proteína H modifica la conformación de la proteína F, la cual induce la fusión de membranas y el ingreso de la cápside viral a la célula (Noyce et al., 2013). La polimerasa se asocia a la nucleocápside para la replicación y transcripción por lo que no es necesario el ingreso el virus al núcleo celular, estos procesos se llevan a cabo en el citoplasma. A partir de la hebra de RNA negativo, que constituye al genoma, se lleva a cabo la transcripción de los diversos genes virales. Una vez que existen componentes proteicos suficientes para formar viriones comienza la replicación, la cual consiste en la generación de copias positivas completas a partir del RNA genómico, estas son denominadas antigenomas y sirven como molde para la síntesis de RNA genómico (Santos et al., 2006).

Las proteínas F y H se sintetizan en el retículo endoplásmico rugoso y son glicosiladas en el aparato de Golgi y de ahí son exportadas a la membrana celular mediante vesículas. La proteína M, que se ubica en la parte interna de la membrana celular, tiene un papel muy importante en el ensamble de la partícula viral ya que interactúa con las proteínas transmembranales F y H y con la nucleocápside (Santos et al., 2006), y así induce la fusión de la membrana de la célula hospedera con células vecinas y de esta manera pasan las nucleocápsides de una célula a otra, lo que provoca el efecto

citopático, que es la formación de células gigantes multinucleadas llamados sincitios. La formación de estos es una respuesta común a la infección por paramixovirus (Noyce et al., 2013; Ohishi, et al., 2012).

En general los morbillivirus provocan una enfermedad sistémica, y los individuos enfermos presentan signos clínicos como debilidad, exudado nasal y ocular, dificultades respiratorias debido a la neumonía, problemas gastrointestinales, convulsiones y espasmos musculares (Kennedy, 2000). Los órganos más comúnmente afectados son los pulmones y el cerebro (DiGuardo, 2005). Algunos animales presentan una respuesta de anticuerpos cuando son expuestos al morbillivirus, generalmente protege de futuras infecciones y de la enfermedad clínica. Otros animales no pueden adquirir esta protección y pueden sucumbir a la enfermedad o a infecciones secundarias que surgen como resultado de la inmunosupresión de la infección (Kennedy, 2000). El tiempo de incubación es por lo menos 5 a 12 días y el virus se elimina en todas las excreciones de los animales infectados (DiGuardo, 2005; Kennedy, 1998; Harder et al., 1990).

El aumento en la tasa de contacto entre especies ha acrecentado el riesgo de transmisión del morbillivirus a consecuencia del cambio de la distribución de las especies por cambios ambientales (Harris, Travis y Harwood, 2008; Ohishi 2008). Las especies que tienen un rol importante para la transmisión del morbillivirus entre los mamíferos marinos son: foca común (*Phoca vitulina*), foca gris (*Haelichoerus grypus*), foca de Siberia (*Phoca sibirica*), foca del mar Caspio (*Pusa caspica*), foca de Groenlandia, delfín listado (*Stenella coeruleoalba*), toninas (*Tursiops truncatus*) y el calderón de aletas largas (*Globicephala melas*) (Burek, Gullart and O' Hara 2008), por lo que el riesgo de transmisión está latente al compartir áreas entre especies y por ser altamente sociables como pasa con los calderones, falsa orca o el delfín de Fraser en quienes el morbillivirus se considera enzoótico (Duignan et al., 1995).

El diagnóstico de morbillivirus se ha basado tradicionalmente en los resultados obtenidos a partir de diferentes metodologías incluyendo serología, histopatología, y con menos frecuencia, el aislamiento viral (Duignan et al., 2016). Recientemente, la metodología de RT- PCR se ha utilizado para diagnosticar y diferenciar las especies de

morbillivirus pero el aislamiento de virus todavía se considera el estándar de oro para un diagnóstico definitivo (Saliki et al., 2002).

2.3 Epidemias causadas por morbillivirus en mamíferos marinos

Muchas especies de mamíferos marinos históricamente han tenido mortalidades masivas por diferentes actividades humanas como la caza de estos especímenes y la pesca con objetivo comercial (Arellano y Medrano, 2016). Hoy en día, están mayormente amenazados por la destrucción de sus hábitats, la contaminación por organoclorados y la introducción de especies exóticas (Ross et al., 2013; Aguilar et al., 2002). Asimismo, la presencia de patógenos que provocan infecciones como el morbillivirus, cuadro 2.1, han provocado un decline en las poblaciones de mamíferos marinos y pueden contribuir al riesgo de su extinción (Arellano y Medrano, 2016; Smith et al., 2008).

En 1989 los virus documentados del genero morbillivirus eran el virus del sarampión (MV) que afecta a los primates incluyendo al ser humano (Oishi et al., 2011). El virus de la peste bovina (RPV) que afecta a artiodáctilos domésticos y silvestres como vacas, búfalos, antílopes, jirafas y gacelas, era una gran amenaza para el ganado en África, Oriente Medio y partes de Asia. Y el virus de la peste de pequeños rumiantes (PPRV) que afecta a cabras y ovejas (Pinotti, et al., 2009; Oishi et al., 2008).

Los análisis filogenéticos revelaron que el RPV está estrechamente relacionado con el MV. El RPV se sugiere que es el origen de la familia de los morbillivirus y por lo tanto ancestro del MV. Bajo este escenario se cree que el salto taxonómico se provocó cuando los humanos empezaron a domesticar al ganado para propósitos de agricultura al tener una estrecha relación con el ganado (Morens et al, 2011).

El virus del distemper canino (CDV) fue importado de Perú a España en el siglo XVIII, desde entonces, el moquillo se ha diagnosticado en muchos países del mundo. En 1905 el virus se había aislado por primera vez en perros domésticos (*Canis familiaris*) por Henri Carré (Gómez y Guida, 2010). Es un patógeno de distribución mundial, tiene una amplia variedad de hospederos que afecta a especies de carnívoros de las familias Canidae, Felidae, Procyonidae y Mustelidae (Pinotti et al., 2009).

En los últimos 25 años se han reportado un gran número de epidemias (figura 2.1) alrededor del mundo en diferentes especies de mamíferos marinos (Medina, 2010; Kreutzer et al., 2008; Osterhaus et. al., 1995). En el cuadro 2.1 se sintetizan la cronología de las epidemias y sus características principales como: año de epidemia, mortalidad, tipo de virus, especies afectadas y ubicación geográfica.

Cuadro 2.1: Epidemias de morbillivirus mamíferos marinos en diferentes partes del mundo.

Año de epidemia	Ubicación geográfica	Especies afectadas	Virus	Mortalidad
1987	-Lago Baikal, Rusia -Antártida	-Focas de Siberia -Focas cangrejeras	CDV	
1988	Noroeste del Atlántico	Marsopas	PMV	
1988	Noroeste de Europa	Focas común	CDV	18.000
1988	Este de Canadá	Morsas	PDV	Baja
1989	Oeste de Bahía de Hudson y Lancaster Scind	Osos polares	PDV	
1988, 1992, 1994	Noroeste del Atlántico	Toninas	DMV	
1991, 1992	Costa noroeste de E.U.	Focas gris y común	PDV	
1997, 2000	Mar Caspio	Foca del Mar de Caspio	CDV	Elevada
1990,1992,2007	Costas del Mediterráneo	Delfin listado	DMV	
1995 - 1997	Costas de California	Delfin común	DMV	
2002	Noroeste de Europa	Focas gris y común	PDV	20,000
2003 - 2007	Río Indio, Florida	Toninas	DMV	
2005 - 2011	Costas de Australia	Cetáceos	DMV	
2006, 2007	Costas de Maine Massachusetts, E. U.	Focas	PDV	
2002, 2005	Alaska	Nutria de Alaska	PDV	
2005, 2006	Costas de Sonora y Sinaloa, México	Ballena gris	morbillivirus	

Posteriormente a las epidemias por morbillivirus en 1987, se aisló y tipificó genéticamente el agente infeccioso demostrando que se trataba de un virus distinto del CDV. Se determinó que era un nuevo virus al que se denominó virus del distemper de focidos (PDV) que pudo haber sido transmitido de los perros de trineo a los focidos (Mamaev et al., 1995) debido a su estrecho contacto a consecuencia de la cacería de subsistencia. Esto ha sugerido que, la introducción de especies invasoras como los animales domésticos a los ambientes silvestres en las islas y zonas costeras, ha facilitado la transmisión del morbillivirus a los mamíferos marinos.

En las Islas de Baja California no se han documentado casos de mortalidad ocasionados por morbillivirus en poblaciones de lobos marinos, sin embargo en dos

estudios realizados en esta área identificaron la presencia de CDV en esta especie mediante la técnica de RT-PCR y neutralización, obteniendo una prevalencia en el 2008 del 26% y en el 2009 del 13% y en el período de 20012-2013 fue de 6.05% (Rivera-Gómez, 2010; Suárez, 2016).

El riesgo de que presente una epidemia depende de la introducción del virus, en este caso es denso dependiente, la transmisión es directa, la susceptibilidad en un periodo establecido y posiblemente factores ambientales (Suárez, 2016; Ohishi, 2012). Sin embargo, la ubicación geográfica es considerada para la prevalencia del virus (Szteren, 2011). No muestra una estacionalidad marcada pero, en las épocas de lluvia se ha observado mayor prevalencia, así como también la edad, el sexo determinan la susceptibilidad (Burek et al., 2008; Härkönen et al., 2006).

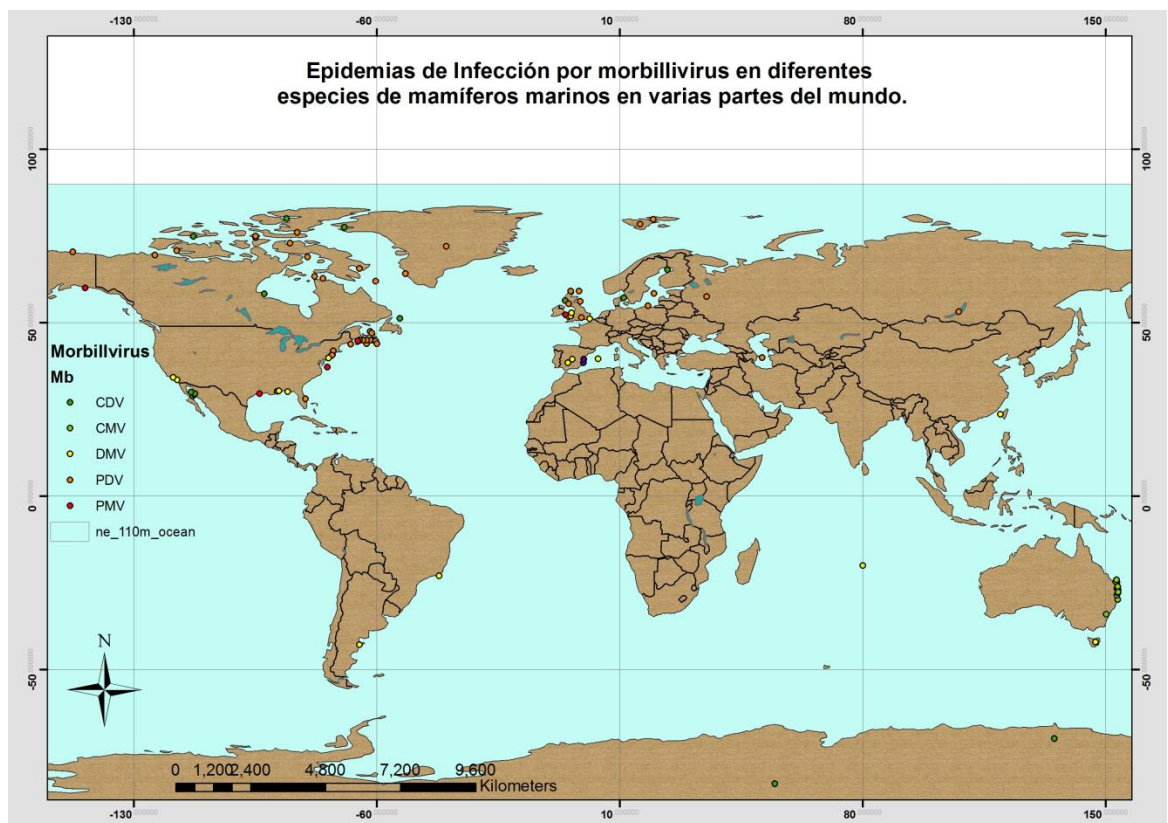


Figura 2.2: Epidemias de Infección por morbillivirus en diferentes especies de mamíferos marinos en varias partes del mundo.

2.6 Ecología del lobo marino de California

El *Z. californianus* de acuerdo a la taxonomía pertenece a la superfamilia Pinnipedia, Orden Carnivora, se vinculan con carnívoros terrestres actuales como que estuvieron hace millones de años en los mares y evolucionaron para adaptarse a la vida acuática. Es el pinnípedo de distribución más amplia y mayor abundancia en México (Berta, 2009).

Existen cinco especies de otáridos y tres fócidos en nuestro país: el lobo marino de California, el lobo fino de Guadalupe, el lobo fino de las Islas Galápagos (*Arctocephalus galapagoensis*) y el lobo marino de las Islas Galápagos (*Zalophus wollebaeki*), lobo fino del norte (*Callorhinus ursinus*), la foca común y el elefante marino del norte (*Mirounga angustirostris*) (Ceballos y Arroyo-Cabrales, 2012). El lobo marino de California es el único pinnípedo residente del Golfo de California, sin embargo se han reportado avistamientos de algunos individuos de especies como de la foca común, lobo fino de Guadalupe (*Arctocephalus Townsendi*) y del elefante marino del norte (Gallo-Reynoso et al., 2010).

El lobo marino de California se distribuye ampliamente a lo largo de la costa del Pacífico de Norteamérica (Cupa, 2007; Szteren, 2011). Se encuentra desde la Columbia Británica, Canadá (51°N), hasta la costa sudoeste de México (19°N). La población global se estima en unos 355,000 individuos (Cupa, 2007). En México, el lobo marino se encuentra en ambas costas de la península de Baja California (figura 2.3). La costa oeste de la península presenta una población estimada entre 75,000 y 87,000 individuos, mientras que el Golfo de California tiene una población estimada entre 26,000 y 31,000 individuos distribuida en 19 colonias, de las cuales, 13 son reproductivas: Rocas Consag, Isla San Jorge, Isla Lobos, Isla Granito, Los Cantiles, Los Machos, El Partido, El Rasito, San Esteban, San Pedro Mártir, San Pedro Nolasco, Farallón de San Ignacio y Los Islotes (Gracia y Gallo 2012). El 82% de población del Golfo de California está concentrada en el cinturón de las Grandes Islas en 16 colonias; en esta región contiene dos colonias principales de reproducción de lobos marinos y son la Isla San Esteban y San Jorge al norte del golfo, ya que son áreas donde la tasa de nacimientos es la más alta del golfo. Auriolles-Gamboa y Zavala-González (1996) sugirieron que la alta

concentración de animales en esta región está relacionada con la productividad primaria y la gran abundancia de peces pelágicos (García et al., 2006).

Viven en colonias y regularmente forman grupos en tierra y en agua, son muy sociables, también son altamente polígamos, se pueden aparear hasta con 16 hembras durante la época reproductiva (Berta, 2009).

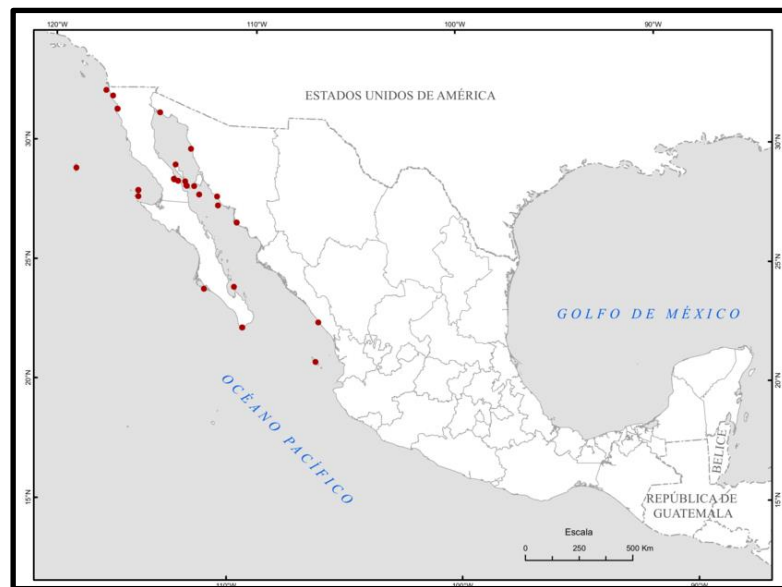


Figura 2.3: Distribución del *Zalophus californianus*. CONABIO

La madurez sexual la alcanzan ambos sexos entre los 6 y 5 años de edad. El macho es el primero en llegar a las zonas reproductivas con unos días de anticipación del periodo de reproducción, para poder escoger su territorio y formar su harem. El periodo de nacimientos va desde mediados de mayo hasta a finales de julio. Las características para delimitar el territorio dependen del éxito que tenga el macho para lograr copular con la mayor cantidad de hembras posibles (Berta, 2009 y Del Llano, 2013).

El periodo de lactancia dura un año, las hembras hacen viajes en este tiempo para alimentarse y regresan después de dos días para amamantar a sus crías. Las islas de reproducción abarcan desde las Rocas Consag hasta Los Islotes. Posteriormente los machos migran hacia al norte por el Pacífico a lo largo de la costa de California hasta la Columbia Británica (Berta 2009). La tasa de fecundidad para el Golfo de California se estima en 55.8%. Se ha estimado la estructura poblacional del lobo marino en el Golfo

de California compuesta por 6.9% de machos adultos, 5.0% de machos juveniles, 6.7% de hembras adultas, 23.9% de animales jóvenes, 22.7% de crías y 0.8% de animales no clasificados. Para las loberas del Pacífico mexicano se estimó como 8.0% de machos adultos, 5.9% de machos juveniles 37.1% de hembras adultas, 12.2% de animales jóvenes y 36.6% de crías (Aurioles y Zavala, 1996; Maravilla et al., 1998; Zavala et al., 1998).

El *Z. californianus* es principalmente ictiófago y se considera un indicador potencial de la productividad marina local ya que es residente anual de estas áreas. Es un depredador de nivel alto, por lo que requiere grandes biomásas de alimento para sostener sus poblaciones, además muestra preferencias alimentarias en cada región que habita (Cupa 2007). Este mamífero marino es clasificado como un especialista plástico ya que tiene preferencia por pocos recursos en un tiempo dado, pero su dieta varía temporalmente debido al cambio en abundancia de éstas presas en su área de alimentación (Lowry, 1991; Aurioles et al., 2000; García Rodríguez y Aurioles, 2006; Porras, 2006).

Los estudios en cuanto a la ecología alimentaria del *Z. californianus* en México son escasos. A la fecha, el comportamiento de este pinnípedo en relación con la alimentación ha sido analizado en función del conocimiento existente sobre sus presas (García y Aurioles, 2006). En el Pacífico mexicano, varios estudios, indican que las zonas de alimentación y presas consumidas son diferentes como resultado de diferencias en las condiciones ambientales locales (García y Aurioles, 2006). Por ejemplo, en las islas Coronados se distinguen elementos ícticos de California, como la anchoveta del norte (*Engraulis mordax*), en Isla Cedros sobresalen componentes de la costa occidental de la península como la langostilla (*Pleurocodes planipes*). Por otro lado, las presas en el Golfo de California, en las islas ubicadas más hacia el norte, la alimentación se basa en micrófitos como en San Pedro Mártir, San Esteban y El Rasito; en Los Machos por la sardina Monterrey (*Sardinops sagar*), la macarela (*Scomber japonicus*) y la anchoveta; en Los Cantiles por el pez sapo (*Porichthys spp*) y el pez sable (*Trichiurus nitens*); en El Coloradito por el pez sable y en Granito por la anchoveta (García y Aurioles, 1997).

Algunos estudios genéticos basados en diferencias en el ADN mitocondrial heredado matrilinealmente del lobo marino de California han demostrado que las colonias

reproductivas en el Golfo de California se diferencian de las del Pacífico. Se sugiere que la población del golfo está estructurada en tres grupos genéticamente diferentes (norte, centro y sur) y dos en el Océano Pacífico (Schramm et al., 2009). Esto indica que no existe migración entre individuos del Golfo de California y del Pacífico, debido a la filopatría, a la fidelidad de los sitios de alimentación a consecuencia de la alternancia entre la lactancia y alimentación, las hembras en el mar son forzadas a restringir su búsqueda de alimento espacial y temporalmente (Szteren, 2011).

Por el aislamiento que existe entre las poblaciones del Golfo de California se consideran estas poblaciones endémicas de México lo que hace que sean importantes para diseñar estrategias de conservación (Maldonado, 1995; Schramm, 2009; Gracia A. y Gallo R. 2012).

2.5 El Impacto de actividades antropogénicas en las poblaciones del *Z. californianus*.

2.5.1 Pesca incidental

El acelerado crecimiento de la población mundial, la demanda de alimento y empleo, la sobre capitalización, los avances tecnológicos en las embarcaciones y las artes de pesca son algunos de los factores que han propiciado un incremento sustancial en la pesca (FAO 2002, Pauly et al. 2002).

A las interacciones que presentan tanto los lobos marinos con las actividades pesqueras se les ha prestado especial atención en los últimos años debido a la muerte de animales, pero también por la competencia y daño a la pesca que se refleja en importantes pérdidas económicas (Lavigne, 1982).

La principal pesquería en el Golfo de California es la sardina Monterrey (*Sardinops sagax*), constituye el 30% del volumen de la producción nacional y está asociada al declive de la población de *Z. californianus* (Guerrero, 2005). Sin embargo, la presión de la pesca en la mayoría de las colonias es limitada por la posición geográfica pero, las colonias que están cercanas a poblados humanos tienen más presión de pesca y por lo tanto son donde las poblaciones de lobos son más susceptibles (Underwood et al., 2008).

Se ha sugerido que la pesca con redes constituye una de las causas principales del declive de la población de lobos marinos de California, se sabe que la tasa de mortalidad es elevada debido a la captura incidental. (Underwood et al., 2008).

2.5.2 Introducción de especies invasoras

Las especies invasoras se presentan en todos los grupos taxonómicos y se estima que se han introducido unas 680,000 en todo el mundo (Mendoza et al., 2016). Estas especies pueden afectar a las nativas mediante diferentes mecanismos, entre los que destacan la hibridación, la competencia por alimento y espacio, la depredación, la alteración del hábitat, la alteración de los niveles tróficos, la transferencia de patógenos y la introducción de parásitos y enfermedades. (Álvarez y Medellín, 2008). La introducción de especies invasoras, entre ellas los animales de compañía como perros, gatos, cabras, algunos roedores entre otros, siempre han existido en la vida del ser humano (Mendoza et al., 2016). Es importante mencionar que la degradación de los ecosistemas vuelve a las especies nativas más vulnerables a los efectos de estas especies (Aguirre 2009).

Por ejemplo, en las zonas donde habitan los *Z. californianus* se han observado perros ferales (*Canis lupus familiaris*) y en los últimos años ha ido en aumento (García-Aguilar, 2012). Son los cánidos silvestres más ampliamente distribuidos en el mundo y son depredadores oportunistas que pueden adquirir su alimento depredando sobre la fauna silvestre o consumiendo carroña (Mendoza et al., 2016). Su alimentación puede ser muy variada, aunque son relativamente pocas las especies que componen la mayor parte de su dieta, estudios previos han señalado que el lobo marino californiano (crías y hembras adultas) es la presa más común seguida del elefante marino del norte. Provocando el abandono del área y la exposición a agentes patógenos que pudieran mermar las poblaciones, ya que se considera que su presencia es de mayor amenaza para la propagación de enfermedades infecciosas originando epidemias de gran importancia (García-Aguilar, 2012).

Otra de las especies que se consideran invasoras y que interactúa con el *Z. californianus* es el coyote (*Canis latrans*). Su distribución geográfica abarca desde

Alaska en América de Norte hasta la región norte de la república de Panamá en América Central. En México, se distribuye en todo el país. En algunas zonas de Baja California son considerados especies invasoras, particularmente en la región del Vizcaíno por lo que se ha sometido a sistemas de control en varias ocasiones (Álvarez, 1999). Son considerados depredadores generalistas, debido a su amplio espectro trófico, su dieta varía en función de la temporada y abundancia de los alimentos, los cuales van desde pequeños y medianos mamíferos, hasta semillas, frutos, insectos, aves, reptiles y carroña (Rodríguez 2011). Se tienen reportados como una especie de hábitos nocturnos principalmente, aunque en otras regiones presentan actividad diurna especialmente en donde no hay presión por los humanos, son altamente sociales y pueden cazar de forma solitaria o en pequeños grupos (Gates et al., 2016; Arjo et al., 2003). De igual forma se han observado individuos que habitan en islas y zonas costeras pueden alimentarse de mamíferos marinos varados (Rodríguez 2011). Se les considera reservorios y fuente de infección de enfermedades comunes en cánidos (Gates et al., 2016). Se han identificado anticuerpos contra CDV en suero de coyotes en diferentes regiones de Estados Unidos de Norteamérica (Arjo et al., 2003).

En México, en un estudio molecular reciente muestra que circula el morbillivirus en este cánido en las costas del Pacífico de la Península de Baja California, por lo que la distribución en estas zonas podría considerarse un riesgo de transmisión de este agente infeccioso hacia los mamíferos marinos (Suárez 2016).

2.5.3 Contaminación por organoclorados

En las últimas décadas, la contaminación marina se ha convertido en un problema creciente que afecta a poblaciones y especies de mamíferos marinos (Stapleton et al., 2006). Entre los principales contaminantes se encuentran los organoclorados (OC) compuestos que han sido de gran interés por su presencia en altas concentraciones a pesar de las prohibiciones sobre la producción y uso. Debido a su amplio uso en la agricultura y la industria, la estabilidad química y la biodegradación lenta, estos compuestos se convirtieron en contaminantes ubicuos, especialmente en entornos marinos. Entre estos se encuentran el DDT (dicloro difenil tricloroetano) y PCB (bifenil policlorado), son los más usados y alcanzan las más altas concentraciones en la biota (Greig et al., 2007).

Por su composición química son resistentes a la degradación y tienen alta solubilidad en lípidos, lo que les confiere la propiedad de pasar fácilmente a través de la estructura fosfolipídica de las membranas biológicas y acumularse en los depósitos de grasa (Flores, 2006). Por lo tanto, preferentemente afectan especies que tienden a acumular grandes cantidades de grasa, como los mamíferos marinos en general. Efectos reportados de compuestos organoclorados en los pinnípedos incluyen deformidades esqueléticas, alteraciones reproductivas y en el crecimiento, causan inmunosupresión y tienden a provocar una alta prevalencia de cáncer (Härkönen, 2006).

Se ha demostrado que la relación entre los niveles de contaminantes y la supresión del sistema inmunológico en los organismos ocasionan que estos queden vulnerables al ataque de agentes patógenos y causar muertes masivas. Con respecto a esto se pueden citar dos ejemplos, uno es el caso de la muerte masiva de delfín mular (*Tursiops truncatus*) en el Golfo de México debido a los altos niveles de organoclorados incrementaron la susceptibilidad de los delfines a adquirir la infección de morbillivirus (Ross et al., 2013), en el segundo caso se han considerado los altos niveles de organoclorados como factores principales de mortalidad de foca monje del Mediterráneo (*Monachus monachus*) durante epidemias de morbillivirus en el Mar del Norte y el Mar Mediterráneo (Harwood, 1998; Guerrero, 2006).

En el Golfo de California se liberan descargas agroindustriales, urbanas, mineras y desechos generados por la acuicultura, los cuales son vertidos al medio sin control alguno y sin pasar por procesos de purificación previos. Un factor que afecta los niveles de concentración encontrados en los mamíferos marinos, es la zona geográfica en la cual se distribuyen debido a las zonas donde desechan estos compuestos (Álvarez et al., 2013; Niño-Torres, 2008).

2.6 Ecología de enfermedades

La perturbación antropogénica y el cambio climático han ido degradando el ambiente, lo que favorece la aparición de fenómenos sin precedentes de enfermedad entre humanos y biodiversidad (Arellano y Medrano, 2015). Las enfermedades infecciosas son actualmente una contribución considerable para el riesgo de extinción en mamíferos

marinos y terrestres (Gulland y Hall, 2005; Pedersen et al., 2007). En los últimos años, se han incrementado la emergencia y reemergencia de enfermedades en diversas especies silvestres ocasionado la muerte masiva en las poblaciones como en el caso del morbillivirus en los mamíferos marinos. Posiblemente por cambios en las propiedades del agente infeccioso, cambios en la resistencia del hospedero, cambios ambientales causantes de nuevas interacciones entre el hospedero y el agente (Medina-Vogel, 2010, Aguirre et al., 2002).

Se considera que la fauna silvestre es expuesta a este tipo de enfermedades por dos vías distintas (Daszak et al., 2000). La primera describe que las enfermedades emergentes en especies de fauna silvestre son resultado de la relación con las especies domésticas, siendo esto cada vez más común, ya que las especies domésticas invaden el hábitat de las especies silvestres y cada vez hay más contacto entre ellas. La introducción del virus del moquillo canino (CDV) en las focas es un ejemplo claro de que la transmisión de CDV parece ser que podría haberse dado vía aerosoles de los perros domésticos o ferales (Rubio, 2015). La segunda ruta es consecuencia de la reintroducción de especies con fines de conservación (Daszak et al., 2000).

Las tasas de destrucción del ambiente ha provocado la fragmentación de los ecosistemas. Esta situación favorece la presentación de enfermedades, las altas tasas de contacto y al aumento del estrés ambiental (Suzán et al., 2000), además cambia la densidad, la abundancia relativa y la distribución geográfica de las especies involucradas en ciclos de transmisión de patógenos. Estos cambios pueden alterar la dinámica de la transmisión dependiente de la densidad y dar lugar a diferentes patrones espaciales de prevalencia de la enfermedad (Suzán et al., 2012). Entre más pequeño sea el fragmento de un ecosistema, mayor será la densidad poblacional y la tasa de contacto entre individuos, así como el nivel de estrés ambiental; esto último se relaciona con el brote de enfermedades. De igual forma, entre más grande sea este fragmento, será mayor la diversidad biológica en él y disminuirá los riesgos para el brote de enfermedades. Asimismo cambios físicos en el ambiente provocan, a su vez, cambios bióticos, al generar ambientes que son favorables para la extinción de especies y la

proliferación de especies invasoras que resisten a la perturbación (Suzán et al., 2012; Davidson et al., 2011; Goldberg et al., 2008).

3. Objetivo General

Identificar las áreas de riesgo por infección por morbillivirus en las poblaciones de *Zalophus californianus* en el Golfo y Península de Baja California.

3.1 Objetivos particulares

- Identificar áreas de riesgo de infección por morbillivirus canino en las poblaciones de *Zalophus californianus* combinando variables potencialmente relacionadas con la presencia y abundancia de perros.
- Determinar si los casos positivos de infección por morbillivirus documentados recientemente en el Golfo de California corresponden con alguna de las áreas de riesgo identificadas por alguno de los modelos.

6. Hipótesis

También se contrastaron simultáneamente tres hipótesis, que no son mutuamente excluyentes, de acuerdo con el enfoque de las pruebas de hipótesis múltiples:

- I. La probabilidad de ocurrencia de coyotes y perros ferales determina el nivel de riesgo de infección por morbilivirus en poblaciones de *Zalophus californianus* de la península y Golfo de California, considerando que el morbilivirus canino (CDV) ha demostrado ser infectivo en otros pinnípedos, además de que se ha comprobado que los perros ferales son capaces de atacar a lobos marinos.
- II. Las variables climáticas facilitan la infección por morbilivirus en las poblaciones de *Zalophus californianus* de la península y Golfo de California, debido a que el virus se inactiva cuando la temperatura ambiental es elevada.
- III. La densidad poblacional humana incrementa la probabilidad de que se presente un proceso infeccioso en poblaciones de *Zalophus californianus* de la península y Golfo de California debido a que aumenta la incidencia de factores ambientales potencialmente estresantes como son la presencia y concentración de organoclorados, el contacto directo con los humanos, el ruido, etc.

5. Métodos

5.1. Área de estudio

La Península de Baja California tiene aproximadamente 1,300 km de largo desde la frontera sur de los Estados Unidos de Norteamérica hasta Cabo San Lucas (Figura 6.1). Es una región árida en su mayor parte y se cataloga como muy seca, registra temperaturas de 22 °C a 26 °C con una precipitación anual de 100 a 300 mm (Niño-Torres 2008). El Golfo de California es uno de los mares más biodiversos, productivos y dinámicos en el mundo. La costa Pacífica de Baja California también es una región de gran riqueza biológica, en donde viven de 36 a 39 especies de mamíferos marinos (Arellano, 2010). En ambas regiones viven (aunque no exclusivamente) todos los mamíferos marinos que tienen alguna relevancia social, política y/o económica para nuestro país (con excepción del manatí). Los misticetos, que son un valioso recurso para el turismo, y las seis especies que tienen algún grado de amenaza de acuerdo a la Unión Internacional para la Conservación de la Naturaleza (2009) así como varias especies que interaccionan con la pesca ribereña e industrial (Enríquez et al., 2005; Guerrero, 2006; Ulloa et al., 2006; Jaramillo et al., 2007; Spalding et al. 2007; Arellano, 2010).

Los ecosistemas insulares son de importancia crítica para la biodiversidad del planeta, debido a que son ricos en especies endémicas y son importantes áreas de crianza y refugio para diversas especies marinas, con complejas funciones ecológicas a nivel de ecosistemas (Case et al., 2002). En particular, las 16 islas principales del Pacífico de la península de Baja California son áreas críticas para la reproducción de 59 especies de aves, 39 de anfibios y reptiles, 18 de mamíferos terrestres y 6 de pinnípedos (Álvarez, 1999). Por su extraordinario valor biológico y productividad natural, la mayoría de estas islas están en proceso de ser decretadas áreas naturales protegidas (ANP). Las que ya forman parte de alguna ANP son isla Guadalupe (Reserva de la Biosfera Isla Guadalupe) y las islas Natividad, San Roque y Asunción (Reserva de la Biosfera El Vizcaíno; Islas del Pacífico INECC), (Case et al., 2002; Grismer, 2002; Zavala, 2002).

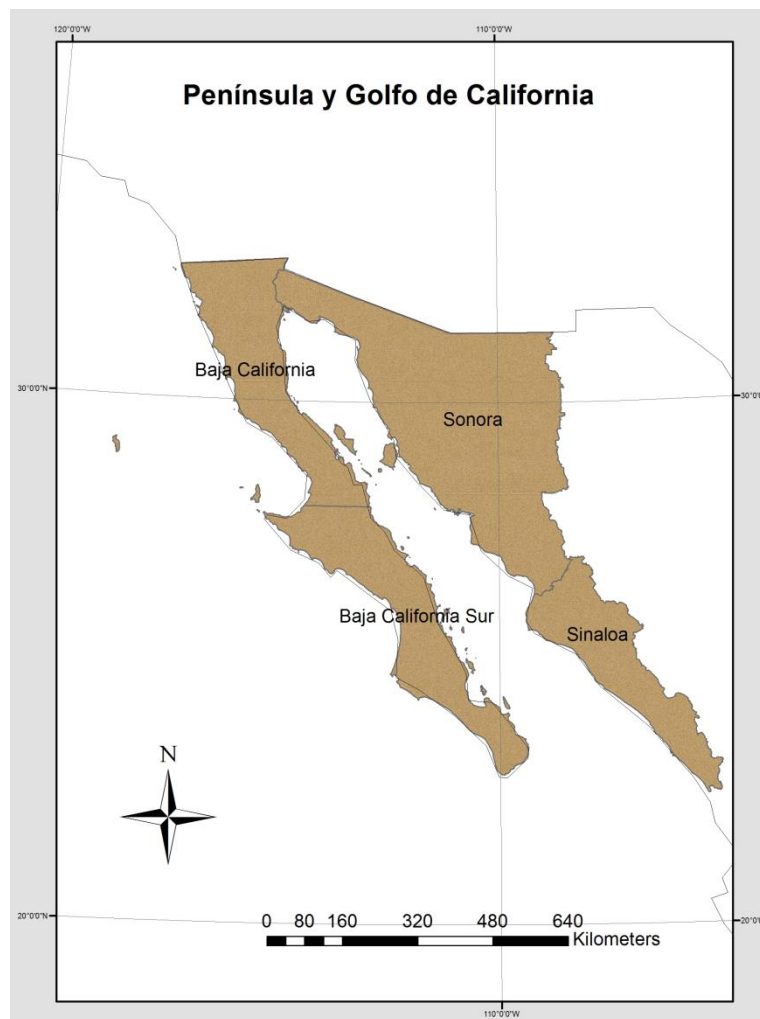


Figura 5.1: Área de estudio.

5.2. Enfoque y diseño de estudio

Este trabajo se enfocó en el estudio de morbillivirus las zonas costeras mediante el análisis multi-criterio (Saaty, 2009; Vargas 2012). Para realizar este análisis se construyeron cinco mapas con base en las variables de importancia para el análisis y se representaron geográficamente con el programa de ArcGis 10.1. (Álvarez, 2008). Se realizó una revisión bibliográfica sobre la ocurrencia de mamíferos marinos infectados con morbillivirus en todo el mundo mediante la revisión y búsqueda de artículos indexados, reportes y tesis. Las palabras clave que se usaron para esta búsqueda fueron en inglés morbillivirus in marine mammals, in pinnipeds, in cetacean, structure of morbillivirus, enfermedades emergentes, ecología de enfermedades, organoclorados,

perros ferales; la búsqueda se realizó en google académico. Las variables que se consideraron en orden de importancia fueron:

1. Probabilidad relativa de ocurrencia de perros (POP),
2. Probabilidad de condiciones adecuadas para la presencia de coyotes (PCAC),
3. Densidad poblacional humana (DPH),
4. Importancia de las colonias de lobos marinos (CL),
5. Probabilidad de condiciones adecuadas para la presencia de pinnípedos - infectados con morbillivirus (PCAPMb).

Los mapas de PCAC y PCAPMb se elaboraron con base en variables ambientales usando el programa de Maxent 3.3.3 K(<http://www.cs.princeton.edu/~schapire/maxent>). Al final, se realizó un mapa consensopara determinar las zonas de riesgo de infección por morbillivirus para el Golfo de California.

Cada variable se representó espacialmente con la elaboración de mapas, los cuales se intercalaran para obtener el mapa de riesgo y así poder analizar y explicar que variable es la que está más involucrada en la transmisión del morbillivirus a los lobos marinos proporcionándoles un peso ponderado con base en la literatura.

También se realizaron modelos con base en la información de las colonias de las islas. En este caso se propusieron cinco modelos usando la distancia que pueden recorrer los perros ferales, el número de humanos por localidad, el censo de *Z. californianus* en cada colonia, la prevalencia del morbillivirus en cada isla y la ubicación geográfica de las islas. Estos modelos se realizaron para evaluar si existía una correlación entre estas variables La prevalencia se obtuvo con el número de individuos positivos entre la población probada.

5.3. Generación de capas geográficas

5.3.1. Probabilidad relativa de ocurrencia de perros (POP)

Debido a la evidencia de contacto directo entre perros y lobos marinos, ya que estos últimos forman parte de la dieta de los perros y además les pueden transmitir el CDV, se generó una cobertura para determinar la probabilidad de ocurrencia de perros (Romero, 2008; Gracia y Gallo, 2012).

Se sugiere que la presencia de perros en las costas es de gran importancia para este estudio. Se conoce que su distribución en el país se puede ver reflejada en la distribución de los núcleos poblacionales humanos. Los perros que merodean en espacios abiertos (y que potencialmente podrían interactuar con animales silvestres) se han agrupado en tres categorías en función de dónde y cómo viven (Brickner, 2002):

A) Perros domésticos:

Son aquellos que pertenecen a un humano o que cuentan con un hogar, a éstos se les suministra alimento refugio y cuidado, sin embargo algunos pueden afectar a la fauna silvestre al acceder y transitar por zonas naturales cuando son liberados o no existen barreras que limiten su movimiento;

B) Perros callejeros:

Son aquellos que se encuentran en las ciudades y sus alrededores y dependen de manera parcial e indirecta de los humanos pero no son propiedad de ellos.

C) Perros ferales:

Son aquellos que viven y se reproducen en la naturaleza y subsisten de la cacería de presas y la recolección de residuos, por lo que ninguna de sus necesidades se satisface intencionalmente por el hombre.

Para describir la distribución de los perros ferales se utilizó información sobre la distancia que pueden recorrer, obtenida por diferentes estudios. Una de estas investigaciones fue realizado en la Isla de Cedros en Baja California donde se observó que recorrían distancias desde 3.5 km a 30 km a partir de los hogares que habitan esa isla (García-Aguilar, 2012), coincidiendo con otra investigación que se realizó en Australia donde se determinó que llegan a recorrer las mismas distancias en zonas naturales con base en pruebas en perros domésticos (Álvarez et al., 2008). Por lo anterior, se consideró representar espacialmente las distancias que pueden llegar a recorrer con base en los asentamientos humanos que hay cercanos a la franja costera de la Península, asimismo se les asignó una categoría a dichas distancias para poder realizar el análisis multi-criterio. Las distancias en orden de importancia fueron de 30

km, 15 km, 7 km y 3.5 km, se jerarquizo de esta manera ya que se sabe que los perros ferales son los que recorren distancias mayores (a partir de los bordes urbanos), tienen comportamiento de cacería y por lo tanto son los que tienen mayor probabilidad de contacto con los lobos marinos (probablemente hasta 3km) (Cortés-Calva et al., 2013). Las distancias fueron asignadas por el conocimiento de lo que puede recorrer un perro dependiendo de la disponibilidad de alimento, los que se desplazan menos son los que tienen alimento cercano a los poblados (3.5 km) y tienen dueño, los que se desplazan más son perros que dependen parcialmente de los humanos y andan a los alrededores de las ciudades (7 y 15 km) (Brickner, 2002).

El mapa se elaboró con base en la carta topográfica de la página del INEGI de todas las localidades del área de estudio (urbana y rural). Para representar la variable POP se usó el programa ArcGIS 10.1 (ESRI 2000), se hicieron buffers con las distancias basadas en la literatura alrededor de la ubicación geográfica de los asentamientos humanos (localidades pequeñas se consideraron como polígonos de 1km de diámetro y los centros urbanos fueron descritos a partir de polígonos disponibles en INEGI).

5.3.2 Probabilidad de condiciones adecuadas para la presencia de coyotes (PCAC)

Con la finalidad de obtener la distribución del coyote (anexo 5.1) en el área de estudio se consultaron registros de ocurrencia de la especie en nuestro país a través de la página del Global Biodiversity Information Facility (GBIF, <http://www.gbif.org/>, consulta: 07/2016).

Para generar el modelo espacial, se usó el programa de MaxEnt a pesar de que existe un amplia gama de modelos similares, posee tres ventajas por sobre los demás: primero, se requiere solo datos de presencia, versus otros modelos que requieren datos de presencia y ausencia; segundo, su buen desempeño es consistente en comparación con otros 16 métodos similares (Elith et al., 2006), especialmente con un número pequeño de muestras y tercero, su disponibilidad gratuita (Morales, 2012). En general, este algoritmo detecta las relaciones no aleatorias entre dos conjuntos de datos: a) los registros georreferenciados de la presencia de la especie, y b) un conjunto de coberturas

tipo raster, de datos digitales que representan a las variables ambientales pertinentes para determinar la distribución de la especie en una escala particular de análisis. Este enfoque se utiliza cada vez más en la toma de decisiones en materia de conservación, restauración y contaminación ambiental (Phillips et al., 2006).

Para la generación del modelo se utilizaron el 80 % de los registros como puntos de entrenamiento y el 20 % restante como puntos de validación. Para estimar la capacidad de predicción del modelo, se analizó el área bajo la curva (AUC), donde la sensibilidad se observa en la gráfica que mostró la capacidad de discriminación de una presencia contra la capacidad de discriminación de una ausencia que es la especificidad (Phillips y Dudik, 2008). En este caso, no se trata de ausencias comprobadas, sino de pseudoausencias. El formato de salida analizado es logístico, el cual indica una idoneidad de hábitat relativa de cada píxel. Se usó la prueba de Jackknife para calcular la contribución relativa de cada variable al modelo (Sokal y Rohlf, 1995; Phillips et al., 2006). Los modelos fueron examinados con el sistema de información geográfica ArcGIS 10.1 (ESRI 2000).

Para la obtención de PCAC en el programa de MaxEnt se introdujeron 19 variables climáticas descargadas de la página de Worldclim y los puntos geográficos de observaciones del coyote, las variables fueron:

- temperatura media anual,
- la media de la temperatura diurna
- la media mensual de temperatura máxima – temperatura mínima,
- Isotérmica,
- temperatura de la estacionalidad,
- temperatura máxima del mes más caliente,
- temperatura mínima de mes más frío,
- promedio de temperatura anual,
- temperatura media del trimestre más húmedo,
- temperatura media del trimestre más seco,
- temperatura media del trimestre más caliente,
- temperatura media del trimestre más frío precipitación anual,
- precipitación del mes más húmedo,

- precipitación del mes más seco,
- precipitación de la estacionalidad,
- precipitación del trimestre más húmedo,
- precipitación del trimestre más seco,
- precipitación del trimestre más caliente,
- precipitación del trimestre más frío.

5.3.3 Densidad poblacional humana (DPH)

Este mapa que representa la densidad poblacional humana (DPH) se elaboró con base en la carta topográfica de las localidades urbanas y rurales del área de estudio, que se descargó de la página del INEGI. Este mapa se realizó considerando que la presencia humana se relaciona con factores ambientales potencialmente estresantes como son la presencia y concentración de organoclorados, y la introducción de especies invasoras, asimismo el contacto directo con los *Z. californianus*.

Se calculó la DPH en base el número de habitantes por kilómetro cuadrado. Para este mapa sólo se representaron las localidades de la franja costera con base en la movilidad de los perros en el área de estudio.

5.3.6 Probabilidad de condiciones adecuadas para la presencia de pinnípedos infectados con morbillivirus (PCAPMb)

Para construir este mapa se recurrió a los datos reportados en la literatura (anexo 5.2). Se construyó una base de datos que incluyó observaciones de pinnípedos infectados con morbillivirus en diversas partes del mundo, registrando como campos los siguientes datos por registro:

Fecha del muestreo (día, mes, año)	País
Familia	Estado
Género	Localidad
Especie	Latitud (grados decimales)

Longitud (grado decimales)	Resultado
Sexo Edad	Prevalencia
Morbillivirus	Estado del animal
Muestra	Abundancia
Prueba de laboratorio	Número de casos positivos

La construcción del modelo y su validación se llevaron a cabo de manera similar al modelo de PCAC.

5.6. Análisis espaciales

5.6.1. Modelo continental

Para la construcción del mapa de riesgo, se obtuvieron las cartas topográficas de los estados de Baja California (BC), Baja California Sur (BCS), Sonora (Son) y Sinaloa (Sin) de la página web del INEGI (<http://www.inegi.org.mx>, consulta: 09/2013) para obtener el mapa del área de estudio con el programa ArcGIS 10.1.

Se realizaron cinco mapas que corresponden a cada una de las variables descritas en la sección anterior, es decir: POP, PCAC, DPH, CL y PCAPMb

El mapa final se creó con base en la suma de todas las variables excepto CL, porque solo se describió para visualizar las colonias insulares de reproducción y de descanso. Este procedimiento aritmético está sujeto a la probabilidad, lo que se traduce en la utilización de herramientas multi-criterio para obtener el objetivo principal del estudio. Y así poder evaluar qué variable estuvo más correlacionada con la probabilidad de encontrar individuos de *Z. californianus* infectados con morbillivirus en las zonas de riesgo obtenidas.

5.6.2 Análisis multi-criterio

El análisis multi-criterio, que tiene sus fundamentos en el Proceso Analítico Jerárquico (AHP, por sus siglas en inglés) desarrollado por Thomas L. Saaty, es un método matemático creado para evaluar alternativas cuando se tienen en consideración

varios criterios o variables (Saaty, 2012; Berumen y Llamazarez, 2007). Está basado en el principio de que la experiencia y el conocimiento de los expertos son tan importantes como los datos utilizados en el proceso. El AHP permite analizar el efecto de los cambios en un nivel superior sobre el nivel inferior de cada variable, proporciona información sobre el sistema, una vista panorámica de los expertos, sus objetivos y propósitos, y tiene la flexibilidad para encarar cambios en los elementos de manera que no afecten la estructura total (Saaty, 2008).

Las ventajas de este modelo es que se aplica a atributos cualitativos y cuantitativos y mide el grado de consistencia, el cual valida que los juicios que muestra el tomador de decisiones para que no tengan errores entre ellos, es decir, que no se haya producido contradicciones en los mismos (Saaty, 2008). Un valor de este coeficiente inferior a 0.10 es considerado aceptable. Para aquellos casos en que sea mayor, las opiniones y los juicios deben ser reevaluados. Es utilizado para planeación estratégica, asignación de recursos, selección de proveedores, políticas de negocios/pública, selección de proyectos, investigación de mercado, nuevas tecnologías e impacto ambiental (Escobar, 2015).

Para aplicar el AHP al presente estudio se siguieron tres principios:

1. Construcción de jerarquías: se desagregó el problema en sus partes componentes o variables hasta llegar a un orden jerárquico de todas ellas. Primer nivel debe estar el objetivo de este estudio, en el segundo nivel las variables que se consideraron y en el tercer nivel las subvariables que son las ponderaciones medidas en porcentajes (Figura 5.2).

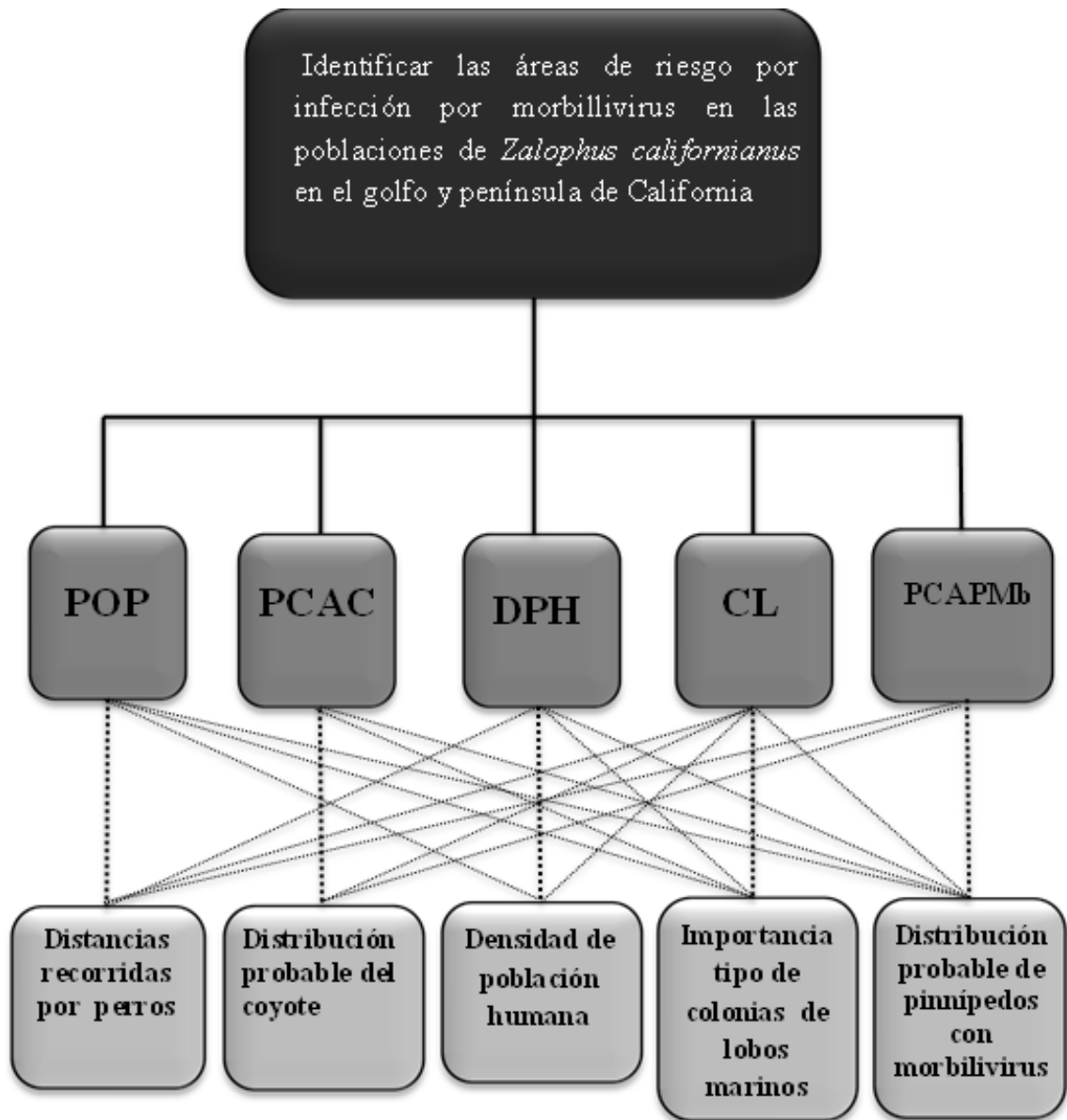


Figura 5.2: Diagrama de jerarquías para el AHP.

Las variables usadas en este estudio deben estar fundamentadas, por lo que se deben caracterizar cada variable (cuadro 5.1).

Cuadro 5.1. Caracterización de las variables

Variable	Caracterización
POP	La presencia de perros aumenta el riesgo de transmisión de morbillivirus a los <i>Z. californianus</i> .
PCAC	La presencia de coyotes en las colonias de lobos marinos aumenta el riesgo de transmisión de morbillivirus a los <i>Z. californianus</i> .
DPH	Las actividades antropogénicas tienen influencia en la transmisión del morbillivirus en <i>Z. californianus</i> , por contaminación, pesca incidental e introducción de perros en las colonias.
CL	La posición geográfica es de importancia para las colonias de lobos marinos sobre todo las de reproducción ya que, influye en el impacto y acceso de la presencia humana.
PCAPMb	La distribución de pinnípedos infectados con morbillivirus en varias partes del mundo con base en variables ambientales puede indicar una posible epidemia en el área de estudio.

2. Establecimiento de prioridades de los criterios de acuerdo a la ponderación establecida por Saaty (Cuadro 5.2).

Cuadro 5.2. Escala estandarizada por Thomas Saaty

Peso ponderado	Definición	Explicación
1	Igual importancia	Dos actividades influyen de igual forma al cumplimiento del objetivo
3	Moderada importancia de uno sobre otro	La experiencia y el juicio favorecen levemente a una actividad sobre la otra
5	Fuerte o esencial importancia	La experiencia y el juicio favorecen fuertemente a una actividad sobre a otra
7	Muy fuerte o demostrable importancia	Una actividad es mucho más favorecida que la otra; su predominancia se demostró en la práctica
9	Extrema importancia	La evidencia que favorece una actividad sobre la otra, es absoluta y totalmente clara
2,6,6,8	Valores intermedios o de compromiso	Cuando se necesita un compromiso de las partes entre los valores adyacentes
Recíprocos	Para comparación inversa	

Se ordenaron todas las variables en orden de importancia. Se les asignaron valores para establecer el orden de prioridad cada uno de las variables (Cuadro 5.3).

Cuadro 5.3. Peso ponderado de las variables.

Variables	Peso ponderado
POP	9
PCAC	8
DPH	7
CL	5
PCAPMb	6

Una vez que se han definido las variables, se realiza el análisis por pares (matrices de comparación por pares), es decir, se comparan cada una de las alternativas frente a cada una de las variables y/o subvariables de manera biunívoca, par a par. Se les dio un porcentaje mediante los juicios incluidos a las variables con respecto al objetivo y a las subvariables. Se compararon cada una de las variables para definir cuál es el más importante con respecto al objetivo del estudio y con respecto a cada variable (Cuadro 5.4).

Cuadro 5.4: Procedimiento de las matrices pareadas.

Objetivo	Variable 1	Variable 2	Variable 3
Variable 1	Igual importancia 1	Moderada importancia 3	Extrema importancia 9
Variable 2	Inverso 1/3	Igual importancia 1	Fuerte importancia 5
Variable 3	Inverso 1/9	Inverso 1/5	Igual importancia 1

- Principio de la consistencia lógica: Se debe garantizar que existe una consistencia lógica y para ello se calculó el índice de consistencia, el cual se basa en el hecho de que los seres humanos tenemos la capacidad de establecer relaciones entre los objetos o las ideas de manera que sean consistentes.

La consistencia tiene dos propiedades simultaneas: a) la transitividad de las preferencias, que se refiere a que deben respetarse las relaciones de orden entre los elementos y b) la proporcionalidad de las preferencia, que indica que los juicios emitidos deben respetar las condiciones de transitividad al comparar más de dos elementos, así como también tomar en cuenta la proporcionalidad entre ellos (Berumen y Llamazares 2007). Se calculó el índice de consistencia para cada matriz pareada por medio de la siguiente fórmula:

$$\text{Proporción de Consistencia} = \frac{\text{Índice de Consistencia (IC)}}{\text{Índice Aleatorio (IA)}}$$

La proporción de consistencia no debe ser < 10%

El índice de Consistencia (IC) = mide la consistencia de la matriz de comparaciones y se calculó a través de la siguiente fórmula:

$$IC = \frac{\lambda_{\max} - n}{n-1}$$

También es necesario considerar el tamaño de la matriz para calcular el IC (Cuadro 5.5).

Cuadro 5.5: Índice de consistencia aleatorio.

Tamaño de la matriz	2	3	4	5	6	7	8	9	10
Índice Aleatorio	0	0.58	0.9	1.12	1.24	1.32	1.41	1.45	1.49

5.6.2 Modelo insular

Los cinco modelos generados para las islas se basaron en el número de habitantes, la posición geográfica de las islas, los censos de lobos de cada colonia y la prevalencia de CDV (Cuadro 5.6). Se diseñó un modelo de dispersión de perros considerando su movilidad (conociendo que los perros ferales recorren mayores distancias, se consideró

una distancia de 50 km), por lo que se graficó la dispersión mínima y máxima que se expresó con la ecuación 1:

$$D_{\text{dispersión de perros}} = 50 \left(\frac{1-nloc^x}{k+n^x} \right) \dots \dots \dots (1)$$

Dónde:

nloc = número de perros en la localidad (basado en la relación de 1 perro:7 humanos)

k = núm. de población humana (que tamaño debe ser la población humana para que se disperse el perro)

x = dispersión de los perros en función a la presencia humana

Cuadro 5.6: Información de las colonias de *Z. californianus*.

longitud	latitud	Tipo colonia	Localidad	Tamaño	Lobos probados	Lobos infectados	Prevalencia
-113.072161	29.779933	R	La Partida	394	31	1	0.032258065
-112.436200	29.554200	R	Granito	986	37	8	0.216216216
-114.483333	31.116667	R	Rocas Consag	533	13	0	0
-113.845269	31.442856	R	Isla San Jorge	2286	0	0	0
-114.492905	30.035963	R	Coloradito		14	0	0
-114.488463	30.052352	R	Isla la Lobera	1205	0	0	0
-112.557060	29.502300	R	Los Cantiles	562	32	4	0.125
-112.502300	29.285600	R	Los Machos	530	24	7	0.291666667
-112.956460	28.911900	R	Rasito	210	20	3	0.15
-111.375390	27.963872	R	San Pedro Nolasco	679			
-109.733692	25.879858	R	Farrallon de San Ignacio	592			
-110.367848	24.618727	R	Los Islotes	544			
-112.604667	28.748919	R	San Pedro Martir	1956			
-113.144592	29.402008	R	San Esteban	5769			
-111.840624	24.455775	R	Santa Margarita	3000			
-114.291700	27.103905	R	Isla Asunción	200			
-114.377934	27.147222	R	Isla San Roque				
-115.209020	27.896560	R	Isla Natividad				
-115.175395	28.116196	R	Isla Cedros				
-115.555932	28.312194	R	Isla San Benito	3661			
-118.304346	29.054128	R	Isla Gaudalupe	232			
-117.265314	32.444939	R	Los Coronados				
-116.779588	31.835348	D	Todos Santos				
-115.584800	29.658527	D	San Jeronimo				
-114.409130	28.786299	D	Isla Adelaida				
-114.190286	28.016060	D	Guerrero Negro				
-113.123560	26.648798	D	Punta Abreojos				
-112.553636	26.216831	D	San juanico				
-112.291075	24.783632	D	Isla Magdalena	500			
-110.340069	23.564426	D	Punta lobos	30			
-109.934308	22.821076	D	Cabo San Lucas				
-113.594584	29.472309	D	Angel de la Guarda				
-112.777714	30.096017	D	cabo de lobos				
-113.320226	29.276792	D	Bahia el Refugio				
-112.377813	29.297962	D	Isla tiburón				
-113.497360	29.069914	D	Gringa				
-113.040524	28.465630	D	San Francisquito				
-112.788507	28.591804	D	Isal San Lorenzo				
-110.908318	27.826027	D	Guaymas	1252			
-112.070409	27.230507	D	Isla San Marcos				
-111.123987	25.975618	D	Puerto Escondido				
-110.713741	25.089282	D	Isla Santa Cruz				
-110.537196	24.927216	D	Isla San Diego				
-110.634930	24.797536	D	Isla San Jose				
-110.295154	24.432217	D	Las cruces				
-109.806594	24.151152	D	Isla Cerralvo				
-106.515540	21.565000	D	Islas marietas				

Referencias: Reserva de la Biosfera Isla San Pedro Mártir y Área de Protección de Flora y Fauna Islas del Golfo de California, 2011; Monitoreo de Lobo Marino de California (*Zalophus californianus californianus*) en la Reserva de la Biosfera Isla San Pedro Mártir y Área de Protección de Flora y Fauna Islas del Golfo de California; Comisión Nacional de Áreas Naturales Protegidas. Disponible en internet desde: <http://www.conanp.gob.mx/acciones/fichas/lobo/fichitas/index.html>. [Consulta: 06/2016].

En el modelo 1a se calculó el riesgo 1a considerando el número de perros en la localidad y su dispersión con respecto a la distancia de la costa a las localidades de humanos. El modelo se diseñó a partir de la ecuación 2 donde se sustituyó la ecuación 1 y se consideró el número de lobos por cada isla para el modelo 1a humanos – lobos y se obtuvo a partir de la ecuación 3:

$$\mathbf{riesgo\ 1} = \frac{(n_{loc})(D_{\text{modelo de dispersión}})}{D_{loc,col}} \text{----- (2)}$$

$$\mathbf{riesgo\ 1} = \frac{n_{loc}50\left(1 - \frac{n_{loc}^x}{k+n_{loc}^x}\right)}{D_{loc,col}} \text{----- (3)}$$

Dónde:

D loc, col = distancia de la costa a las localidades de humanos

Se consideraron los parámetros $x=2$ y $k=10$. Estos parámetros se establecieron considerando que los perros permanecen con los humanos, entonces $x \geq 0$ y para k se consideró un tamaño mínimo de la población humana.

Para el modelo1b se consideró el mismo principio de los parámetros del modelo 1a, por lo que los parámetros que se usaron fueron $x=0.5$ y $k=100$.

Otro modelo 1a se expresó al sustituir la ecuación 3 multiplicado por el número de lobos marinos en cada isla obteniendo la ecuación 6.

$$\mathbf{riesgo\ 1\ lobos} = (\mathbf{riesgo1})(n_{col}) \text{----- (6)}$$

Dónde:

ncol= número de lobos marinos en la isla

El modelo 2a se basó en las distancias medias a poblaciones humanas y cantidad de personas para obtener el riesgo 2a, expresado en la ecuación 5. Se realizó con base en el número de humanos ponderado por la distancia al cuadrado (efecto cercano).

$$\text{riesgo 2a} = \frac{\sum_{loc=1}^k \frac{n_{loc}}{d^2_{col, loc}}}{\sum_{loc=1}^k \frac{1}{d^2_{col, loc}}} \text{----- (5)}$$

Dónde:

k= 3867 localidades de los municipios costeros que pueden estar a < 50km de una lobera, más cercanos a Sinaloa; Sonora, Baja California y Baja California Sur.

El modelo 2b se diseñó con base en el número de lobos marinos en la isla y el riesgo 2a, expresado en la ecuación 6:

$$\text{riesgo 2b} = (n_{col})(\text{riesgo 2a}) \text{----- (6)}$$

El modelo 3a se diseñó con base a la distancia mínima a humanos como se representa en la ecuación 7, para obtener el modelo 3a.

$$\text{riesgo 3a} = \text{distancia mínima a humanos} \text{----- (7)}$$

El modelo 3b se diseñó con base en el número mínimo de perros con respecto a la distancia mínima a humanos, ecuación 8:

$$\text{riesgo 3b} = n_{D_{min}} / D_{min} \text{----- (8)}$$

Dónde:

n_{D_{min}} = número de perros con respecto a la distancia mínima a humanos

El modelo 6a se diseñó con base en el modelo 2a, modificando la distancia a la costa de cero hasta 6 km en las localidades en Sonora y Baja California y k=137 localidades, se obtuvo el riesgo 6 en la ecuación 9:

$$\text{riesgo 4a} = \text{riesgo 2a (localidades en Sonora y Baja California a 0 – 4 km de la costa)} \text{-----}(9)$$

A partir del modelo 6b se basó en el 6a para obtenerse obtuvo el modelo de riesgo 6b con la ecuación 10:

$$\text{riesgo 4b} = (\text{riesgo 4a})(n_{col}) \text{-----}(10)$$

El modelo 5 se diseñó con base en la actividad pesquera. Datos de desembarco pesquero de camarón, peces cartilagosos, escamas y pelágicos menores (INEGI) ($\rho = 6$), considerando k=27 oficinas en Sinaloa, Sonora, Baja California y Baja California Sur (Golfo de California), obteniendo el riesgo con la ecuación 11.

$$\text{riesgo 5} = \frac{\sum_{ofp=1}^k \frac{\sum_{of\rho=1}^{\rho} fPesc}{d_{ofp,col}}}{\sum_{ofp=1}^k \frac{1}{d_{ofp,col}}} \text{-----}(11)$$

Dónde:

$$fPesc = \frac{Pesc_{of}}{\sum_{ofp=1}^k Pesc_{ofp}} \rightarrow \sum_{ofp=1}^k fPesc_{ofp} = 1$$

6. Resultados

6.1. Capas geográficas

En el mapa de la variable POP se representaron espacialmente con buffers las distancias que recorren los perros en la Península de Baja California categorizadas por su nivel de

importancia en porcentajes la probabilidad relativa de ocurrencia de perros que va del 6% (3.5 km), 7% (7 km), 13% (15 km) y 27% (30 km) (Figura 6.1). El 27% es el de mayor importancia porque son los individuos que tienen más probabilidad de tener contacto con *Z. californianus* a lo largo de las costas de la península.

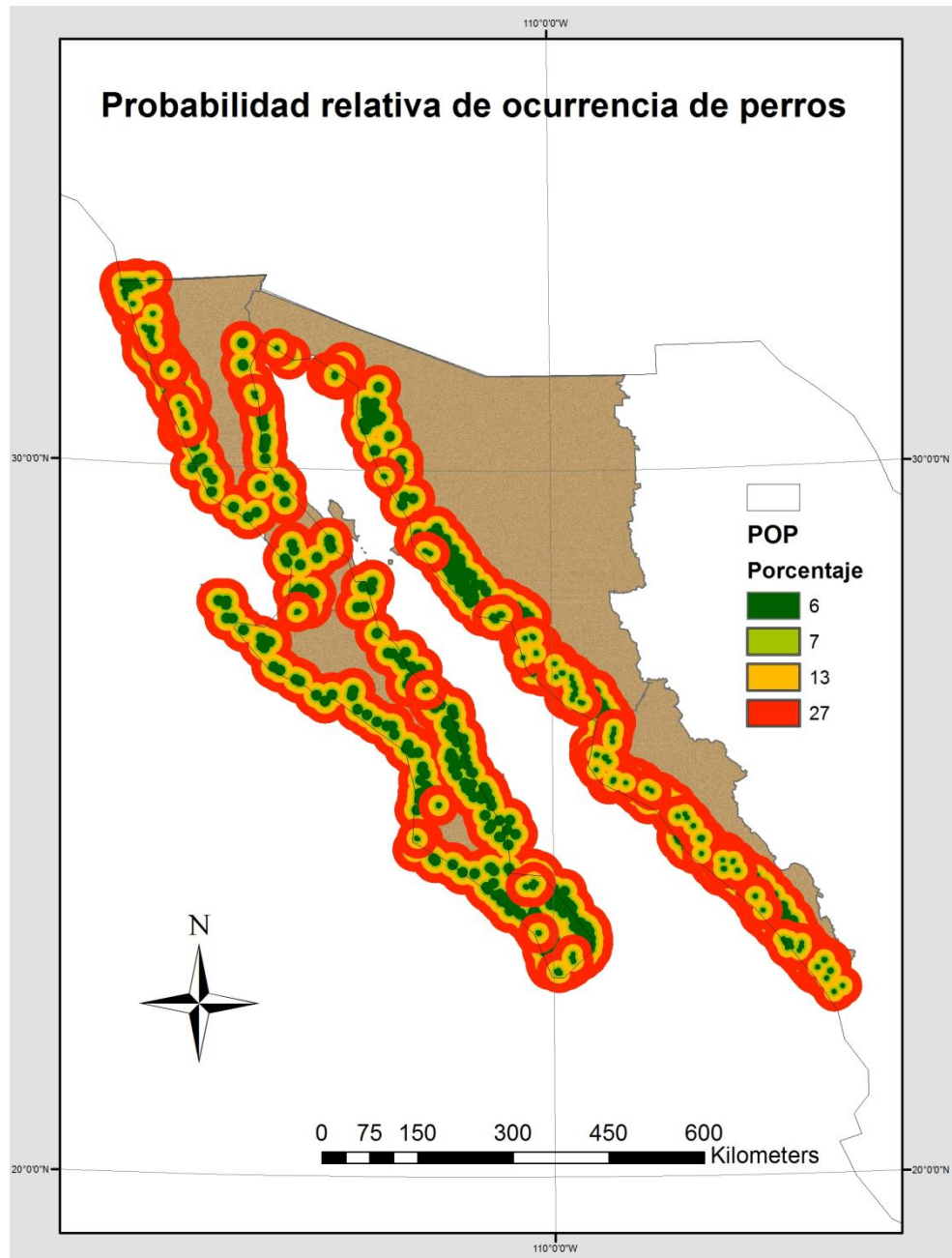


Figura 6.1: Probabilidad relativa de ocurrencia de perros.

En el mapa de la variable PCAC (Figura 6.2) se observó la probabilidad de presencia del coyote en toda la franja costera de la Península de BC. Las zonas de color rojo

indican una alta probabilidad de condiciones adecuadas para la presencia de la especie, estas son: Laguna Ojo de Liebre en Guerrero negro, Bahía Tortugas, Bahía San Luis Gonzaga con 20 % de peso ponderado. Las zonas de color naranja y amarillo indican condiciones típicas de aquellos lugares donde la especie se encuentra cercanas a las costas de Tijuana, Ensenada, El Rosario, Isla Cedros, Guerrero Negro, Bahía Tortugas, Puerto Peñasco, San Luis Gonzaga, Bahía de los Ángeles, San francisquito, San Carlos, Bahía Kino, Isla Tiburón con 17 y 16% de peso ponderado. Las zonas de tonalidad verde indican una baja probabilidad de condiciones adecuadas para la presencia de la especie son la mayor parte de las costas de BCS, el sur de Sonora y todas las costas de Sinaloa con un 13 y 11% de peso ponderado.

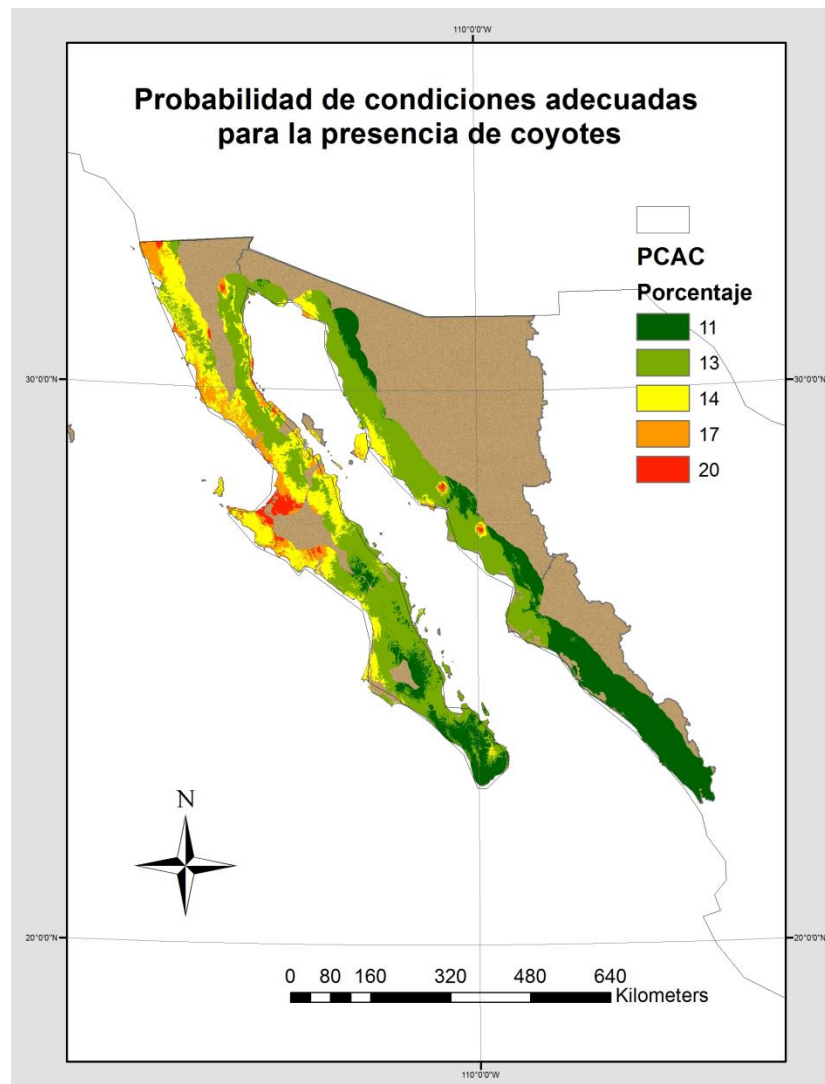


Figura 6.2: Probabilidad de condiciones adecuadas para la presencia de coyotes.

En el mapa de DPH (Figura 6.3), las zonas con mayor densidad poblacional fueron: Santa Rita y La Paz, BCS con un 16% de peso ponderado; Cabo San Lucas, San José del Cabo, BCS con un 16% de peso ponderado; Puerto Peñasco, Son; Todos Santos, Ensenada, Santo Tomas, BC; Guerrero Negro, Múgele, BCS; Puerto Libertad, Bahía Kino, Guaymas ciudad obregón, Son; La Cruz, Mazatlán, Sin con 12% de peso ponderado.

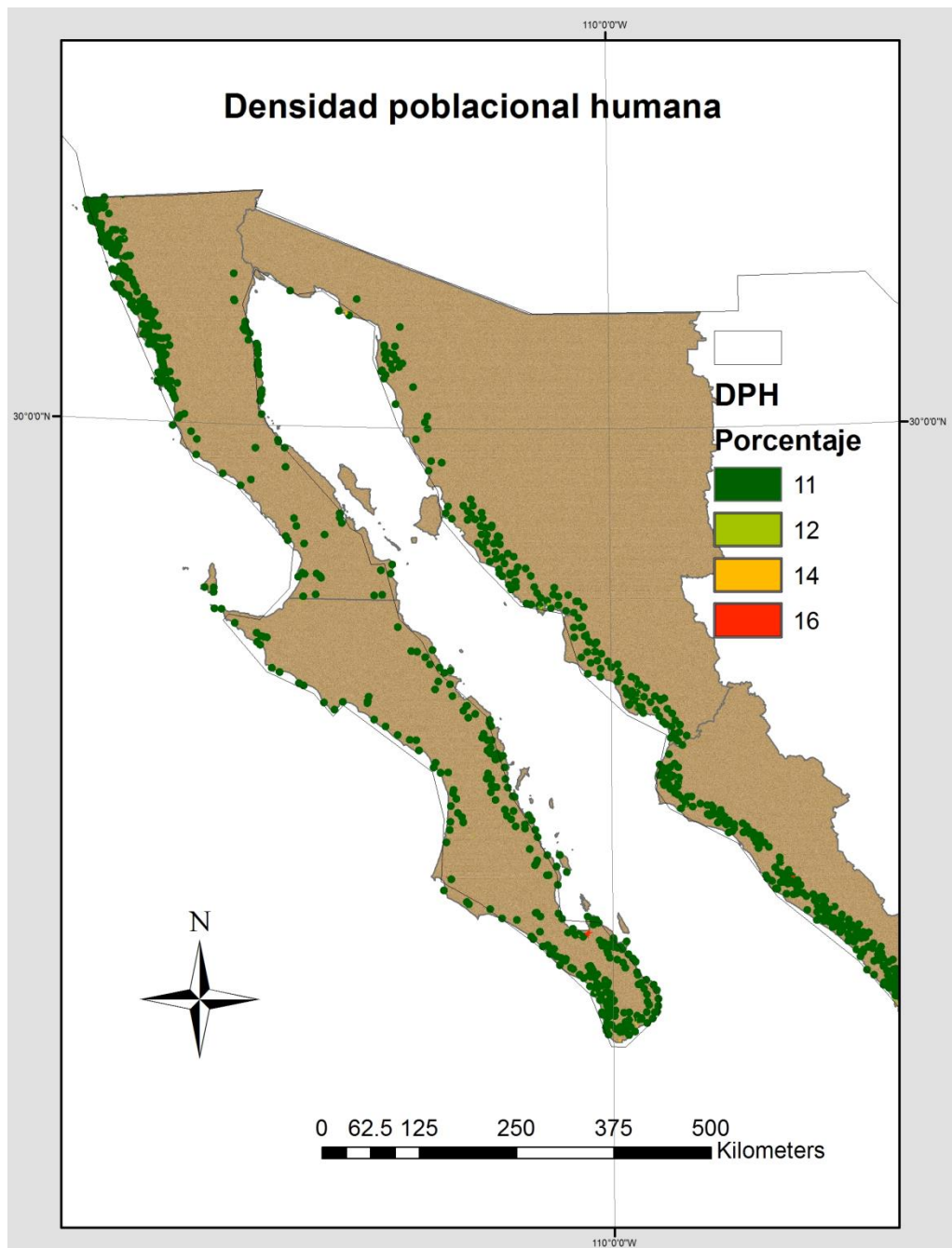


Figura 6.3: Densidad de población humana.

En el mapa de la variable de PCAPMb (Figura 6.4), indicó que las zonas de alta probabilidad de presencia de pinnípedos infectados con morbillivirus fueron las costas de Bahía Magdalena con un 16% de peso ponderado. Las zonas que indican las condiciones típicas de aquéllos lugares donde la especie se encuentra fueron las costas de Tijuana, San Carlos con el 13% del peso ponderado. Las zonas que indican una baja probabilidad de condiciones adecuadas para la presencia de la especie fueron casi toda la franja costera a excepción de las zonas antes mencionadas con un 11% de peso ponderado.

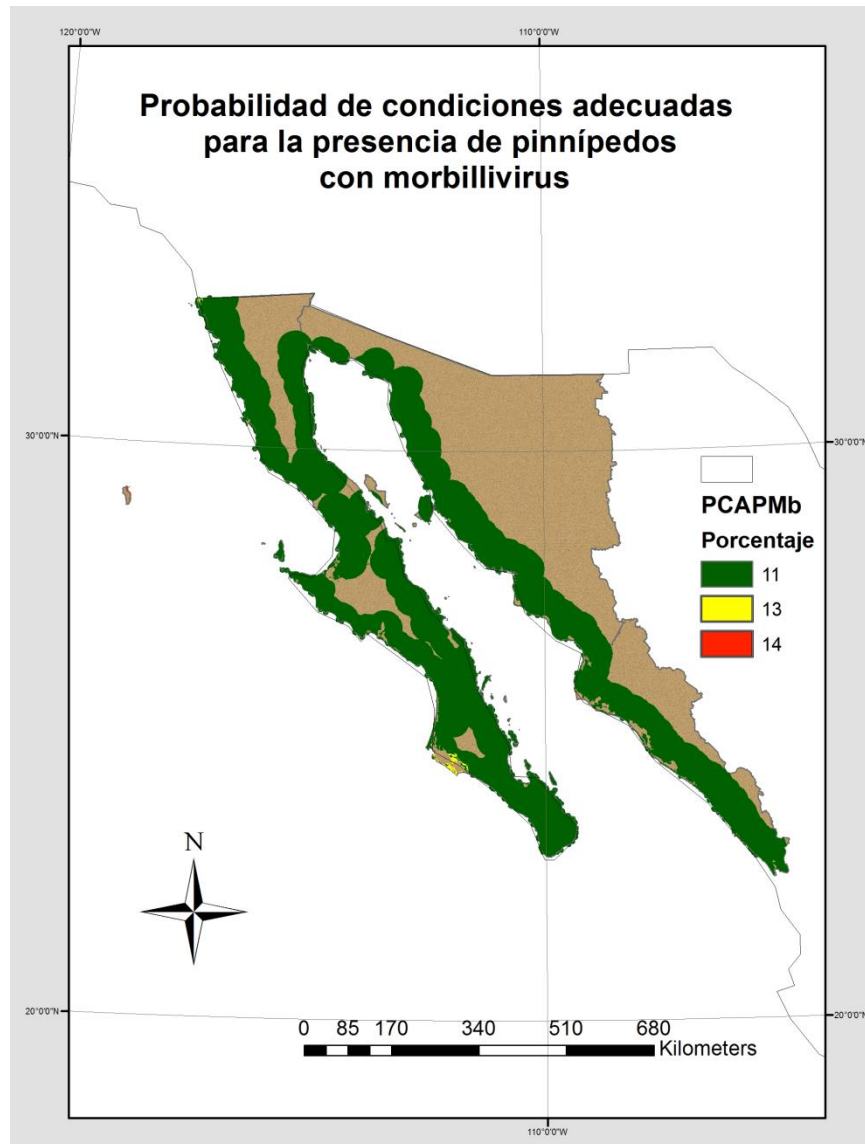


Figura 6.4. Probabilidad de condiciones adecuadas para la presencia de pinnípedos infectados con morbillivirus.

6.2 Análisis multi-criterio

Todas las matrices fueron normalizadas y la razón de consistencia fue menor al 10%. Los resultados de la matriz que se obtuvieron con respecto al objetivo principal (cuadro 6.1a, b, c) indicaron que las variables en orden de importancia (peso ponderado) para el estudio fueron: POP, PCAC, DPH, PCL y PCAPMb, por lo tanto POP fue la de mayor importancia y la de menor importancia PCAPMb con respecto al objetivo.

Cuadro 6.1a: Matriz de comparaciones por pares con respecto al objetivo.

Objetivo	POP	PCAC	DPH	CL	PCAPMb	Peso ponderado
POP	1.00	4.00	3.00	9.00	9.00	26.00
PCAC	0.250	1.00	2.00	4.00	4.00	11.25
DPH	0.333	0.500	1.00	3.00	2.00	6.83
CL	0.111	0.250	0.333	1.00	2.00	3.69
PCAPMb	0.111	0.250	0.500	0.500	1.00	2.36
suma	2	6	7	18	18	

Cuadro 6.1b: Matriz de comparación por pares normalizada.

Matiz Normalizada Objetivo						
Objetivo	POP	PCAC	DPH	CL	PCAPMb	Peso ponderado
POP	0.55401662	0.6666667	0.439046	0.514286	0.5000	0.534802962
PCAC	0.138504155	0.1666667	0.292697	0.228571	0.2222222	0.209732335
DPH	0.184487535	0.0833333	0.146349	0.171429	0.1111111	0.139341831
CL	0.061495845	0.0416667	0.048734	0.057143	0.1111111	0.064030113
PCAPMb	0.061495845	0.0416667	0.073174	0.028571	0.0555556	0.052092759

Cuadro 6.1c: Razón de consistencia de la matriz.

Cálculo de consistencia objetivo						
		W	Δ max	IC	IA	RC
1.805	26.000	0.5185688	0.9360166			
6.000	11.250	0.2243807	1.3462843			
6.833	6.833	0.1362839	0.9312276			
17.500	3.694	0.0736767	1.2893414			
18.000	2.361	0.04709	0.8476206			
	50.138		5.3504904	0.0876226	1.12	0.0782345

Los resultados de la matriz que se realizó con respecto a la variable POP, muestran que la subvariable más importante fue la distancia máxima que recorren los perros que es 30 km y el de menor peso fue la distancia de 3.5 km (cuadro 6.2 a, b, c).

Cuadro 6.2a: Matriz de comparaciones por pares con respecto a la variable POP

POP	30km	15 km	7 km	3.5 km	Peso ponderado
30km	1	2.00	3.00	5.00	11.00
15 km	0.500	1	3.00	5.00	9.50
7 km	0.333	0.333	1	3.00	4.67
3.5 km	0.200	0.200	0.333	1	1.73
suma	2.0330	3.5330	7.3330	14.0000	

Cuadro 6.2b: Matriz de comparaciones por pares normalizada.

Matriz normalizada POP					
POP	30 km	15 km	7 km	3.5 km	Peso ponderado
30 km	0.492	0.5660911	0.4091095	0.3571429	0.456
15 km	0.246	0.2830456	0.4091095	0.3571429	0.324
7 km	0.164	0.0942542	0.1363698	0.2142857	0.152
3.5 km	0.098	0.0566091	0.0454112	0.0714286	0.068

Cuadro 6.2c: Razón de consistencia de la matriz con respecto a POP.

Calculo de consistencia POP						
		W	Δ max	IC	IA	RC
2.033	11.000	0.4089371	0.8313692			
3.533	9.500	0.353173	1.2477601			
7.333	4.67	0.1734637	1.2720093			
14.000	1.73	0.0644262	0.9019666	0.084368415	0.9	0.0937427
0	26.899	0	4.2531052			

Los resultados de la matriz que se realizó con respecto a la variable PCAC, muestran que la subvariable más importante fue donde existe la probabilidad de encontrar la especie (0.7105 – 0.977) y el de menor peso fue la de menor probabilidad (0.0088 – 0.1) (Tabla 6.3 a, b, c).

Cuadro 6.3a: Matriz de comparaciones por pares con respecto a la variable PCAC.

PCAC	0.7105 - 0.9775	0.6152 - 0.71058	0.51607 - 0.6152	0.4169 - 0.51607	0.3063 - 0.4169	0.19188 - 0.3063	0.1003 - 0.19188	0.00881 - 0.1003	Peso ponderado
0.710587 - 0.9775	1.00	2	2	3	4	5	6	9	32.00
0.615237 - 0.71058	0.500	1.00	2	3	4	5	7	8	30.50
0.516073 - 0.6152	0.500	0.5	1.00	2	3	4	5	7	23.00
0.416910 - 0.51607	0.333	0.333	0.5	1.00	2	3	4	5	16.17
0.306304 - 0.4169	0.250	0.250	0.333	0.5	1.00	2	3	4	11.33
0.191885 - 0.3063	0.200	0.200	0.250	0.333	0.5	1.00	2	3	7.48
0.100349 - 0.19188	0.166	0.142	0.200	0.250	0.333	0.5	1.00	2	4.59
0.008813 - 0.10034	0.111	0.125	0.142	0.200	0.250	0.333	0.5	1.00	2.66
suma	3.06	4.55	6.43	10.28	15.08	20.83	28.50	39.00	

Cuadro 6.3b: Matriz de comparaciones por pares normalizada.

Matriz Normalizada PCAC									
	0.710587 - 0.9775	0.615237 - 0.7105	0.516073 - 0.6152	0.416910 - 0.5160	0.306304 - 0.4169	0.191885 - 0.3063	0.100349 - 0.1918	0.008813 - 0.1003	Peso ponderado
0.710587 - 0.9775	0.326797386	0.43956044	0.311284047	0.291743655	0.265199231	0.24000384	0.210526316	0.230769231	0.289485518
0.615237 - 0.7105	0.163398693	0.21978022	0.311284047	0.291743655	0.265199231	0.24000384	0.245614035	0.205128205	0.242768991
0.516073 - 0.6152	0.163398693	0.10989011	0.155642023	0.19449577	0.198899423	0.192003072	0.175438596	0.179487179	0.171156858
0.416910 - 0.5160	0.108823529	0.073186813	0.077821012	0.097247885	0.132599615	0.144002304	0.140350877	0.128205128	0.112779646
0.306304 - 0.4169	0.081699346	0.054945055	0.051828794	0.048623942	0.066299808	0.096001536	0.105263158	0.102564103	0.075903218
0.191885 - 0.3063	0.065359477	0.043956044	0.038910506	0.032383546	0.033149904	0.048000768	0.070175439	0.076923077	0.051107345
0.100349 - 0.1918	0.054248366	0.031208791	0.031128405	0.024311971	0.022077836	0.024000384	0.035087719	0.051282051	0.03416819
0.008813 - 0.1003	0.03627451	0.027472527	0.022101167	0.019449577	0.016574952	0.015984256	0.01754386	0.025641026	0.022630234

Cuadro 6.3c: Razón de consistencia de la matriz con respecto a PCAC.

Cálculo de consistencia PCAC						
	W	Δ max	IC	IA	RC	
3.06	32.00	0.250520613	0.766593076			
4.55	30.50	0.238777459	1.08643744			
6.43	23.00	0.180061691	1.156896363			
10.28	16.17	0.126559882	1.301415269			
15.08	11.33	0.088723441	1.338215659			
20.83	7.48	0.05858268	1.220452965			
28.50	4.59	0.035941879	1.024343558			
39.00	2.66	0.020832355	0.812461835			
0	127.73	0	8.706816165	0.100973738	1.41	0.07161258

Los resultados de la matriz que se realizó con respecto a la variable DPH, muestran que la subvariable más importante fue la de mayor densidad poblacional humana y el de menor peso fue donde existe menor densidad con un peso de 2.69 (Tabla 6.4 a, b, c).

Cuadro 6.4a: Matriz de comparaciones por pares con respecto a la variable DPH.

DPH	0.109-32.7989	0.0422- 0.108	0.0173- 0.0421	0.0055-0.0173	0.0019-0.0054	0.0008- 0.0018	0.0004- 0.00073	1.498736E-07	Peso ponderado
0.109-32.7989	1.00	2.00	2.00	4.00	5.00	6.00	8.00	9.00	37.00
0.0422- 0.108	0.5	1.00	2.00	3.00	4.00	5.00	6.00	8.00	29.50
0.0173- 0.0421	0.5	0.5	1.00	2.00	3.00	4.00	5.00	6.00	22.00
0.0055-0.0173	0.250	0.333	0.5	1.00	2.00	3.00	3.00	5.00	15.08
0.0019-0.0054	0.200	0.250	0.333	0.5	1.00	2.00	2.00	4.00	10.28
0.0008- 0.0018	0.166	0.200	0.250	0.333	0.5	1.00	2.00	3.00	7.45
0.0004- 0.00073	0.125	0.166	0.200	0.333	0.5	0.5	1.00	2.00	4.82
1.498736E-07- 0.0003	0.111	0.125	0.166	0.200	0.250	0.333	0.5	1.00	2.69
suma	2.85	4.57	6.45	11.37	16.25	21.83	27.50	38.00	

Cuadro 6.4 b: Matriz de comparaciones por pares normalizada.

Matriz Normalizada DPH									
	0.109-32.7989	0.0422- 0.108	0.0173- 0.0421	0.0055-0.0173	0.0019-0.0054	0.0008- 0.0018	0.0004- 0.00073	1.498736E-07	Peso ponderado
0.109-32.7989	0.350631136	0.43725404	0.3101256	0.351926799	0.30769231	0.274813356	0.290909091	0.236842105	0.320024305
0.0422- 0.108	0.175315568	0.21862702	0.3101256	0.263945099	0.24615385	0.22901113	0.218181818	0.210526316	0.2339858
0.0173- 0.0421	0.175315568	0.10931351	0.1550628	0.1759634	0.18461538	0.183208904	0.181818182	0.157894737	0.165399061
0.0055-0.0173	0.087657784	0.0728028	0.0775314	0.0879817	0.12307692	0.137406678	0.109090909	0.131578947	0.103390892
0.0019-0.0054	0.070126227	0.05465676	0.05163591	0.04399085	0.06153846	0.091604452	0.072727273	0.105263158	0.068942886
0.0008- 0.0018	0.058204769	0.0437254	0.0387657	0.029297906	0.03076923	0.045802226	0.072727273	0.078947368	0.049779985
0.0004- 0.00073	0.043828892	0.03629209	0.03101256	0.029297906	0.03076923	0.022901113	0.036363636	0.052631579	0.035387125
1.498736E-07- 0.0003	0.038920056	0.02732838	0.02574042	0.01759634	0.01538462	0.015252141	0.018181818	0.026315789	0.023089945

Cuadro 6.4 c: Razón de consistencia de la matriz con respecto a DPH.

Cálculo de consistencia DPH						
		W	λ max	IC	IA	RC
2.852	37.00	0.2872136	0.8191331			
4.57	29.50	0.2289946	1.0474213			
6.45	22.00	0.1707756	1.101332			
11.37	15.08	0.1170822	1.3307565			
16.25	10.28	0.0798221	1.2971088			
21.83	7.45	0.0578231	1.2624512			
27.50	4.82	0.0374464	1.0297771			
38.00	2.69	0.0208424	0.7920108			
0	128.82	0	8.6799909	0.097142	1.41	0.068895

Los resultados de la matriz que se realizó con respecto a la variable CL, muestran que la subvariable más importante fue las colonias de reproducción y el de menor peso fue las colonias de descanso de lobos marinos (Tabla 6.5 a, b, c).

Cuadro 6.5a: Matriz de comparaciones por pares con respecto a la variable CL.

CL	CRZc	CDZc	Peso ponderado
CRZc	1.00	4.00	5.00
CDZc	0.25	1.00	1.25
suma	1.25	5.00	

Cuadro 6.5b: Matriz de comparaciones por pares normalizada.

Matriz Normalizada CL			
CL	CRZc	CDZc	Peso ponderado
CRZc	0.80	0.8	0.80
CDZc	0.20	0.2	0.20

Tabla 6.5c: Razón de consistencia de la matriz con respecto a CL.

Calculo de consistencia CL						
		W	λ max	IC	IA	RC
1.25	5.000	0.80	1.00			
5.00	1.250	0.20	1.00			
	6.25	0	2.00	0.0	0	0

Los resultados de la matriz que se realizó con respecto a la variable PCAPMb, muestran que la subvariable más importante fue donde existe la probabilidad de

encontrar la especie (0.3866 – 0.5625) y el de menor peso fue la de menor probabilidad (0.002012 – 0.0217) (Tabla 6.6 a, b, c).

Cuadro 6.6a: Matriz de comparaciones por pares con respecto a la variable PCAPMb.

PCAPMb	0.3866 - 0.562	0.2438 - 0.3866	0.17786 - 0.2438	0.1185 - 0.1777	0.0746 - 0.1185	0.0438 - 0.0745	0.0218 - 0.0438	0.0020 - 0.0217	Peso ponderado
0.38667 - 0.5625	1.00	2.00	2.00	4.00	5.00	6.00	8.00	9.00	37.00
0.24380 - 0.3866	0.5	1.00	2.00	3.00	4.00	5.00	6.00	7.00	28.50
0.17785 - 0.2438	0.5	0.5	1.00	2.00	3.00	4.00	5.00	6.00	22.00
0.11851 - 0.1778	0.250	0.333	0.5	1.00	2.00	3.00	3.00	5.00	15.08
0.07454 - 0.1185	0.200	0.250	0.333	0.5	1.00	2.00	2.00	4.00	10.28
0.04377 - 0.0745	0.166	0.200	0.250	0.333	0.5	1.00	2.00	3.00	7.45
0.02179 - 0.0437	0.125	0.166	0.200	0.333	0.333	0.5	1.00	2.00	4.66
0.00201 - 0.0217	0.111	0.142	0.166	0.250	0.250	0.5	0.5	1.00	2.92
suma	2.85	4.59	6.45	11.42	16.08	22.00	27.50	37.00	

Cuadro 6.6b: Matriz de comparaciones por pares normalizada con respecto a PCAPMb.

Matriz Normalizada PCAPMb									
	0.3866 - 0.562	0.2438 - 0.3866	0.17786 - 0.2438	0.1185 - 0.1777	0.0746 - 0.1185	0.0438 - 0.0745	0.0218 - 0.0438	0.0020 - 0.0217	Peso ponderado
0.38667 - 0.5625	0.350631136	0.435634938	0.310125601	0.350385424	0.310887272	0.272727273	0.290909091	0.24324324	0.320567997
0.24380 - 0.3866	0.175315568	0.217817469	0.310125601	0.262789068	0.248709818	0.227272727	0.218181818	0.18918919	0.231175157
0.17785 - 0.2438	0.175315568	0.108908734	0.1550628	0.175192712	0.186532363	0.181818182	0.181818182	0.16216216	0.165851338
0.11851 - 0.1778	0.087657784	0.072533217	0.0775314	0.087596356	0.124354909	0.136363636	0.109090909	0.13513514	0.103782918
0.07454 - 0.1185	0.070126227	0.054454367	0.051635913	0.043798178	0.062177454	0.090909091	0.072727273	0.10810811	0.069242076
0.04377 - 0.0745	0.058204769	0.043563494	0.0387657	0.029169587	0.031088727	0.045454545	0.072727273	0.08108108	0.050006897
0.02179 - 0.0437	0.043828892	0.0361577	0.03101256	0.029169587	0.020705092	0.022727273	0.036363636	0.05405405	0.034252349
0.00201 - 0.0217	0.038920056	0.030930081	0.025740425	0.021899089	0.015544364	0.022727273	0.018181818	0.02702703	0.025121267

Cuadro 6.6c: Razón de consistencia de la matriz con respecto a PCAPMb.

Cálculo de consistencia PCAPMb							
		W	λ_{max}	IC	IA	RC	
2.85	37.00	0.289308865	0.825108882				
4.59	28.50	0.222846017	1.023086065				
6.45	22.00	0.172021487	1.10936657				
11.42	15.08	0.117936368	1.346361574				
16.08	10.28	0.080404407	1.293144076				
22.00	7.45	0.058244912	1.281388057				
27.50	4.66	0.036413821	1.001380081				
37.00	2.92	0.022824124	0.844492576				
	127.89		8.724327881	0.103475412	1.41	0.073386817	

Posteriormente con los resultados de las matrices de cada variable se construyó una matriz final, la cual se multiplico por la matriz con respecto al objetivo y se obtuvo los pesos finales de las subvariables en función de las variables y de su peso ponderado (figura 6.5).

	Distancias recorridas por perros	Distribución probable del coyote	Densidad poblacional humana	Importancia tipo de colonias de lobos marinos	Distribucion probable de pinnipedos con morbilivirus	Peso ponderado (variables con respecto al objetivo)	Peso final ponderado
POP	0.4560569	0.2894855	0.3200243	0.8000000	0.3205680	0.5348030	0.41713116
PCAC	0.3238100	0.3506748	0.2339858	0.2000000	0.231175157	0.2097323	0.30417495
DPH	0.1521768	0.1711569	0.2736561	0.0000000	0.165851338	0.1393418	0.16405311
CL	0.0679564	0.1127796	0.1033909	0.0000000	0.103782918	0.0640301	0.07980984
PCAPMb	0.0000000	0.0759032	0.0689429	0.0000000	0.178622589	0.0520928	0.03483093

Figura 6.5 : Multiplicación de matrices de las subvariables y variables.

La variable más importante a considerar es POP con un peso ponderado de 62% y en orden descendente le sigue la variable PCAC con un peso de 30%, la variable DPH con un peso de 16%, la variable CL con un peso de 8% y la de menor importancia fue la variable PCAPMb con un peso ponderado de 6% (cuadro 6.7). La grafica representa los porcentajes de los pesos ponderados de cada variable (figura 6.6)

Cuadro 6.7. Peso final ponderado de las variables.

Variables	Peso ponderado
POP	62%
PCAC	30%
DPH	16%
CL	8%
PCAPMb	6%

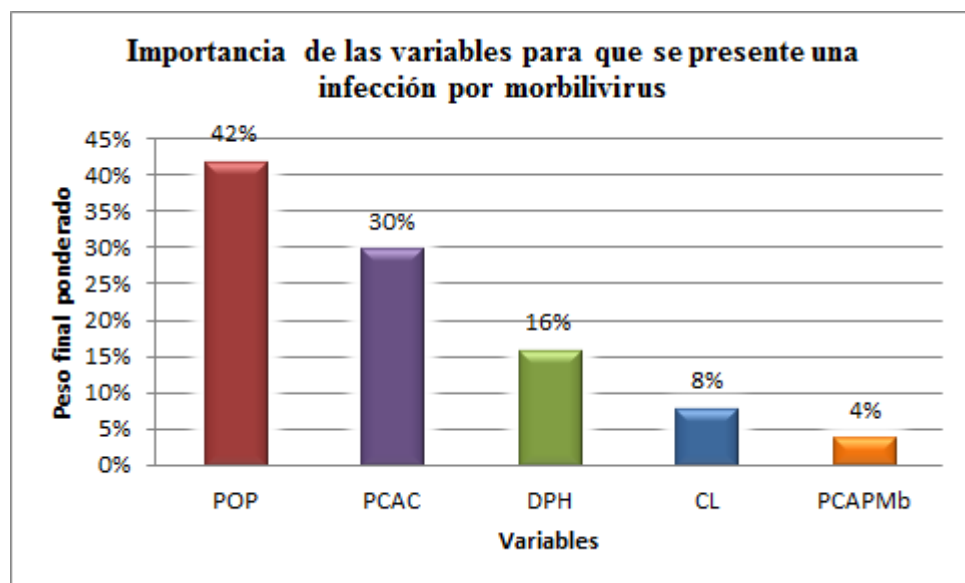


Figura 6.6: Gráfica del peso final ponderado de las variables POP, PCAC, DPH, CL y PCAPMb.

6.2.1. Zonas de riesgo de infección por morbillivirus

Las zonas de riesgo para que se presente una infección por morbilivirus (figura 6.7), se concentraron en las costas de Baja California, al sur de Baja California Sur del lado del Pacífico y en las costas del lado del Golfo de California a lo largo de Sonora, Sinaloa y

a lo largo de Baja California Sur. De acuerdo con el análisis multi-criterio, las zonas de mayor riesgo para que se presente una infección por morbillivirus son las que se encuentran en las costas de Rosarito, Tijuana, BC; en Guerrero Negro, y en los Cabos, BCS. En el lado del Golfo de California en las costas de Puerto Peñasco, Sonora; Playa Grande y San Felipe, BC; Bahía Kino, Guaymas, y Huatabampo, Sonora; Santa Rosalía, La Paz, y San José del Cabo BCS; Los Mochis, Topolobampo, La Cruz y Mazatlán, Sinaloa.

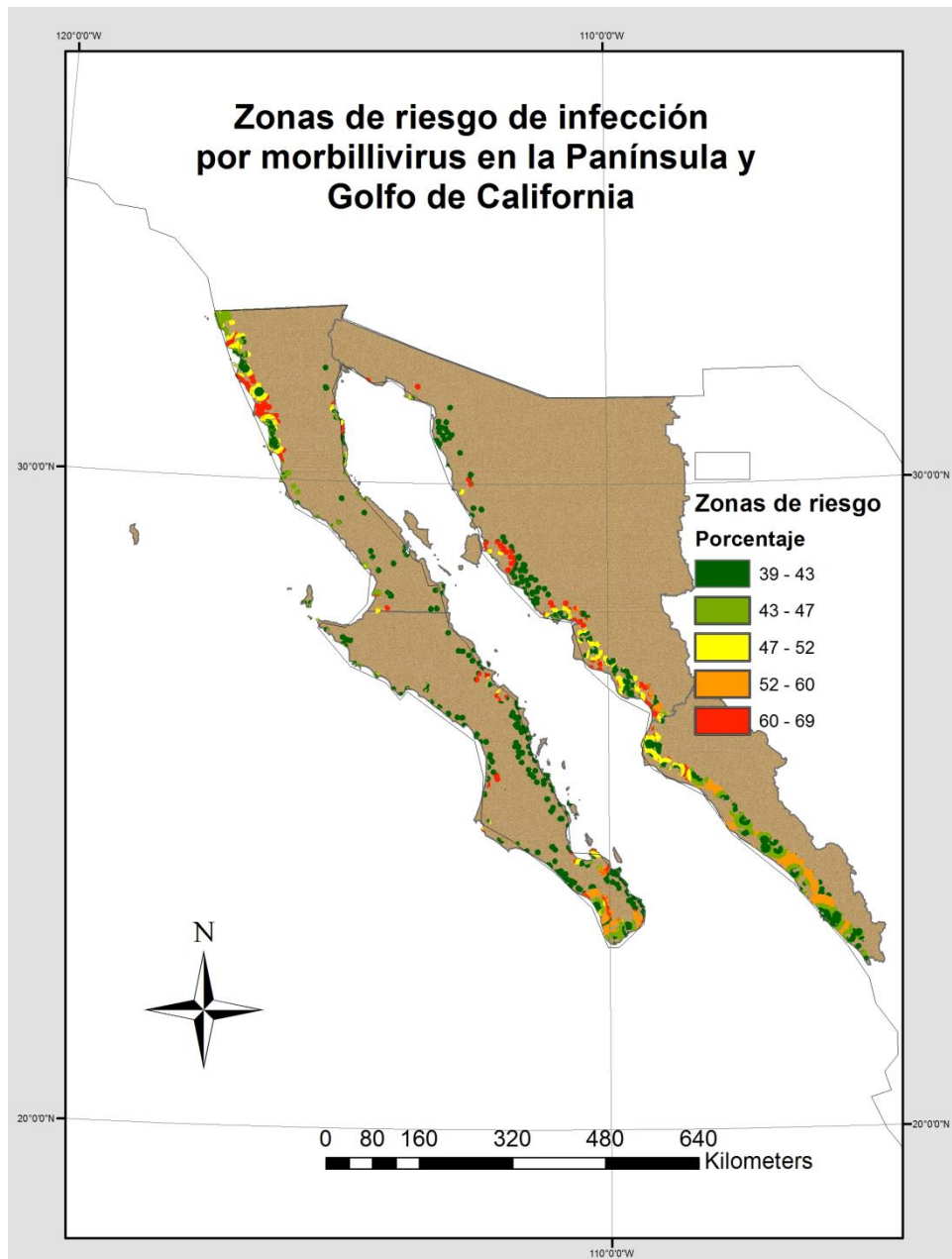


Figura 6.7: Zonas de riesgo de infección por morbillivirus en la Península y Golfo de California.

6.2.2 Validación del modelo

El mapa que muestra las zonas de riesgo de infección por morbillivirus se basó en las costas continentales, básicamente por existir una mayor probabilidad de ocurrencia de especies transmisoras del morbillivirus hacia el *Z. californianus*. Sin embargo se intentó dar validez considerando investigaciones en las islas de la Península y GC realizadas por Rivera-Gómez (2010) y Suárez (2016), quienes coinciden que los casos positivos de morbillivirus se encuentran en las islas de la parte norte del GC (figura 6.7). Los resultados del modelo continental demostraron que en las costas de la zona norte del GC un porcentaje de riesgo aunque sea mínimo la presencia del morbillivirus debido a las variables de POP, POC y DHP principalmente.

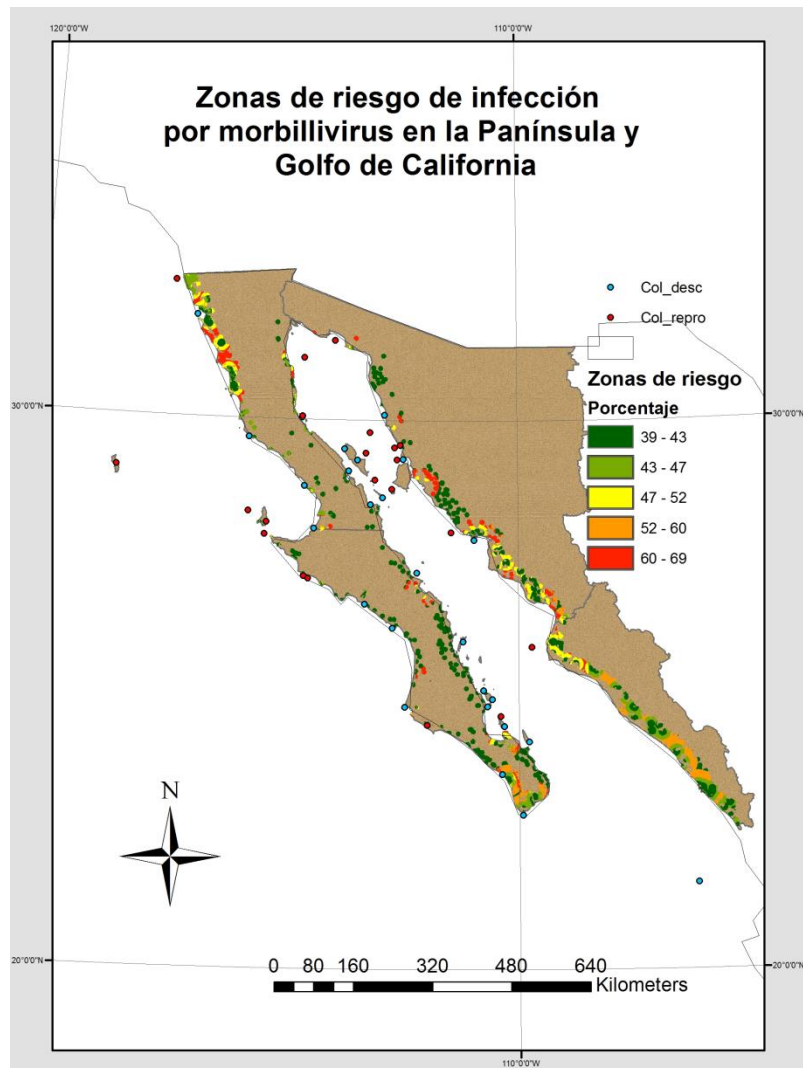


Figura 6.8: Validación del modelo continental.

6.3 Modelo insular

En este modelo se representaron dos escenarios de dispersión (figura 6.9), uno en donde se observó que a mayor densidad poblacional humana la dispersión de perros es mínima o nula. El otro escenario se mostró que a menor densidad poblacional humana la dispersión de los perros puede ser mayor hasta 50 km y conforme va aumentando la dispersión de perros va siendo menor.

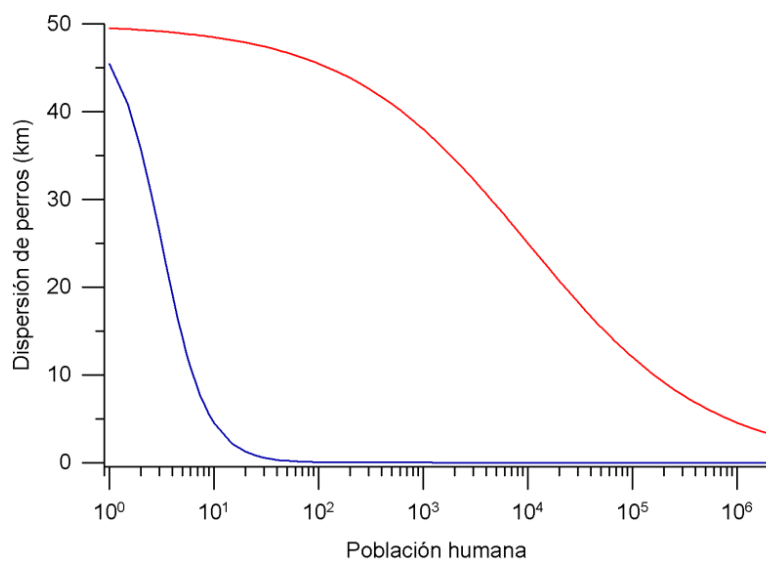


Figura 6.9: Dispersión de perros.

En el modelo 1a, la relación entre la dispersión de perros y la densidad de humanos representó el riesgo con respecto a la prevalencia del morbillivirus en cada isla. Sin embargo, no se observó un patrón que relacione el número de humanos con la prevalencia del morbillivirus. En el modelo 1a riesgo humanos – lobos, tampoco se observó algún patrón que mostrara la relación de a mayor presencia humana y número de lobos marinos en las islas con la prevalencia del morbillivirus (figura 6.10).

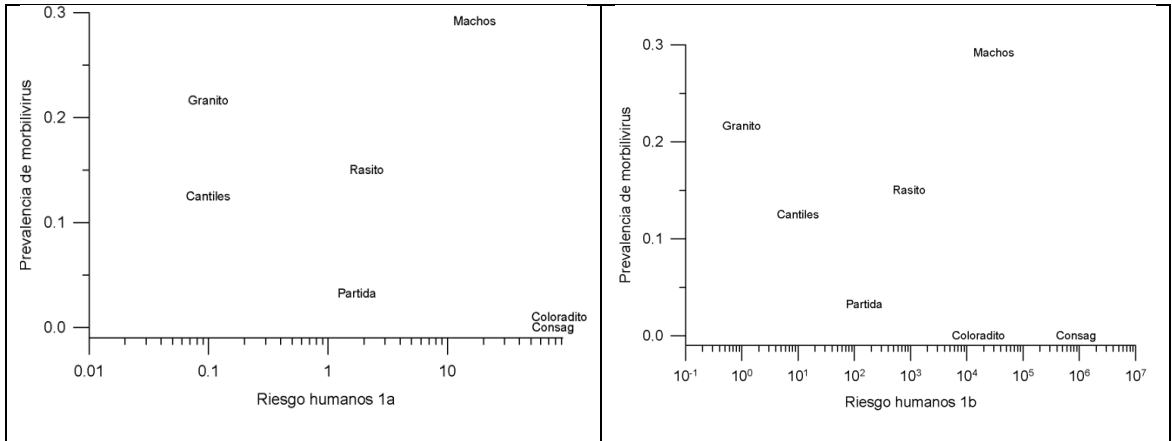


Figura 6.10: Dispersión de perros y/o con humanos. El modelo 1a dispersión con humanos usaron los parámetros $x=2$, $k=10$ de mayor dispersión y el modelo 1b usaron parámetros $x=0,5$ y $k=100$ de menor dispersión.

El modelo 1a (riesgo humano – lobos marinos), no presenta ninguna relación con el número de humanos y el número de lobos marinos, con respecto a la prevalencia del morbillivirus en cada isla. Por ejemplo Consag no presenta una prevalencia alta a mayor número de humanos – lobos marinos, sin embargo la única isla que si presenta una relación es Machos, a mayor número de humanos – lobos mayor prevalencia (figura 6.11).

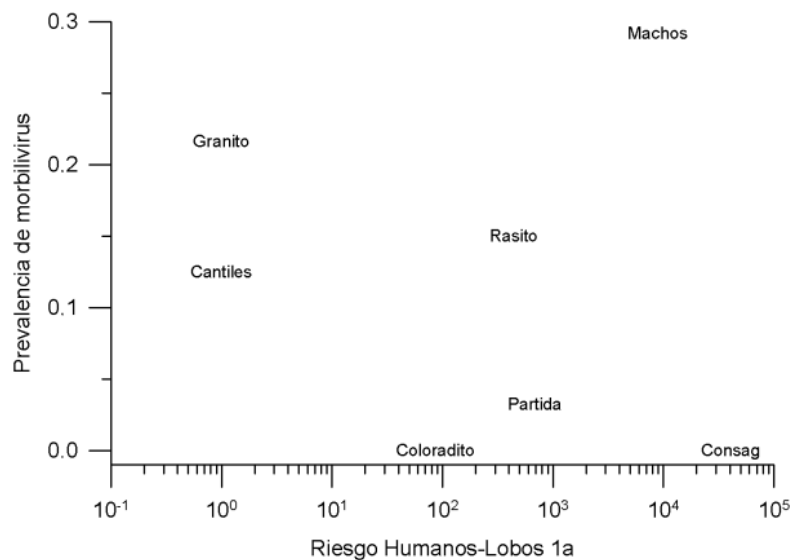


Figura 6.11: Dispersión de perros y/o con humanos – lobos

Ambos modelos 2a y 2b no fueron consistentes, ya que demostraron que no existe alguna relación con la cantidad de personas y lobos con la prevalencia del morbillivirus en cada isla (figura 6.12).

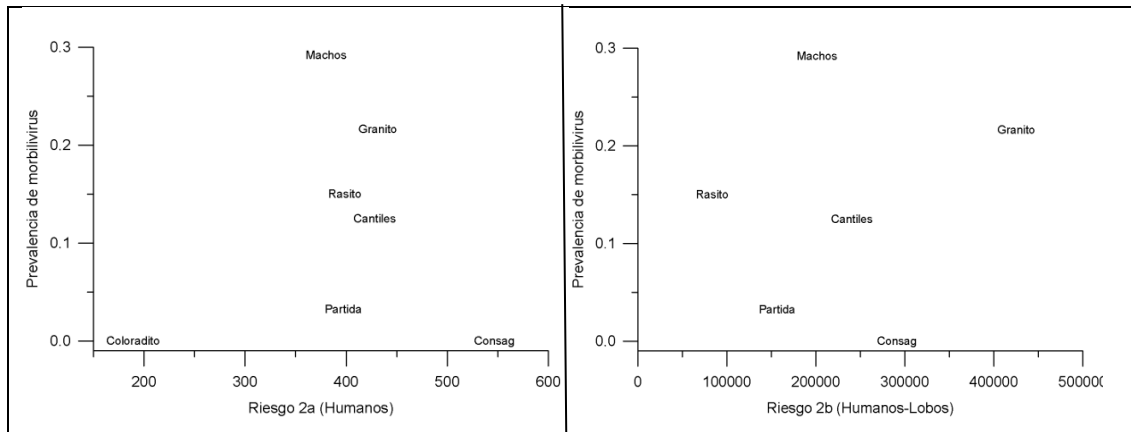


Figura 6.12: Modelo 2a de distancias medias a poblaciones humanos y modelo 2b adicionando el número de lobos.

El modelo 3a mostró una tendencia a mayor distancia a la isla y población más cercana mayor sería la prevalencia, pero Rasito y Machos no cumplen con esa tendencia y además lo que se buscaría sería a mayor distancia a la isla y población más cercana la prevalencia sería menor para cada isla (figura 6.13). En el modelo 3b no se encontró relación del número de perros y la distancia mínima a humanos con respecto a la prevalencia del morbillivirus de cada isla.

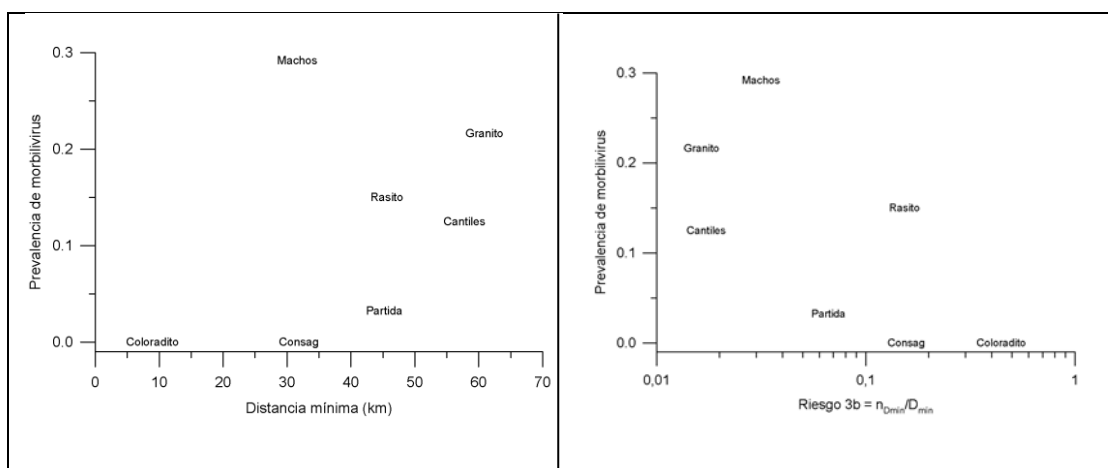


Figura 6.13: Modelo 3a de distancia mínima a los humanos y modelo 3b numero de perros con respecto a la distancia mínima a humanos.

En el modelo 6a no se demostró relación con las distancias de las localidades de los municipios costeros de Sonora y Baja California y cantidad de humanos con respecto a la prevalencia del morbillivirus de cada isla. Sin embargo, en el modelo 6b se observa un cierto patrón en relación en las distancias de las localidades de los municipios costeros de Sonora y Baja California y a mayor cantidad de humanos va aumentando la prevalencia del morbillivirus de cada isla, pero la Isla de Consag no cumple con esa relación (figura 6.14).

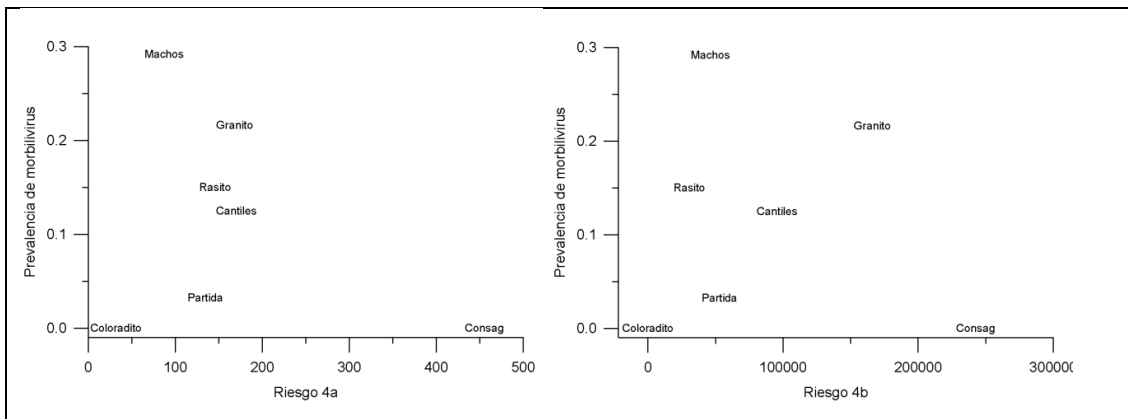


Figura 6.14: Modelo 6a distancias de las localidades de los municipios costeros de Sonora y Baja California y cantidad de humanos y modelo 6b se basó en el modelo 6a adicionándole el número de lobos.

En el modelo 5 no se observó ninguna relación entre la actividad pesquera y la prevalencia del morbillivirus de cada isla (figura 6.15).

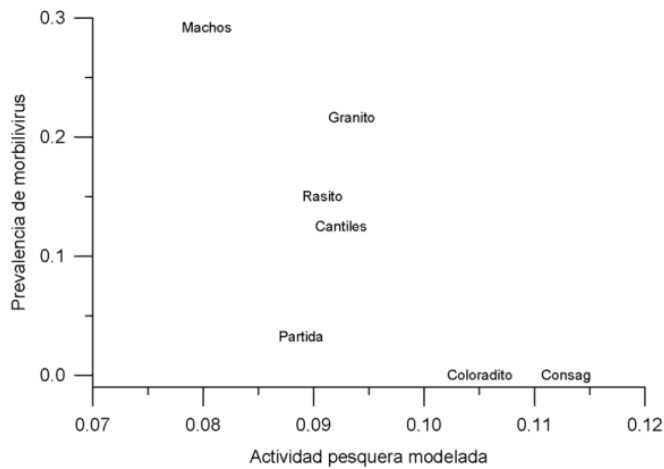


Figura 6.15: Modelo de actividad pesquera.

7. Discusión

Diferentes factores antropogénicos que causan la fragmentación del ecosistema, en este caso han influido en la emergencia y aumento en las tasas de transmisión del morbillivirus (Davidson et al., 2011). Se ha sugerido que el morbillivirus que está presente en la Península de Baja California proviene de especies terrestres puede ser como consecuencia de la introducción de especies invasoras como perros, y coyotes (Suarez, 2016). La contaminación especialmente por organoclorados en el área de estudio, favorecen que se infecten con el virus por que los inmunodeprimen (Härkönen et al., 2006), y el cambio climático que ha modificado algunas rutas de migración de algunas especies de mamíferos marinos alterando las interacciones interespecíficas (Davison et al., 2011). Éstos factores son de importancia por su intervención para facilitar la transmisión del morbillivirus en los *Z. californianus*. También se deben de tener presentes para la elaboración de estrategias de conservación de mamíferos marinos por ser centinelas y además la UICN clasifica el 25% (32 de 128 especies) de los mamíferos marinos en peligro de extinción (Härkönen et al., 2006; Davidson et al., 2012).

Los resultados de este estudio, sugieren que las especies invasoras juegan un papel importante en la transmisión del morbillivirus, al ser las variables probabilidad relativa de ocurrencia de perros y la variable de la probabilidad de condiciones adecuadas para la presencia del coyote las que explican. Considerando que en el caso de los perros siempre van a estar asociados a la presencia humana, la probabilidad de contacto con los lobos marinos aumenta con la proximidad de los asentamientos humanos a las colonias, un ejemplo es la Isla de Cedros, los *Z. californianus* forman parte de la dieta de los perros ferales que existen en la isla (Aguilar et al., 2012). Tener conocimiento de que los perros pueden vivir en lugares donde el acceso es limitado para el humano pero donde puede haber colonias de lobos marinos, y que al ser consumidores oportunistas pueden ser eficientes depredadores y por lo tanto las interacciones entre estas especies son frecuentes, asimismo tienen efectos negativos sobre especies nativas como el desplazarlos fuera de sus ambientes naturales (Álvarez et al., 2008). Además, al estar

filogenéticamente relacionados con los lobos marinos, los perros pueden convertirse en una amenaza para la propagación de morbillivirus (García-Aguilar 2012, Suárez, 2016).

En cuanto a la segunda variable de importancia que fue la probabilidad de las condiciones adecuadas para la presencia de coyotes. Se sabe que los coyotes también son especies invasoras, por ejemplo en la región del Vizcaíno se han tratado de controlar, son depredadores generalistas, por lo que se ha encontrado que los *Z. californianus* son parte de su dieta y también son portadores del morbillivirus (Álvarez, 1999; Rodríguez 2011), razón por la que se requiere poner atención para controlarlos y así minimizar el contacto con los lobos marinos.

La tercera variable de importancia fue la densidad poblacional humana. Se ha sugerido que las actividades antropogénicas son de importancia en el incremento de las tasas de transmisión del morbillivirus (Harwood 1998, Flores 2006). También es importante seguir investigando particularmente con respecto a los organoclorados ya que son compuestos que se usan frecuentemente en la agricultura y se ha comprobado que deprimen el sistema inmune de los lobos marinos (Reijnders y Simmonds, 2003). Cabe mencionar que en la epidemia presentada en 1988 en el Atlántico se hicieron pruebas para medir concentraciones de estos compuestos en la región encontrando concentraciones altas, por lo que se atribuyó la epidemia a la inmunosupresión de las marsopas (Härkönen 2006, Niño-Torres 2008). Un factor que afecta los niveles de concentración encontrados en los mamíferos marinos, es la zona geográfica en la cual se distribuyen debido a las zonas donde desechan estos compuestos, por ejemplo en el norte del Golfo de California se ha encontrado una mayor concentración de estos compuestos, lo que es de importancia por las consecuencias que pueda ocasionar a los lobos marinos (Álvarez et al., 2013; Niño-Torres, 2008).

Otro factor en donde influye la presencia humana sobre el impacto en las poblaciones de lobos marinos es la pesca incidental y por lo tanto esto desencadena estrés. La mayoría de las colonias de lobos marinos es limitada por la posición geográfica pero, las colonias que están cercanas a poblados humanos tienen más presión de pesca y por lo tanto son donde las poblaciones de lobos son más susceptibles a la captura incidental (Underwood et al., 2008).

La cuarta variable de importancia que resultó del análisis fueron las colonias de lobos. La mayoría de las colonias están en la parte insular de la península y golfo de California, sin embargo también existen cuatro colonias que se encuentran frecuentemente en zonas costeras como bahías, puertos como en Cabo Lobos y Haro en Sonora y Punta San Francisquito y Cabo San Lucas en Baja California Sur (CONANP, 2016; Auriolos y Gamboa, 1996). Los resultados para estas colonias fueron de interés ya que las cuatro zonas presentaron riesgo de infección por morbillivirus. Esto puede ser explicado por el intercambio de animales debido a la aproximación geográfica y las colonias cercanas a un radio ubicadas a menos de 20 a 60 km que pueden compartir variables ecológicas como la dieta y condiciones ambientales (Porrás-Peters, 2008). Aunque esta situación no resulta en particular con las colonias como El Partido y El Rasito, ya que podrían hacer un uso diferencial de los recursos dentro de la misma región geográfica o utilizar áreas de alimentación diferentes de acuerdo a un análisis de heces, lo que podría explicar la prevalencia del virus del distemper canino de 6% y 80% respectivamente en las crías de *Z. californianus*. (Suárez, 2016; Szteren y Auriolos, 2011; Rivera, 2010). Asimismo puede ser sustentado por el estudio de Szteren y Auriolos, 2011, sugieren que la población de Rasito va de fluctuante a creciente y vulnerable por la baja abundancia y en El Partido decrece, tal vez considerando esto puede explicar las prevalencias en este caso, ya que se tiene que tener presente que el morbillivirus es denso dependiente. También se puede sugerir que la posición geográfica tiene importancia, ya que El Partido está más alejado de las costas continentales podría limitar el acceso a lobos marinos infectados y El Rasito está más cercano a otras colonias.

Además es interesante mencionar que en el mismo trabajo de investigación anteriormente mencionado, se muestreó para diagnóstico de leptospirosis en el cual concluyó que hay una fuerte correlación con la distancia geográfica entre colonias de manera que las que tengan mayor intercambio de animales compartirán más serovariedades de leptospira, esto se podría pensar para el morbillivirus porque la transmisión es similar.

La última variable de importancia fue la probabilidad de condiciones adecuadas para la presencia de pinnípedos infectados con morbillivirus. Los resultados de esta variable indicaron que las zonas de mayor riesgo fueron para Bahía Magdalena y en comparación con otro estudio se encontró que su prevalencia del virus del distemper canino en un perro fue del 10% en la misma bahía, por lo que podría confirmar que la presencia de perros es un riesgo para transmitir el virus del distemper canino (Suárez 2016) al *Z. californianus*, aunque la cantidad de registros son escasos en la literatura.

Además se sabe que el virus de distemper canino es termo lábil, siendo destruido a temperaturas de 50°C a 60°C después de 30 minutos (Lorenzana, 2008). En tejidos y secreciones sobrevive por al menos una hora a 37°C, y por tres horas a 20°C. En temperaturas frías de 0°C a 6°C puede persistir en el ambiente por semanas; y a - 65°C, al menos siete años (Santos, 2016).

Los resultados obtenidos en el modelo continental indicaron que las cuatro colonias de lobos marinos están en zonas de riesgo, se propone que esto es debido a la presencia de perros y coyotes, por su probable distribución de acuerdo a los modelos propuestos en este trabajo. También se sugiere que existe la posibilidad del intercambio de animales en un radio de 20 a más de 60 km, y que probablemente se pueda tener un efecto domino en la transmisión del virus del distemper canino o del virus del distemper de fócidos (Szteren y Auriolos, 2011). Y además de no ser garantía el acceso a estas colonias por vía terrestre debido a que son zonas rocosas, no es imposible para que exista el contacto directo con los perros, por lo que es importante monitorear estas colonias y contemplarlas para las estrategias de conservación; cabe mencionar que es escasa la información con respecto a estas colonias (Santos, 2016; Aguilar, 2012; Auriolos, 1996).

Los cinco modelos generados para el modelo insular, no fueron consistentes, aunque se pudo observar en el modelo 6b la correlación entre las variables, pero aún no se puede obtener una conclusión contundente de esto por la falta de datos disponibles en la literatura.

8. Conclusiones

Nuestros resultados sugieren que en la región de la península y golfo de California existen las condiciones ecológicas y ambientales necesarias para que se presenten brotes de morbillivirus en *Z. californianus*. Esta conclusión es consistente con los reportes recientes de morbillivirus en lobos marinos del Golfo de California, aunque nuestros modelos fallan para identificar las áreas específicas en las que se han reportado estos casos, existe explicación de los resultados obtenidos y él porque es importante hacer monitoreo con equipo especializado como telemetría satelital, marcaje para conocer los movimientos de los individuos entre las colonias. En parte, la poca efectividad de nuestro modelo se debe a la ausencia de información para las colonias que se encuentran en continente, sin embargo existe la posibilidad de que tengan más contacto con carnívoros terrestres y aumente el riesgo de infección por morbillivirus. Es escasa información sobre las islas de la península y golfo de California, que son las áreas en las que se ha presentado la mayor parte de los reportes. Aunque la posición geográfica de las colonias de *Z.californianus* puede ser limitante para la transmisión del virus, se ha constatado la presencia de perros en varias de ellas, lo que incrementa el riesgo de transmisión a las colonias de lobos. Para garantizar la persistencia de las poblaciones de lobos marinos en la región, recomendamos evaluar el efecto de las enfermedades en las poblaciones y comunidades silvestres, elaborar y aplicar un programa integral de manejo que considere como punto central el control y erradicación de perros de compañía y ferales en las islas o donde se amerite, realizar grupos multidisciplinarios para vigilancia epidemiológica.

9. Literatura citada

- Aguirre A., Mendoza R., Arredondo H., Arriaga L., Campos E., Contreras S., et al., (2009). Especies exóticas invasoras: impactos sobre las poblaciones de flora y fauna, los procesos ecológicos y la economía, en Capital natural de México, vol. II: Estado de conservación y tendencias de cambio. Conabio, México, pp. 277-318.
- Arellano Peralta V.A. (2010). Mamíferos marinos en el Golfo de California: macroecología, impacto humano y su perspectiva hacia la conservación. Tesis de Maestra en Ciencias del Mar y Limnología. Facultad de Ciencias UNAM. México, DF
- Aurióles – Gamboa, D., & González, Z.A. (1996). Algunos factores ecológicos que determinan la distribución y abundancia del lobo marino de California (*Zalophus californianus californianus*) en el Golfo de California. Ciencias Marinas, 20(6), 535 – 553.
- Berta, A. (2009) Pinnipedia, Overview. In Encyclopedia of marine mammals (pp.861-8668). Academic Press.
- Bossart G. D., Marine Mammals as Sentinels Species for Oceans and Human Health. Veterinary Pathology 68(3) 676-690. The American College of Veterinary Pathologists 2011. Wildlife and Marine Mammals.
- Bengtson, J. L., Boveng P., Franzén U., Have P., Heide-Jørgensen M. P., Härkönen T. J. (1991), Antibodies to Canine Distemper Virus in Antarctic Seals. Marine Mammals Science, 7 (1) 85 – 87.
- Burek, K.A., F.M.D. Gulland, and T.M. O'Hara (2008), Effects of climate change on Arctic marine mammal health. Ecological Applications, 18(2): p. S126-S136.
- Ceballos G., & Arroyo – Cabrales, J. (2012). Lista Actualizada de los Mamíferos México. Revista Mexicana de Mastozoología. Nueva época (1), 27- 80.
- Case, T.J., M.L. Cody y E. Ezcurra, 2002. A New Island Biogeography of the Sea of Cortés. Oxford University Press, 669 p.
- Daszak P, AA Cunningham (2002) Emerging Infectious Diseases. A key role for Conservation Medicine In: Aguirre AA, Ostfeld RS, Tabor GM, Pearl MC (eds). Conservation Medicine. Ecological Health in Practice. Oxford University Press, New York, USA pp. 60-61
- Daszak P, AA Cunningham, AD Hyatt (2000) Emerging infectious diseases of wildlife threats to biodiversity and human health. *Science* 287:663-669

- Davidson A D, Boyer G A, Kim H, Drivers and hotspots of extinction risk in marine mammals, Instituto de Ecología UNAM, 2011.
- Di Guardo G., Marruchella G., Agrimi U, Kennedy S (2005). Morbillivirus infections in Aquatic mammals: A brief overview. Journal of Veterinary Medicine A physiology, pathology, clinical medicine. 52: 88-93. Duignan, P. J., Saliki, J.T., Aubin, D. J. S., Early, G., Sadove, S. House, J. A.,... T., J. R. G. (1995) Epizootiology of Morbillivirus Infection in North American Harbor Seals (*Phoca vitulina*) and Gray Seals (*Hlichoerus grypus*). Journal of Wildlife Diseases, 31(6), 691 501.
- Earle, J.A.P., et al., (2011), Phocine Distemper Virus in Seals, East Coast, United States, 2006. Emerging Infectious Diseases., **17**(2): p. 215-220.
- Elith, J., et al., A statistical explanation of MaxEnt for ecologists. Diversity and Distributions, 2011. **17**(1): p. 63-57.
- Gallo-Reynoso, J. P & García-Aguilar, M. C. (2008), Análisis Preliminar de la Presencia de Perros Ferales en la Isal de Cedros, Baja California, Revista Mexicana de Mastozoología, 12, 130 140.
- Gallo- Reynoso, J. P, Maravilla-Chávez, M. O. & Navarro Serment, C. J. (2010). New records of non-resident pinnipeds from the Gulf of California, México, Revista Mexicana de Biodiversidad, 81, 209 213.
- García A. y Gallo R. (2012), Perros ferales en la isla de Cedros, Baja California, México: una posible amenaza para los pinnípedos, Revista Mexicana de Biodiversidad 83: 785-789.
- García-Aguilar M., Monitoreo de la Población de Perros Ferales en la Isla de Cedros, Baja California, y las Amenazas a la Mastofauna Nativa, Acta Zoológica Mexicana (nueva serie), Instituto de Ecología, A.C. Xalapa, México 28: 1, 2012, pp. 37-68.
- García A. y Gallo R. (2012). Perros ferales en la isla de Cedros, Baja California, México: una posible amenaza para los pinnípedos, Revista Mexicana de Biodiversidad 83: 785-789.
- García -Rodríguez, Francisco J. y Auriolles-Gamboa, David (2006) Spatial and temporal variation in the diet of the California sea lion (*Zalophus californianus*) in the Gulf of California, Mexico. Fishery Bulletin, 102(1), pp. 67-62.
- Goldstein, T., et al., Phocine Distemper Virus in Northern Sea Otters in the Pacific Ocean, Alaska, USA. Emerging Infectious Diseases, 2009. **15**(6): p. 925-927.

- Godinez-Reyes 2006 Monitoreo de Poblaciones de lobos marinos y pelicanos?
- Goldberg, R., y Triplett T., 1997. Murky waters: Environmental effects of aquaculture in the United States. The Environmental Defense Fund, Nueva York.
- Grindler M and Krausman P R, Morbidity—Mortality Factors and Survival of an Urban coyote Population in Arizona *Journal of Wildlife Diseases*, 37(2), 2001, pp. 312–317 Wildlife Disease Association.
- Grismer LL. 2002. Amphibians and reptiles of Baja California including its Pacific Islands and the islands in the Sea of Cortes. Univ. California Press, Berkeley.
- Härkönen, T., et al., The 1988 and 2002 Phocine Distemper Virus epidemics in European harbour seals. *Diseases of Aquatic Organisms*, 2006. 68(2): p. 115-130.
- Haydon DT, MK Laurenson, C Sillero-Zubiri (2002) Integrating epidemiology into population viability analysis: managing the risk posed by rabies and canine distemper to the Ethiopian wolf. *Conserv Biol* 16:1372-1385
- James B. Stanton,^{1,6,7} Corrie C. Brown,¹ Steven Poet,² Thomas P. Lipscomb,³ Jeremiah Saliki,⁶ and Salvatore Frasca Retrospective Differentiation of Canine Distemper Virus and Phocine Distemper Virus in Phocids, 2006
- Kennedy, S., Kuiken, T., Jepson, P. D., Deadville, R., Forsyth, M., Barret, T., Wilson, S. (2000). Mass Die-off of Caspian Seals Caused by Canine Distemper Virus. *Emerging Infectious Diseases*, 6 (6), 637-639.
- Kreutzer, M., et al., In search of virus carriers of the 1988 and 2002 phocine distemper virus outbreaks in European harbour seals. *Archives of Virology*, 2008. 153(1): p. 187-192.
- Malczewski J., GIS-based multicriteria decision analysis: a survey of the literature, *International Journal of Geographical Information Science*, 2006. 20:7, pp.703–726.
- Mateos S. Virus Respiratorios. En: *Temas de Bacteriología y Virología Médica*. Instituto de Higiene. Segunda edición. Uruguay. 2006. P 637.
- Medina-Vogel, G., Ecología de enfermedades infecciosas emergentes y conservación de especies silvestres, *Arch Med Vet* 2010. **62**: p. 11 - 26.
- Medrano G L, Recagno P E, Cuevas V M J y Nanduca R H, Los Mamíferos Marinos ante el cambio ambiental en el Pacífico Tropical Mexicano, *CONABIO. Biodiversitas* 2007, 75:8-1

- Miller, T.E., J.M. Kneitel y J.H. Burns. 2002. Effect on community structure on invasion success and rate. *Ecology*, 83 : 898-905
- Moore S E, Marine Mammals as Ecosystem Sentinels, *Journal of Mammalogy*, 89(3):536–560, 2008.
- Morens D M, Holmes E C, Davis A S and Taubenberger J K, *Global Rinderpest Eradication: Lessons Learned and Why Humans Should Celebrate Too*, 2011.
- Niño, T. C., Gardner S. C., Zenteno-Savín T., Ylitalo G. M. (2008) Organochlorine Pesticides and Polychlorinated Biphenyls in California Sea Lions (*Zalophus californianus californianus*) from the Gulf of California, México, *Archives of Environmental Contamination and Toxicology* 56(2):350-359
- Osterhaus, A., Groen, J., Vries, P. D., Uytdehaag, F., Klingeborn, B., & Zarnke (1988). Canine distemper virus in seals. *Nature*, 335, 603-606.
- Phillips, S.J., R.P. Anderson, and R.E. Schapire (2006), Maximum entropy modeling of species geographic distributions. *Ecological Modelling*,. **190**(3-6): p. 231-259.
- Rowles, T.K., et al., Evidence of susceptibility to morbillivirus infection in cetaceans from the United States. *Marine Mammal Science*, 2011. 27(1): p. 1-19
- Santos, F. J. (2014) Presencia de Anticuerpos contra el Virus de Distemper Canino en Perros Domésticos (*canis lupus familiaris*) de áreas rurales habitadas por el zorro de sechura (*lycalopex sechurae*) (tesis de licenciatura), Facultad de Medicina Veterinaria, Universidad Mayor de San Marcos, Lima.
- Saliki, J.T., Cooper, E. T., Gustavson, J. P., (2002), Emerging Morbillivirus Infections of Marine Mammals. *New York academy of Sciences*, 969: p. 51 - 59.
- Spalding M.D., H.E.Fox, G.R. Allen, N. Davidson, Z.A. Ferdaña, M. Finlayson, B.S. Halpern, M.A. Jorge, A. Lombana, S.A. Lourie, K.D. Martin, E. McManus, J. Molinar, C.A. Recchia y J. Robertson. 2007. Marine ecoregions of the world. A bioregionalization of coastal and shelf areas. *Bioscience* 57(7): 573-583.
- Stone, B.M., et al., (2012), Morbillivirus Infection in Live Stranded, Injured, Trapped, And Captive Cetaceans in Southeastern Queensland And Northern New South Wales, Australia. *Journal of Wildlife Diseases*,. **68** (1): p. 67-55.
- Suárez, R. L. (2014), Identificación Molecular y Serología de Morbillivirus en Mamíferos Marinos y Carnívoros Terrestres de las Costas de la Península de Baja

California, México (Tesis de maestría), Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, UNAM.

- Suzán, A. G., Galindo, M. F., Ceballos, G. G.,(2000), La Importancia del Estudio de Enfermedades en la Conservación de Fauna Silvestre, Instituto de Ecología, Universidad Nacional Autónoma de México, Revista Veterinaria México, 31 (3).
- Suzán G., Esponda F., Carrasco R., Aguirre A.,(2012) Habitata Fragmentation and Infectious Disease Ecology, Anthropogenic Change and Conservation Medicine
- Tatsuo, H., N. Ono, and Y. Yanagi (2001), Morbilliviruses Use Signaling Lymphocyte Activation Molecules (CD150) as Cellular Receptors. *Journal of Virology*,. **75**(13): p. 5862-5850.
- Ulloa R., J. Torre, L. Bourillón, A. Gondor y N. Alcantar. 2006. Planeación ecorregional para la conservación marina: Golfo de California y costa occidental de Baja California Sur. Informe final a The Nature Conservancy. Comunidad y Biodiversidad AC. Guaymas, Son. y México, D.F.
- Underwood G., Hernández C. C., Auriolos G., D., y Gerber L., (2008), Estimating Sustainable Bycatch Rates for California Sea Lion Populations in the Gulf of California, *Conservation Biology*.
- Urbán-Ramírez J, L. Rojas-Bracho, M. Guerrero-Ruíz, A. Jaramillo-Legorreta y L.T. Findley. 2005. Cetacean diversity and conservation in the Gulf of California. pp 276-297. En: Cartron J.E., G. Ceballos y R.S. Felger (eds) *Biodiversity, ecosystems and conservation in northern Mexico*. Oxford University Press. New York, NY.
- Vaca J. G., Enríquez R. R., Análisis multi-criterio de estratos de veda para reducir la captura incidental en lances sobre objetos flotantes de la flota atunera mexicana *Ciencias Marinas*, Universidad Autónoma de Baja California, México, 2002, 28:3, pp. 257-271.
- Wood L. J., Dragicevic S., GIS-based multicriteria evaluation and fuzzy sets to identify priority sites for marine protection, *Biodivers Conserv*, 2007. 16:2539-2558.
- Zavala-González, A., y C. R. Godínez, (2002). Resumen de labores de la Dirección Regional Baja California del Área de Protección de Flora y Fauna - Islas del Golfo de California. Parte I: la Bahía de los Ángeles. Cuadernos para la Conservación del Área de Protección de Flora y Fauna-Islas del Golfo de California, Dirección Regional Baja California. Serie Técnica No. 5, 16 p.

Anexo Abreviaturas

1. BC: Baja California
2. BCS: Baja California Sur
3. Son: Sonora
4. Sin: Sinaloa
5. GC: Golfo de California
6. CDV: Virus del Distemper canino
7. PDV: Virus del Distemper de fócidos
8. CMV: Morbillivirus de cetáceos
9. DMV: Morvilivirus de delfines
10. PMV: Morbillivirus de marsopas
11. SIG: Sistemas de Información Geográfica
12. AHP: Proceso Analítico Jerárquico
13. POP: Probabilidad relativa de ocurrencia de perros
14. PCAC: Probabilidad de condiciones adecuadas para la presencia de coyotes
15. CL: Colonias de lobos marinos
16. DPH: Densidad poblacional humana
17. PCAPMb: Probabilidad de condiciones adecuadas para la presencia de pinnípedos con morbillivirus

ID	gbifid	family	references	basisofreco	continent	county	decimallatitude	decimallongitude	eventdate	genus	geodeticdatum	locality
1	780551511	Canidae	http://arctos	PRESERVE	NORTH_AMERICA		32.36833	-115.80083	1927-11-05T00:00	Canis	North American Datum 1927	Las Palmas d
2	236146620	Canidae		UNKNOWN		SABINAS HIDALGO	26.419	-100.12	1980-12-13T00:00	Canis		Ejido Monte
3	49662694	Canidae		PRESERVE	NORTH_AMERICA		25.92911	-104.78065	1958-07-07T00:00	Canis		7 mi. NNW
4	49665961	Canidae		PRESERVE	NORTH_AMERICA		25.92911	-104.78065	1958-07-07T00:00	Canis		7 mi. NNW
5	665779071	Canidae		PRESERVE	NORTH_AMERICA		30.55727	-115.36132	1902-09-04T00:00	Canis		San Pedro M
6	891166029	Canidae	http://www.i	HUMAN_OBSERVATION			28.89249	-112.04988	2004-02-14T00:00	Canis		
7	891173751	Canidae	http://www.i	HUMAN_OBSERVATION			23.40218	-101.34124	2011-03-14T00:00	Canis		
8	370360872	Canidae		UNKNOWN		CHALCHICOMULA DE SESM	19.005	-97.326	1904-07-03T00:00	Canis		Mountain Or
9	780529186	Canidae	http://arctos	PRESERVE	NORTH_AMERICA		30.88333	-115.45	1949-07-09T00:00	Canis	North American Datum 1927	Sierra San P
10	370362577	Canidae		UNKNOWN		Mulegé	27.402	-114.019	2000-03-03T00:00	Canis		Corral de Be
11	370371025	Canidae		UNKNOWN		Mulegé	27.402	-114.019	2000-02-18T00:00	Canis		Corral de Be
12	370448152	Canidae		UNKNOWN		NUEVO IDEAL	25.074	-105.059	1977-05-09T00:00	Canis		San Ignacio,
13	45855788	Canidae		PRESERVE	NORTH_AMERICA		21.841	-101.116	1951-02-09T00:00	Canis	NAD27	Bledos
14	656939280	Canidae		PRESERVE	NORTH_AMERICA		24.61472	-101.2616	1970-07-26T00:00	Canis	NAD27	Concepcion
15	49662639	Canidae		PRESERVE	NORTH_AMERICA		23.1244	-102.81634	1977-07-19T00:00	Canis		8 km SE of I
16	49663079	Canidae		PRESERVE	NORTH_AMERICA		25.99487	-104.90154	1967-07-09T00:00	Canis		25 km NW d
17	370481843	Canidae		UNKNOWN		ENSENADA	28.884	-113.507		Canis		San Gregori
18	780536175	Canidae	http://arctos	PRESERVE	NORTH_AMERICA		28.1	-113.82	1948-07-02T00:00	Canis	North American Datum 1927	10 mi SE M
19	370367293	Canidae		UNKNOWN		Mulegé	27.636	-113.719	1936-03-08T00:00	Canis		El Vizcaino
20	45855779	Canidae		PRESERVE	NORTH_AMERICA		21.841	-101.116	1951-01-26T00:00	Canis	NAD27	Bledos
21	46215578	Canidae		UNKNOWN		SUCHIL	23.38639	-104.24639	1994-02-28T00:00	Canis		LA PIEDRA
22	49664520	Canidae		PRESERVE	NORTH_AMERICA		24.71652	-103.54235	1977-07-13T00:00	Canis		24 km SE of
23	46214689	Canidae		UNKNOWN		VILLA DE ALVAREZ	19.16667	-103.93083		Canis		

Anexo 5.2 Base de datos de registros de morbillivirus en mamíferos marinos

ID	Fam	Gene	Esp	Día	Mes	Año	País	Estado o Provincia	Loc	Latitud	Longitud	Sexo	Edad	Mb	Mta	Pba	Result	Prev_sp
254	Odobenidae	<i>Odobenus rosmarus</i>	nd	7-8		1987	Canadá	Nunavut	Foxe Basin	69	-80	1	nd	PDV	Teido y sang	PN y VN	1	
155	Phocidae	<i>Phoca hispida</i>	nd	nd		1972			Canada	62.00508	-60.34718	nd	nd	PDV -CDV	Sangre	SNT	1	67%
70	Phocidae	<i>Halichoerus grypus</i>	nd	nd		1980	Nova Scotia		Amet Island	45.8333333	-62.8333333	2	2	PDV	Sangre	SNT	0	54%
150	Phocidae	<i>Pangophilus groenlandicus</i>	nd	nd		1980			Mar del Norte	59.09858	-1.81913	nd	nd	PDV -CDV	Sangre	SNT	1	100%
65	Phocidae	<i>Phoca vitulina</i>	nd	nd		1981	Nova Scotia		Sable Island	43.9166667	-60	1	4	PDV	Sangre	SNT	1	92%
71	Phocidae	<i>Halichoerus grypus</i>	nd	nd		1981	Nova Scotia		Sable Island	43.9166667	-63	2	2	PDV	Sangre	SNT	1	
72	Phocidae	<i>Halichoerus grypus</i>	nd	nd		1981	Nova Scotia		Sable Island	43.9166667	-63	1	2	PDV	Sangre	SNT	1	
73	Phocidae	<i>Halichoerus grypus</i>	nd	nd		1981	Nova Scotia		Sable Island	43.9166667	-63	1	4	PDV	Sangre	SNT	1	
74	Phocidae	<i>Halichoerus grypus</i>	nd	nd		1981	Nova Scotia		Sable Island	43.9166667	-63	2	4	PDV	Sangre	SNT	1	
75	Phocidae	<i>Halichoerus grypus</i>	nd	nd		1983	Nova Scotia		Amet Island	45.8333333	-62.8333333	2	2	PDV	Sangre	SNT	2	
144	Phocidae	<i>Pangophilus groenlandicus</i>	nd	nd		1987			Barrents sea	41.85174	-72.58289	nd	nd	PDV -CDV	Sangre	SNT	1	10%
145	Phocidae	<i>Pangophilus groenlandicus</i>	nd	nd		1987			West ice	79.76781	19.5784	nd	nd	PDV -CDV	Sangre	SNT	1	7%
146	Phocidae	<i>Pangophilus groenlandicus</i>	nd	nd		1987			Barrents sea	41.85174	-72.58289	nd	nd	PDV -CDV	Sangre	SNT	0	0%
147	Phocidae	<i>Pangophilus groenlandicus</i>	nd	nd		1987			West ice	79.76781	19.5784	nd	nd	PDV -CDV	Sangre	SNT	1	97%
216	Delphinidae	<i>Tursiops truncatus</i>		4	8	1987	USA		New Jersey	39.87963	-73.95491	nd	nd	DMV	Teido	RT-PCR	1	nd
217	Delphinidae	<i>Tursiops truncatus</i>		5	8	1987	USA		New Jersey	39.87963	-73.95491	nd	nd	DMV	Teido	RT-PCR	1	nd
218	Delphinidae	<i>Tursiops truncatus</i>		9	8	1987	USA		New Jersey	39.87963	-73.95491	nd	nd	DMV	Teido	RT-PCR	1	nd
219	Delphinidae	<i>Tursiops truncatus</i>		11	8	1987	USA		New Jersey	39.87963	-73.95491	nd	nd	DMV	Teido	RT-PCR	1	nd
220	Delphinidae	<i>Tursiops truncatus</i>		23	8	1987	USA		New Jersey	39.87963	-73.95491	nd	nd	DMV- PMV	Teido	RT-PCR	1	nd
221	Delphinidae	<i>Stenella coeruleoalba</i>		3	9	1987	USA		New Jersey	39.87963	-73.95491	nd	nd	DMV	teido	RT-PCR	1	nd
222	Delphinidae	<i>Tursiops truncatus</i>		5	9	1987	USA		New Jersey	39.87963	-73.95491	nd	nd	DMV- PMV	Teido	RT-PCR	1	nd
223	Delphinidae	<i>Tursiops truncatus</i>		6	9	1987	USA		New Jersey	39.87963	-73.95491	nd	nd	PMV	Teido	RT-PCR	1	nd
224	Delphinidae	<i>Tursiops truncatus</i>		14	8	1987	USA		Virginia	37.18953	-74.25526	nd	nd	PMV	Teido	RT-PCR	1	nd
225	Delphinidae	<i>Tursiops truncatus</i>		14	8	1987	USA		Virginia	37.18953	-74.25526	nd	nd	DMV- PMV	Teido	RT-PCR	1	nd