



BOLETÍN DE LA RED LATINOAMERICANA Y DEL CARIBE PARA LA CONSERVACIÓN DE LOS MURCIÉLAGOS

Vol. 11/N° 2. Mayo-Agosto 2020

e-ISSN 2709-5851



JUNTA DIRECTIVA

Coordinadora General

M. Mónica Díaz

Coordinador General Pasado: Jafet M. Nassar

Asesor en Investigación: David Mejía

Asesor en Conservación: Santiago F. Burneo

Asesora en Educación: Verónica Damino

Cuerpo Consultivo Permanente

Luis F. Aguirre; Laura Navarro;

Rodrigo A. Medellín; Rubén Barquez;

Armando Rodríguez Durán;

Bernal Rodríguez Herrera;

M. Isabel Galarza; Sergio Estrada

COMITÉ EDITORIAL

Cristian Kraker Castañeda
cristiankraker@hotmail.com

Rubén Barquez
rubenbarquez@gmail.com

Jafet M. Nassar
jafet.nassar@gmail.com

Luis F. Aguirre
laguirre@fcyt.umss.edu.bo

Ariany García Rawlins
gariany@gmail.com

Editorial

SARS-CoV-2/COVID-19

En tiempos de COVID-19, los murciélagos son el alma de la fiesta.....3

Meta-análisis: ¿Una oportunidad de hacer investigación en biología de murciélagos en tiempos de pandemia?.....10

AICOMs y SICOMs

Parque Nacional Noel Kempff Mercado. Nueva Área de Importancia para la Conservación de los Murciélagos en Bolivia.....12

Educando para conservar

Visibilizando la importancia de los murciélagos en la comunidad Santo Corazón y ANMI San Matías, Santa Cruz, Bolivia.....15

Especie amenazada.....17

Tips informativos.....18

Publicaciones.....18

Fe de erratas.....19

Representantes.....20

EDITORIAL

Entornos virtuales: una experiencia que impulsa con fuerza las actividades de la RELCOM

El 2020, para quienes integramos la Red Latinoamericana y del Caribe para la Conservación de los Murciélagos (RELCOM), venía cargado de grandes expectativas. Además de las distintas actividades que se habían planificado dentro de cada Programa de Conservación de los Murciélagos (PCMs), se sumaba el III Congreso Latinoamericano y del Caribe de Murciélagos (III COLAM), a realizarse en la ciudad de Mérida, Yucatán. El COLAM constituye un espacio de encuentro, donde profesionales y estudiantes de distintos países se reúnen para socializar e intercambiar experiencias en investigación, educación y conservación sobre murciélagos. Este evento en particular, sumado a los talleres nacionales que realizan algunos PCM y las reuniones regionales, como aquellas de la Estrategia Centroamericana y Sudamericana, nos permiten establecer objetivos comunes que enriquecen nuestra tarea en conservación. Sin embargo, el 2020 dio un giro inesperado a todos nuestros planes. La pandemia trajo aparejado el aislamiento y la no presencialidad en varios aspectos de nuestras vidas; en lo social, laboral, académico y, por supuesto, en nuestro accionar dentro de cada PCM y de la RELCOM.

Este nuevo escenario, que alteró nuestras proyecciones a futuro, fue abriendo camino a nuevos desafíos y experiencias. Nos vimos obligados a repensar propuestas y buscar otras formas de transmitir nuestro mensaje a la comunidad, especialmente cuando los murciélagos se vieron involucrados de manera directa en la problemática mundial que nos atraviesa. Tuvimos que acelerar la marcha y generar nuevos espacios de encuentro a los que no estábamos acostumbrados y, sin darnos cuenta, esos espacios nos brindaron la posibilidad de estar más cerca que nunca. De un momento a otro, nos encontramos con colegas que hace tiempo no veíamos e incluso que no habíamos tenido la oportunidad de conocer personalmente. La comunicación se hizo cada vez más fluida, permitiendo organizar y coordinar instancias de difusión que, en muchos casos, implicó la participación conjunta de varios PCMs.

Poco a poco, las propuestas se fueron diversificando y las notificaciones en las cuentas personales e institucionales de Facebook, Instagram, Twitter y WhatsApp incrementaron a tal punto de tener opciones para elegir prácticamente a diario e incluso, en ciertas ocasiones, en simultáneo. Realmente, la RELCOM se hizo sentir con fuerza en todas las redes sociales y medios de comunicación de Latinoamérica y el Caribe. Videoconferencias y ciclos de charlas en vivo, entrevistas en prensa escrita,

radio y televisión, comunicados oficiales y publicaciones especiales, fueron algunas de las actividades que empezaron a difundirse, cada vez con mayor frecuencia, en las redes sociales. Paralelamente, se fueron generando y publicando una gran cantidad de recursos de educación y divulgación sobre murciélagos: documentales, micros radiales, videos, animaciones, infografías, posts, cuentos, juegos, y otros. Si bien algunas actividades estaban destinadas a un público específico dadas las temáticas abordadas, la mayoría de los recursos de divulgación que fueron elaborados se caracterizaron por ser creativos, atractivos y muy didácticos para llegar a un público variado, de todas las edades y preferencias.

Otra de las actividades que tuvo impacto en las redes sociales fue el lanzamiento del proyecto regional de ciencia ciudadana “Generando información sobre murciélagos en los techos de las zonas urbanas y semiurbanas de Latinoamérica y del Caribe”, impulsado por los PCM de El Salvador y Chile. El proyecto propone la implementación de encuestas que se distribuyen a través de las redes sociales de cada programa y de la RELCOM. Esto nos permite llegar a un público muy amplio y obtener una gran cantidad de datos en poco tiempo, facilitando el acceso a información sumamente valiosa para establecer medidas de manejo y conservación sobre los murciélagos, tanto a nivel nacional como regional.

Las actividades realizadas durante los últimos meses, nos permitieron llegar a cada rincón de Latinoamérica y el Caribe. De esta manera, para concientizar a la sociedad y poder revertir las reacciones populares adversas que existen en torno a los murciélagos, estimulando el desarrollo de actitudes de reconocimiento y valoración sobre la importancia que tienen estos mamíferos en la naturaleza y la vida humana. Sabemos que la modalidad virtual no suplanta ni deja la misma huella que los encuentros y experiencias que se desarrollan de manera presencial, pero debemos reconocer que los entornos virtuales que hoy tenemos a nuestro alcance llegaron para quedarse y tienen un gran potencial para acercarnos como colectivo regional, permitiendo impulsar nuestras actividades a partir de la acción conjunta. Desde esta perspectiva, podemos mencionar el incremento que tuvo el grupo de Facebook de la RELCOM, uno de los espacios que nuclea el trabajo realizado por todos los PCM. En lo que va del año, hubo un incremento del 33% en la cantidad de miembros y de 865 publicaciones realizadas, se obtuvieron más de 21.730 reacciones. También, el número de visitas en nuestra página web se ha incrementado notablemente.

La construcción colectiva nos fortalece como red y nos impulsa a seguir creciendo, aprovechar al máximo esta nueva dinámica de trabajo virtual es una gran oportunidad para alcanzar nuestras metas y objetivos en medio de un contexto incierto que hoy atraviesa el mundo entero.

Verónica Damino

Asesora en Educación RELCOM-PCMA



SARS-CoV-2/COVID-19

En tiempos de COVID-19, los murciélagos son el alma de la fiesta

Amanda Vicente-Santos

Program of Population Biology, Ecology and Evolution, Emory University, Atlanta, Georgia, EUA

Correspondencia: avicente@emory.edu

Alrededor del mundo, varios laboratorios se han sumado a los inmensos esfuerzos de entender distintos aspectos del SARS-CoV-2, el agente viral causante de la enfermedad COVID-19, generando nueva información prácticamente a diario. La mayoría se han enfocado en estudiar la transmisibilidad, rutas de infección celular y respuesta inmune, con el objetivo de desarrollar tratamientos y vacunas que nos ayuden a combatirlo. Otros investigadores buscan elucidar su origen, el reservorio animal y los eventos que facilitaron el brinco a humanos, con el fin de evitar posibles futuras pandemias.

Desde el inicio de la pandemia, los murciélagos parecen estar en el centro de la discusión. Sin embargo, muchas veces ha sido de manera injustificada (p. ej., la famosa sopa de murciélago), promoviendo la desinformación y socavando los grandes esfuerzos que se han hecho en conservación. Uno de los términos más problemáticos en la literatura, que ha generado confusión, es la palabra origen. Si bien es cierto que la evidencia apunta a un origen evolutivo del SARS-CoV-2 en un hospedero murciélago, esto es muy distinto a asegurar la transmisión del virus de un murciélago a un humano, y todavía más desacertado considerar que todos los murciélagos (sus más de 1.400 especies) están involucrados. Es decir, origen evolutivo no es lo mismo que reservorio del virus y ruta de transmisión. Mi intención con esta nota es presentarles lo que se sabe hasta el momento del origen evolutivo del virus, las hipótesis acerca del reservorio animal y las posibles rutas de transmisión a humanos, y los estudios de susceptibilidad en animales con sus implicaciones en conservación.

¿Cuál es el origen evolutivo de SARS-CoV-2?

Al determinarse que el agente que causaba una extraña enfermedad respiratoria era un coronavirus nuevo para humanos, quedaba claro que la fuente del virus debía ser algún animal. Una situación similar sucedió con SARS, también en China, en el 2002 y 2003, en donde se realizó una exhaustiva vigilancia epidemiológica en distintos animales silvestres y domésticos que se encontraban en la región. Eventualmente, se determinó la presencia de una variante del SARS casi idéntica en civetas, y posteriormente se encontró una alta diversidad de coronavirus en murciélagos, algunas estrechamente relacionadas con SARS.

Estos resultados sugieren que el origen evolutivo del SARS se dio en murciélagos, luego brincó a civetas adonde adquirió mutaciones nuevas que le confirieron la habilidad de infectar y transmitirse entre humanos. Como consecuencia, se intensificó el muestreo de murciélagos en la región (sur de China), con el objetivo de crear una biblioteca de virus con potencial zoonótico y prevenir futuras pandemias (Li *et al.* 2005, Drexler *et al.* 2014, Wong *et al.* 2019). Es innegable que sólo describir molecularmente virus previamente desconocidos para la ciencia que ocurren en animales silvestres no es suficiente para evitar eventos zoonóticos, y nos brinda limitada información de la biología y transmisión del virus.

A pesar de sus limitaciones, por esos estudios sabemos que la diversidad de coronavirus es muy alta en murciélagos, reflejando proporcionalmente la gran diversidad de especies de murciélagos en el mundo (Anthony *et al.* 2017, Mollentze y Streicker 2020), y específicamente se han encontrado muchos virus relacionados a SARS en los murciélagos de herradura (*Rhinolophus* spp.) (Latinne *et al.* 2020). De esta manera, al comparar la secuencia del nuevo SARS-CoV-2 con secuencias de la biblioteca viral, se determinó que los murciélagos herradura tienen dos coronavirus estrechamente relacionados al SARS-CoV-2. Uno de ellos es RatG13, encontrado en *Rhinolophus affinis* en China en el 2013 (P. Zhou *et al.* 2020), que comparte el 96% de su genoma con el nuevo virus de humanos, representando el pariente conocido más cercano del SARS-CoV-2. El otro, es RmYN02, encontrado en *R. malayanus* en China en el 2019, y comparte 93% de su secuencia genética con SARS-CoV-2 (H. Zhou *et al.* 2020). Adicionalmente, otro análisis de más de 1.200 coronavirus descritos en murciélagos del sur de China concluye que los murciélagos son los probables hospederos adonde se originó el SARS-CoV-2 (Latinne *et al.* 2020). Otra interesante línea de evidencia de la estrecha relación evolutiva entre estos virus y sus hospederos murciélagos es la presencia de señales de selección positiva en el dominio de reconocimiento del receptor de membrana ACE2 (enzima convertidora de angiotensina II) de murciélagos (Damas *et al.* 2020), discutido adelante.

Es importante recalcar que la divergencia del 4% entre RatG13 y SARS-CoV-2 es significativa y representa décadas de evolución. Incluso se estima que el ancestro común de RatG13 y SARS-CoV-2 existió hace 40-70 años (Fig. 1A, Boni *et al.* 2020). La divergencia entre estos dos virus es tal, que el RaTG13 parece no acoplarse bien a receptores ACE2 en humanos (Wrobel *et al.* 2020), dificultando su entrada a las células, y no hay evidencia de que RaTG13 cause enfermedad en humanos. De igual forma, el SARS-CoV-2 parece no tener gran afinidad por células de murciélago (discutido adelante). Esta divergencia ha hecho que tengamos distintas hipótesis de cómo pudo haber llegado un virus que se transmitía naturalmente en murciélagos a evolucionar y adaptarse a un nuevo hospedero como los humanos.

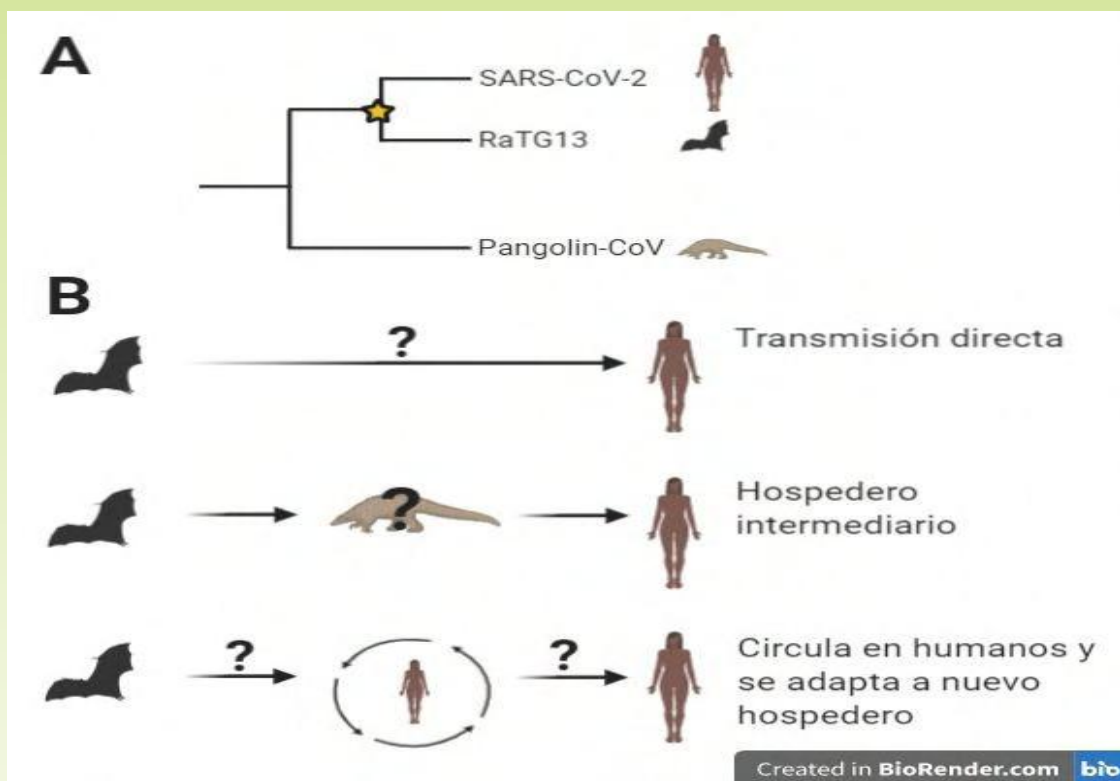


Figura 1. Hipótesis del origen evolutivo (A) y rutas de transmisión a humanos (B). La estrella representa al ancestro común más cercano. Fuente: elaboración propia, con BioRender.com

Posibles rutas de transmisión de animal(es) a humanos

Para lograr elucidar la ruta de transmisión del virus a humanos es esencial encontrar un animal que posea una versión al menos 99% similar al SARS-CoV-2. Sin embargo, este no ha sido el caso, y hasta el momento sólo hemos identificado parientes cercanos en murciélagos de herradura. No se descarta que los murciélagos hayan tenido un papel en la ruta de transmisión a humanos, pero la evidencia del mecanismo y las condiciones que pudieron facilitar ese proceso es escasa o inexistente.

Una de las hipótesis más aceptadas es que el virus brincó a un hospedero intermediario adquiriendo información genética necesaria antes de lograr transmitirse entre humanos (Fig. 1B). Esta es la ruta de transmisión propuesta para otros coronavirus de origen en murciélagos, como SARS y MERS, para los que se determinó que las civetas y los camellos, respectivamente, fueron los hospederos intermediarios antes de infectar humanos. En ambos casos, en esas especies se encontraron versiones casi idénticas a las encontradas en humanos (Guan *et al.* 2003, Haagmans *et al.* 2014). En el caso de SARS-CoV-2, el pangolín (*Manis javanica*) ha sido propuesto como el posible hospedero intermediario. Sin embargo, al analizar las secuencias de coronavirus encontrados en pangolines confiscados del tráfico ilegal en

el sur de China, se encontró que compartían el 92% de sus secuencias con el nuevo virus, sugiriendo que los pangolines pueden poseer coronavirus que tienen un ancestro en común con SARS-CoV-2, pero no prueba que fue de ellos que brincó a humanos (Lam *et al.* 2020, Zhang *et al.* 2020).

Conocemos que los coronavirus tienen una elevada tendencia a recombinarse (Graham y Baric 2010, Forni *et al.* 2017, Menachery *et al.* 2017), y muestran patrones de muchos eventos de recombinación, indicando que existen altos niveles de coinfección, al menos en murciélagos de herradura (Latinne *et al.* 2020). Como consecuencia, la reserva viral puede generar nuevas combinaciones de alelos, incrementando la diversidad genética y haciéndolos eficientes exploradores de nuevos hospederos (Boni *et al.* 2020). Esta particularidad de los coronavirus es otra de las razones por las que se espera que un hospedero intermediario esté involucrado en dar origen a lo que hoy conocemos como el SARS-CoV-2. Sabemos que SARS-CoV-2 utiliza el dominio de unión al receptor de su proteína S (Spike, en inglés) para acoplarse al receptor de membrana ACE2 en células humanas. Al enfocarse en el gen que codifica la proteína S del SARS-CoV-2 y compararlo con otros coronavirus, Zhang *et al.* (2020) encontraron que el RaTG13 es 93% similar a SARS-CoV-2,

suficientemente distinto para que no se acople eficientemente a los receptores ACE2 de humanos como lo hace SARS-CoV-2 (Wrobel *et al.* 2020), mientras que un coronavirus encontrado en pangolines (Pangolin-CoV) es mucho más similar (97%) que el RatG13 al SARS-CoV-2 (Zhang *et al.* 2020). Esta similitud es la principal evidencia que implica a los pangolines como hospederos intermediarios. Sin embargo, existe evidencia en otro coronavirus de murciélago, RmYN02, de que los coronavirus se pueden recombinar naturalmente en su hospedero original, y no es necesaria la presencia de un hospedero intermediario para que ocurran eventos de recombinación (H. Zhou *et al.* 2020). Esto sugiere que la presencia de un hospedero intermediario no es obligatoria para que el virus ancestral que dio origen al SARS-CoV-2 se adaptara a humanos. Adicionalmente, es frecuente que estos brincos entre especies se den entre distintas especies de murciélagos, como ha sido reportado para *Rhinolophus* (Latinne *et al.* 2020), posiblemente por su comportamiento de compartir refugios con otras especies.

Al analizar las secuencias no recombinantes de distintos coronavirus, Boni *et al.* (2020) argumentan que existe un sólo linaje ancestral que dio origen a SARS-CoV-2 y RaTG13, y que a pesar de que SARS-CoV-2 adquirió residuos en su proteína S que le confirieron la habilidad de infectar eficientemente células humanas y que esta región es más similar a Pangolin-CoV, el patrón de divergencia de la proteína S no muestra evidencia alguna de recombinación entre el SARS-CoV-2 y cualquier otro coronavirus descrito. Los autores sugieren que la explicación más parsimoniosa es que es la proteína S de RatG13 es la que divergió (probablemente por recombinación con un coronavirus aún no descrito), y no fue SARS-CoV-2, apoyando la hipótesis de que no se requiere un hospedero intermediario.

Alternativamente, la ruta de transmisión pudo haber sido directa o casi directa de murciélagos a humanos (Fig. 1B). Sin embargo, no existe evidencia de cómo y cuándo esto pudo haber sucedido, ni específicamente cuál especie de murciélago podría estar involucrada. Conociendo la gran diversidad de especies de murciélagos que existen, incluso dentro del género *Rhinolophus* (más de 100 especies), y su gran diversidad ecológica, no sólo sería incorrecto sino también irresponsable sólo decir murciélagos, sin realmente identificar una posible especie involucrada.

Si no hubo un intermediario, surge la duda de si las mutaciones y/o recombinaciones se dieron en murciélagos antes de infectar humanos, o si el virus estuvo circulando en humanos sin ser detectado, adaptándose y haciéndose más transmisible, para llegar a ser lo que hoy conocemos. Lo cierto es que una prueba contundente para determinar la ruta de transmisión es encontrar un virus casi idéntico en algún animal; sin embargo, entre más pasa el tiempo esto se puede complicar cada vez más. Especialmente considerando varios reportes de

susceptibilidad al virus en distintos grupos de mamíferos, lo que nos lleva al siguiente punto: ¿qué tan susceptibles pueden ser otros animales, incluso murciélagos de Latinoamérica y el Caribe, al nuevo coronavirus?

Evidencias de susceptibilidad del SARS-CoV-2 en animales

Desde el inicio de la pandemia, no sólo se han realizado esfuerzos para encontrar el posible reservorio y/o el hospedero intermediario, sino también es de vital importancia identificar modelos animales que nos ayuden a estudiar el virus y desarrollar tratamientos y vacunas. Adicionalmente, una vez que se reportan casos de infecciones accidentales de humanos a animales, era evidente que existían otras razones por las que teníamos que determinar la susceptibilidad de otras especies al nuevo virus. No sólo esto podría representar un problema de salud pública con animales domésticos y silvestres (en cautiverio o no) amplificando el virus y contribuyendo en su transmisión, potencialmente convirtiéndose en reservorios secundarios fuera de Asia, sino también que podría tener repercusiones importantes en conservación.

Los primeros casos de infecciones accidentales de humanos a animales que se reportaron fueron en mascotas (perros y gatos, Leroy *et al.* 2020) y tigres en cautiverio (Wang *et al.* 2020), y se reportó la transmisión entre animales, pero no de animales a humanos. Poco después, situaciones similares se presentaron en granjas de visones en Holanda y Dinamarca (Enserink 2020, Oreshkova *et al.* 2020); sin embargo, en esta ocasión no sólo se dio transmisión sostenida del virus entre visones, también se reportó la transmisión del virus de visones a humanos.

Como primera fase exploratoria, se han realizado estudios *in silico* que buscan predecir la susceptibilidad al virus en distintas especies. Por ejemplo, Damas *et al.* (2020) combinaron análisis de genómica comparativa con análisis estructurales de proteínas para evaluar el potencial del ACE2 homólogo de 410 especies de vertebrados (incluyendo 252 mamíferos) de funcionar como el receptor de SARS-CoV-2. Los autores encontraron que sólo los mamíferos tenían media o alta sensibilidad al virus, siendo los primates del Viejo Mundo los más susceptibles a la infección. Otro hallazgo interesante es que las 37 especies de murciélagos estudiadas (incluyendo tres especies de *Rhinolophus*) presentaron una baja afinidad al virus, e incluso encontraron señales de selección positiva en el ACE2 de los quirópteros, sugiriendo una estrecha relación evolutiva con otros coronavirus relacionados al SARS-CoV-2 que utilizan este receptor para invadir las células. De acuerdo con estos resultados, líneas celulares de *R. landeru*, *Eptesicus fuscus* y *Myotis bentonii* tampoco se han logrado infectar con SARS-CoV-2 (Hoffmann *et al.* 2020), y células HeLa transfectadas

con ACE2 de *R. sinicus* obtuvieron una baja eficiencia de infección con SARS-CoV-2 (P. Zhou *et al.* 2020). Por otro lado, infecciones experimentales de *Rousettus aegyptiacus* con SARS-CoV-2 sí dieron resultados positivos, e incluso se reportó la infección de un murciélago al entrar en contacto con otro individuo infectado (Schlottau *et al.* 2020).

A pesar de la utilidad que tienen los estudios *in silico*, los resultados deben ser analizados con discreción y deben ser confirmados con datos experimentales. Por ejemplo, Damas *et al.* (2020) encontraron que los ACE2 de hurones tienen una baja afinidad a SARS-CoV-2, pero al realizar infecciones experimentales, los resultados demuestran que el virus se replica eficientemente y los hurones que entran en contacto con hurones infectados se logran infectar con el virus (Schlottau *et al.* 2020). Posiblemente, los hurones tienen otras características biológicas que los hacen más sensibles a infecciones respiratorias (Enkirch y von Messling 2015).

Adicionalmente, existen otros retos al interpretar resultados de infecciones experimentales. Por ejemplo, los estudios suelen darse con un número pequeño de individuos que no representan distintas edades, sexos y estados reproductivos, importantes factores que determinan la respuesta inmune del individuo (como lo hemos visto con COVID-19 en humanos). Además, los inóculos de infección suelen ser en mayor concentración que lo que se espera en condiciones naturales, y en algunas ocasiones los virus están adaptados a crecer en líneas celulares. Incluso con estas limitaciones, estos estudios son necesarios para ayudarnos a determinar la susceptibilidad de distintas especies al nuevo virus. A la fecha, sólo algunos mamíferos se han identificado como susceptibles, incluyendo hamsters, macacos, hurones, visones, felinos, perros, *Rousettus aegyptiacus*, y *Peromyscus maniculatus* (Enserink 2020, Fagre *et al.* 2020, Imai *et al.* 2020, Oreshkova *et al.* 2020, Rockx *et al.* 2020, Schlottau *et al.* 2020, Shi *et al.* 2020, Sia *et al.* 2020, Wang *et al.* 2020). Seguimos a la espera de más resultados de infecciones controladas, especialmente con murciélagos de nuestra región.

Implicaciones en conservación

Normalmente, cuando se estudian enfermedades zoonóticas, el enfoque es en el impacto que pueden tener en la salud humana o en animales de importancia económica. Sin embargo, la introducción de patógenos nuevos a poblaciones naturales ha demostrado ser un problema de conservación, como es el ejemplo del distemper canino introducido por perros a leones y otros carnívoros en el Serengeti (Viana *et al.* 2015). Aún menos estudiado ha sido el caso de zoonosis inversa, también llamado antropozoonosis, que implica que humanos infecten a animales, a pesar de que estos eventos han sido documentados extensamente

(Messenger *et al.* 2014), y pueden tener consecuencias graves en poblaciones animales que ya se encuentran En Peligro de Extinción, como lo son nuestros parientes más cercanos (Köndgen *et al.* 2008). Debido al origen probable del SARS-CoV-2 y otros coronavirus en murciélagos de herradura, surge la duda de si otros grupos de murciélagos son particularmente susceptibles al nuevo virus (Olival *et al.* 2020). El Síndrome de la Nariz Blanca (WNS, por sus siglas en inglés), causado por el hongo *Pseudogymnoascus destructans*, es un claro ejemplo de las repercusiones que puede tener introducir un patógeno nuevo de un continente a poblaciones vulnerables de otro continente (Frick *et al.* 2015, O'Shea *et al.* 2016).

Tomando en cuenta la evidencia descrita del potencial de SARS-CoV-2 de infectar otras especies de mamíferos, en abril del presente año, el Grupo de Especialistas de Murciélagos de la Comisión de Supervivencia de Especies de la Unión Internacional para la Conservación de la Naturaleza (IUCN SSC BSG, por sus siglas en inglés) convocó a un panel global de expertos con pericia en variedad de temas que incluyen desde ecología de murciélagos hasta virología, para evaluar la evidencia científica acerca el riesgo de zoonosis reversa a murciélagos, y desarrollar estrategias de mitigación. El panel consideró que existen razones válidas para creer que los murciélagos pueden ser susceptibles al virus, por lo que se decidió tomar medidas preventivas y desarrollar pautas para mitigar el riesgo, dirigidas a los sectores de la población que están en contacto directo o indirecto con murciélagos. Estos incluyen investigadores, espeleólogos que visitan cuevas y rehabilitadores de murciélagos (Botto-Núñez *et al.* 2020). Las recomendaciones incluyen pasos para que el personal busque minimizar y priorizar sus actividades, evaluar constantemente el riesgo de que algún miembro del grupo pueda contraer el virus, y tome medidas de protección (como el uso de guantes y caretas) para evitar contraer el virus y/o transmitirlo a otros (incluyendo a murciélagos, Fig. 2). A pesar de los impactos negativos que ha traído la pandemia, también ha sido un buen momento para obligarnos a evaluar nuestras prácticas como investigadores al manipular y tomar muestras de animales, haciéndonos más conscientes y precavidos para evitar infectarlos con nuestros patógenos y viceversa.

Conclusiones

Si bien es cierto que hay un consenso en la literatura de que muy probablemente el origen del SARS-CoV-2 son los murciélagos, esto se ha interpretado erróneamente en que el RatG13 dio origen al SARS-CoV-2, que el reservorio de SARS-CoV-2 es un murciélago o que un murciélago nos puede transmitir SARS-CoV-2. SARS-CoV-2 es un virus de humanos, y no se ha encontrado ningún virus suficientemente similar en vida silvestre que lo identifique como su reservorio, ni ha habido evidencia alguna de transmisión directa de murciélagos a humanos.

Prevención de la transmisión de humanos a murciélagos del SARS-CoV-2



Figura 2. Infográfico de las recomendaciones estipuladas por la IUCN SSC BSG para la prevención de antropozoonosis de SARS-CoV-2 a murciélagos. Fuente: Unión Internacional para la Conservación de la Naturaleza.

En brotes de enfermedades zoonóticas, es esencial la identificación correcta de la especie reservorio que representa un riesgo zoonótico. Sin embargo, muchas veces se dice “murciélagos” ignorando que es un grupo taxonómica y ecológicamente diverso.

Aún desconocemos la ruta de transmisión a humanos, y cada vez es más complicado que logremos determinar cómo el virus brincó a humanos, especialmente después de encontrar evidencia de zoonosis reversa de SARS-CoV-2. Por ejemplo, si la infección accidental en granjas de hurones hubiera sucedido en Asia, probablemente hubiéramos considerado a los hurones como los hospederos intermediarios.

A pesar de que aún existen muchos virus por descubrir, debemos recordar que estos patógenos siempre han estado ahí y tienen estrechas historias evolutivas con sus hospederos. La razón por la que las enfermedades zoonóticas han ido en aumento es por actividades humanas que han propiciado estos brincos de especies (Jones *et al.* 2008). Como especialistas en murciélagos, no podemos negar la importancia que han tenido los quirópteros en la emergencia de enfermedades; su biología y evolución los hacen fascinantes animales para el estudio de las dinámicas de las enfermedades. Pero, también tenemos que velar por su conservación y evitar que sean vistos como los culpables de las enfermedades emergentes. Debemos reconciliar y unirnos a proyectos de vigilancia epidemiológica y de ecología de enfermedades, trabajar con virólogos, veterinarios y otras áreas de salud pública

para evitar aproximaciones reduccionistas que afecten décadas de esfuerzos en conservación. La pandemia actual es un claro ejemplo de por qué debemos integrar la información ecológica y evolutiva de los patógenos y sus hospederos, ya que no es suficiente solo contar con descripciones superficiales hechas de fragmentos de secuencias genéticas.

Referencias

Anthony SJ, Johnson CK, Greig DJ, Kramer S, Che X, Wells H, Hicks AL, Joly DO, Wolfe ND, Daszak P, Karesh W, Lipkin WI, Morse SS, Consortium P, Mazet JAK, Goldstein T (2017) Global patterns in coronavirus diversity. *Virus Evolution*, 3(1), vex012.

Boni MF, Lemey P, Jiang X, Lam TTY, Perry BW, Castoe TA, Rambaut A, Robertson DL (2020) Evolutionary origins of the SARS-CoV-2 sarbecovirus lineage responsible for the COVID-19 pandemic. *Nature Microbiology*, 5, 1408–1417.

Botto-Nuñez G, Cunningham A, Fils EB, Frick W, Islam N, Jolliffe T, Kading R, Kepel A, Kingston T, Leopardi S, Medellín R, Mendenhall I, Parsons S, Racey P, Russo D, Shapiro J, Vicente-Santos A, Viquez-RL, Dinh TV (2020) Recommended Strategy for Researchers to Reduce the Risk of Transmission of SARS-CoV-2 from Humans to Bats MAP: Minimize, Assess, Protect. Disponible en: <https://www.iucnbsg.org/bsg-publications.html>

- Damas J, Hughes GM, Keough KC, Painter CA, Persky NS, Corbo M, Hiller M, Koepfli K-P, Pfenning AR, Zhao H, Genereux DP, Swofford R, Pollard KS, Ryder OA, Nweeia MT, Lindblad-Toh K, Teeling EC, Karlsson EK, Lewin HA (2020) Broad host range of SARS-CoV-2 predicted by comparative and structural analysis of ACE2 in vertebrates. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 202010146.
- Drexler JF, Corman VM, Drosten C (2014) Ecology, evolution and classification of bat coronaviruses in the aftermath of SARS. *Antiviral Research*, 101, 45–56.
- Enkirch T, von Messling V (2015) Ferret models of viral pathogenesis. *Virology*, 479–480, 259–270.
- Enserink M (2020) Coronavirus rips through Dutch mink farms, triggering culls. *Science*, 368(6496), 1169–1169.
- Fagre A, Lewis J, Eckley M, Zhan S, Rocha SM, Sexton NR, Burke B, Geiss B, Peersen O, Kading R, Rovnak J, Ebel GD, Tjalkens RB, Aboellail T, Schountz T (2020) SARS-CoV-2 infection, neuropathogenesis and transmission among deer mice: Implications for reverse zoonosis to New World rodents. *BioRxiv Preprint*, 53(9), 1689–1699.
- Forni D, Cagliani R, Clerici M, Sironi M (2017) Molecular Evolution of Human Coronavirus Genomes. *Trends in Microbiology*, 25(1), 35–48.
- Frick W, Puechmaille S, Hoyt J, Nickel B, Langwig K, Foster J, Barlow K, Bartonicka T, Feller D, Haarsma A-J, Herzog C, Horacek I, van der Kooij J, Mulken B, Petrov B, Reynolds R, Rodrigues L, Stihler C, Turner G, Kilpatrick A (2015) Disease alters macroecological patterns of North American bats. *Global Ecology and Biogeography*, 24(7), 1–9.
- Graham RL, Baric RS (2010) Recombination, Reservoirs, and the Modular Spike: Mechanisms of Coronavirus Cross-Species Transmission. *Journal of Virology*, 84(7), 3134–3146.
- Guan Y, Zheng BJ, He YQ, Liu XL, Zhuang ZX, Cheung CL, Luo SW, Li PH, Zhang LJ, Guan YJ, Butt KM, Wong KL, Chan KW, Lim W, Shortridge KF, Yuen KY, Peiris JS M, Poon LLM (2003) Isolation and Characterization of Viruses Related to the SARS Coronavirus from Animals in Southern China. *Science*, 302(5643), 276–278.
- Haagmans BL, Al Dhahiry SHS, Reusken CBEM, Raj VS, Galiano M, Myers R, Godeke G-J, Jonges M, Farag E, Diab A, Ghobashy H, Alhajri F, Al-Thani M, Al-Marri SA, Al Romaihi HE, Al Khal A, Bermingham A, Osterhaus ADME, AlHajri MM, Koopmans MPG (2014) Middle East respiratory syndrome coronavirus in dromedary camels: an outbreak investigation. *The Lancet Infectious Diseases*, 14(2), 140–145.
- Hoffmann M, Kleine-Weber H, Schroeder S, Krüger N, Herrler T, Erichsen S, Schiergens TS, Herrler G, Wu N-H, Nitsche A, Müller MA, Drosten C, Pöhlmann S (2020) SARS-CoV-2 Cell Entry Depends on ACE2 and TMPRSS2 and Is Blocked by a Clinically Proven Protease Inhibitor. *Cell*, 181(2), 271–280.
- Imai M, Iwatsuki-Horimoto K, Hatta M, Loeber S, Halfmann PJ, Nakajima N, Watanabe T, Ujie M, Takahashi K, Ito M., Yamada S, Fan S, Chiba S, Kuroda M, Guan L, Takada K, Armbrust T, Balogh A, Furusawa Y, Okuda M, Ueki H, Yasuhara A, Sakai-Tagawa Y, Lopes TJS, Kiso M, Yamayoshi S, Kinoshita N, Ohmagari N, Hattori S, Takeda M, Mitsuya H, Krammer F, Suzuki T, Kawaoka Y (2020) Syrian hamsters as a small animal model for SARS-CoV-2 infection and countermeasure development. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 117(28), 16587–16595.
- Jones KE, Patel NG, Levy MA, Storeygard A, Balk D, Gittleman JL, Daszak P (2008) Global trends in emerging infectious diseases. *Nature*, 451(7181), 990–993.
- Köndgen S, Kühl H, N’Goran PK, Walsh PD, Schenk S, Ernst N, Biek R, Formenty P, Mätz-Rensing K, Schweiger B, Junglen S, Ellerbrok H, Nitsche A, Briese T, Lipkin WI, Pauli G, Boesch C, Leendertz FH (2008) Pandemic Human Viruses Cause Decline of Endangered Great Apes. *Current Biology*, 18(4), 260–264.
- Lam T T-Y, Jia N, Zhang Y-W, Shum M H-H, Jiang J-F, Zhu H-C, Tong Y-G, Shi Y-X, Ni X-B, Liao Y-S, Li W-J, Jiang B-G, Wei W, Yuan T-T, Zheng K, Cui X-M, Li J, Pei G-Q, Qiang X, Cheung W Y-M, Li L-F, Sun F-F, Qin S, Huang J-C, Leung GM, Holmes EC, Hu Y-L, Guan Y, Cao W-C (2020) Identifying SARS-CoV-2-related coronaviruses in Malayan pangolins. *Nature*, 583(7815), 282–285.
- Latinne A, Hu B, Olival KJ, Zhu G, Zhang L, Li H, Chmura AA, Field HE, Zambrana-Torrel C, Epstein JH, Li B, Zhang W, Wang L-F, Shi Z-L, Daszak P (2020) Origin and cross-species transmission of bat coronaviruses in China. *Nature Communications*, 11, 4235.
- Leroy EM, Ar Gouilh M, Brugère-Picoux J (2020) The risk of SARS-CoV-2 transmission to pets and other wild and domestic animals strongly mandates a one-health strategy to control the COVID-19 pandemic. *One Health*, 10, 100133.
- Li W, Shi Z, Yu M, Ren W, Smith C, Epstein JH, Wang H, Crameri G, Hu Z, Zhang H, Zhang J, McEachern J, Field H, Daszak P, Eaton BT, Zhang S, Wang L-F (2005) Bats are natural reservoirs of SARS-like coronaviruses. *Science*, 310(5748), 676–679.
- Menachery VD, Graham RL, Baric RS (2017) Jumping species—a mechanism for coronavirus persistence and survival. *Current Opinion in Virology*, 23, 1–7.
- Messenger AM, Barnes AN, Gray GC (2014) Reverse Zoonotic Disease Transmission (Zooanthroponosis): A Systematic Review of Seldom-Documented Human Biological Threats to Animals. *PLOS ONE*, 9(2), e89055.
- Mollentze N, Streicker DG (2020) Viral zoonotic risk is homogenous among taxonomic orders of mammalian and avian reservoir hosts. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 117(17), 9423–9430.

O'Shea TJ, Cryan PM, Hayman DTS, Plowright RK, Streicker DG (2016) Multiple mortality events in bats: A global review. *Mammal Review*, 46(3), 175–190.

Olival KJ, Cryan PM, Amman BR, Baric RS, Blehert D S., Brook CE, Calisher CH, Castle KT, Coleman JTH, Daszak P, Epstein JH, Field H, Frick WF, Gilbert AT, Hayman DTS, Ip HS, Karesh WB, Johnson CK, Kading RC, Kingston T, Lorch JM, Mendenhall IH, Peel AJ, Phelps KL, Plowright RK, Reeder DM, Reichard JD, Sleeman JM, Streicker DG, Towner JS, Wang L-F (2020) Possibility for reverse zoonotic transmission of SARS-CoV-2 to free-ranging wildlife: A case study of bats. *PLoS Pathogens*, 16(9), e1008758.

Oreshkova N, Moelnaar RJ, Vreman S, Harders F, Munnink BBO, Van Der Honin RWH, Gerhards N, Tolsma P, Bouwstra R, Sikkema RS, Tacken MGJ, Rooij MMT De, Weesendorp E, Engelsma MY, Brusckke CJ, Smit LA, Koopman M, Van der Poel WH, Stegeman A (2020) SARS-CoV-2 infection in farmed minks. *Euro Surveillance*, 25, 1–7.

Rockx B, Kuiken T, Herfst S, Bestebroer T, Lamers MM, Oude Munnink BB, de Meulder D, van Amerongen G, van den Brand J, Okba NMA, Schipper D, van Run P, Leijten L, Sikkema R, Verschoor E, Verstrepen B, Bogers W, Langermans J, Drosten C, Fentener van Vlissingen M, Fouchier R, de Swart R, Koopmans M, Haagmans BL (2020) Comparative pathogenesis of COVID-19, MERS, and SARS in a nonhuman primate model. *Science*, 368(6494), 1012–1015.

Schlottau K, Rissmann M, Graaf A, Schön J, Sehl J, Wylezich C, Höper D, Mettenleiter TC, Balkema-Buschmann A, Harder T, Grund C, Hoffmann D, Breithaupt A, Beer M (2020) SARS-CoV-2 in fruit bats, ferrets, pigs, and chickens: an experimental transmission study. *The Lancet Microbe*, 1(5), E218–E225.

Shi J, Wen Z, Zhong G, Yang H, Wang C, Huang B, Liu R, He X, Shuai L, Sun Z, Zhao Y, Liu P, Liang L, Cui P, Wang J, Zhang X, Guan Y, Tan W, Wu G, Chen H, Bu Z (2020) Susceptibility of ferrets, cats, dogs, and other domesticated animals to SARS–coronavirus 2. *Science*, 368(6494), 1016–1020.

Sia SF, Yan L-M, Chin AWH, Fung K, Choy K-T, Wong AYL, Kaewpreedee P, Perera RAPM, Poon LLM, Nicholls JM, Peiris M, Yen H-L (2020) Pathogenesis and transmission of SARS-CoV-2 in golden hamsters. *Nature*, 583(7818), 834–838.

Viana M, Cleaveland S, Matthiopoulos J, Halliday J, Packer C, Craft ME, Hampson K, Czupryna A, Dobson AP, Dubovi EJ, Ernest E, Fyumagwa R, Hoare R, Hopcraft JGC, Horton DL, Kaare MT, Kanellos T, Lankester F, Mentzel C, Mlengeya T, Mzimiri I, Takahashi E, Willett B, Haydon DT, Lembo T (2015) Dynamics of a morbillivirus at the domestic–wildlife interface: Canine distemper virus in domestic dogs and lions. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 112(5), 1464–1469.

Wang L, Mitchell PK, Calle PP, Bartlett SL, McAloose D, Killian ML, Yuan F, Fang Y, Goodman LB, Fredrickson R, Elvinger F, Terio K, Franzen K, Stuber T, Diel DG, Torchetti MK (2020) Complete Genome Sequence of SARS-CoV-2 in a Tiger from a U.S. Zoological Collection. *Microbiology Resource Announcements*, 9(22), e00468-20.

Wong ACP, Li X, Lau SKP, Woo PCY (2019) Global epidemiology of bat coronaviruses. *Viruses*, 11(2), 1–17.

Wrobel AG, Benton DJ, Xu P, Roustan C, Martin SR, Rosenthal PB, Skehel JJ, Gamblin SJ (2020) SARS-CoV-2 and bat RaTG13 spike glycoprotein structures inform on virus evolution and furin-cleavage effects. *Nature Structural and Molecular Biology*, 27(8), 763–767.

Zhang T, Wu Q, Zhang Z (2020) Probable Pangolin Origin of SARS-CoV-2 Associated with the COVID-19 Outbreak. *Current Biology*, 30(7), 1346–1351.

Zhou H, Chen X, Hu T, Li J, Song H, Liu Y, Wang P, Liu D, Yang J, Holmes EC, Hughes AC, Bi Y, Shi W (2020) A Novel Bat Coronavirus Closely Related to SARS-CoV-2 Contains Natural Insertions at the S1/S2 Cleavage Site of the Spike Protein. *Current Biology*, 30(11), 2196–2203.

Zhou P, Yang X Lou, Wang XG, Hu B, Zhang L, Zhang W, Si HR, Zhu Y, Li B, Huang CL, Chen HD, Chen J, Luo Y, Guo H, Jiang R Di, Liu MQ, Chen Y, Shen XR, Wang X, Zheng XS, Zhao K, Chen QJ, Deng F, Liu LL, Yan B, Zhan FX, Wang YY, Xiao GF, Shi ZL (2020) A pneumonia outbreak associated with a new coronavirus of probable bat origin. *Nature*, 579(7798), 270–273.



Meta-análisis: ¿Una oportunidad de hacer investigación en biología de murciélagos en tiempos de pandemia?

Romeo A. Saldaña-Vázquez

Instituto de Investigaciones en Medio Ambiente Xavier Gorostiaga S.J., Universidad Iberoamericana Puebla, México

Correspondencia: romeoalberto.saldana@iberopuebla.mx

La pandemia originada por la enfermedad COVID-19 ha sumergido al planeta y a los seres humanos en una nueva dinámica social llamada “nueva normalidad”. Las políticas públicas accionadas por los gobiernos de diferentes países con la finalidad de contener la propagación del virus que ocasiona la COVID-19, y de reducir la saturación de los servicios de salud, ha provocado consecuencias en diferentes ámbitos de la sociedad. Dentro del área de la educación y economía, las más visibles han sido la pérdida de empleos, cierre de empresas, y la reducción de estudiantes matriculados en diferentes niveles educativos (CEPAL 2020).

Políticas públicas como la restricción en la movilidad de las personas y el re-direccionamiento del presupuesto a proyectos de investigación para la atención de la COVID-19, han impactado de manera negativa los planes y convocatorias para proyectos de investigación proyectados a inicios del año. A pesar de esto, investigadores que utilizan la modelación matemática y estadística han sido los menos impactados en el tiempo que dedican a su quehacer científico en estos tiempos de pandemia (Myers *et al.* 2020), reflejando que las consecuencias de la pandemia en la producción de conocimiento científico no serán las mismas en todas las áreas. Algunas reflexiones sobre los efectos que podría tener la pandemia en la formación de futuros biólogos, y en especial mastozoólogos, vaticinan un vuelco a mayor formación teórica (Sosa-Escalante *et al.* 2020).

Ante este panorama, los meta-análisis surgen como oportunidad para que los biólogos puedan hacer investigación y mejorar la formación de los estudiantes en áreas como la estadística. Pero, ¿qué es un meta-análisis? Un meta-análisis es un procedimiento estadístico que permite, de manera rigurosa, combinar y comparar los resultados de estudios independientes que investigaron una misma pregunta (Harrison 2011). Como la definición lo indica, el principal requisito de este tipo de estudios es que los datos provengan de estudios que se hayan preguntado lo mismo, por ejemplo, ¿cuál es el efecto de la perturbación del bosque en la diversidad de murciélagos? Esto supondría que los investigadores tendrían que comparar la diversidad de murciélagos en bosques no perturbados y en otros con algún grado de perturbación. Lo cual nos permitiría sintetizar en un solo índice estadístico el efecto global de la perturbación del bosque en la diversidad de murciélagos.

Una de las grandes potencialidades de este tipo de estudios, es la posibilidad de aumentar el tamaño de muestra, el área geográfica de análisis y poder detectar estudios y condiciones particulares que no siguen un patrón similar de respuesta de la variable de interés. Otra de las ventajas es que si la pregunta está bien acotada y cuenta con una buena cantidad de estudios disponibles, se puede hacer de manera rápida y económica. Los paquetes utilizados para este tipo de análisis estadísticos son de acceso libre y en algunos casos con manuales muy didácticos para su uso (Viechtbauer 2010). Además, hoy en día se cuenta con motores de búsqueda de literatura de acceso abierto como Google Scholar.

En el área del estudio de biología y conservación de murciélagos, este tipo de investigaciones está en pleno crecimiento. Al 4 de septiembre de 2020, los artículos publicados e indizados en Scopus con las palabras “bats” y “meta-analysis” en el título, resumen o palabras clave, totalizaron 84 documentos. A partir del año 2017, más de 10 meta-análisis sobre murciélagos se publican anualmente (Fig. 1).



Figura 1. Gráfico de puntos y líneas que ilustra la tendencia de publicaciones sobre meta-análisis con murciélagos indizados en Scopus al 4 de septiembre de 2020. Fuente: elaboración propia.

Mientras que Latinoamérica es de los territorios con una buena participación en la publicación de este tipo de estudios, siendo ocho países los que han publicado el 32% de los meta-análisis (Fig. 2). Estos resultados me llevan a pensar que este tipo de estudios son un área de oportunidad para nuestra región, y que hay que acercar a los nuevos biólogos especialistas en murciélagos a estas herramientas de análisis. Sin embargo, para que estos estudios aumenten en nuestra región, es necesario que los programas de licenciatura y de posgrado tengan profesores capacitados en el uso de estas herramientas, pero sobre todo, que los cuerpos académicos valoren los resultados de este tipo de estudios para la formación de los estudiantes.

En mi opinión, este tipo de investigaciones aportan tres aspectos importantes en la formación de un biólogo. El primero es el acercamiento a las hipótesis y predicciones generales de un área de estudio. La lectura de una gran cantidad de artículos y documentos científicos sobre un tema de interés, definitivamente provoca que los estudiantes se eduquen sobre las hipótesis más relevantes de su tema de investigación. En segundo lugar, el estudiante aprende sobre las diferentes estrategias metodológicas de su tema de interés, conociéndolas a partir de las lecturas, aprendiendo las estrategias para la toma de datos y de análisis de estos en diferentes contextos. Por último, el estudiante mejora sus habilidades de análisis estadístico y de manejo de software especializado en el análisis de datos. Todo esto sugiere que los meta-análisis son una herramienta que puede ayudar, no solo a producir información novedosa en estos tiempos de pandemia y trabajo en casa. Además, pueden ayudar en la formación integral de nuevos investigadores.

Por último, la elaboración periódica de investigaciones usando el meta-análisis puede ser un indicador del estado del conocimiento de la biología de murciélagos. Si existe un grupo importante de estudiantes e investigadores generando información, es más probable que con mayor frecuencia se pueda tener información para realizar este tipo de estudios, lo cual sin duda provocará saltos importantes en el conocimiento científico de los murciélagos.

Referencias

CEPAL (Comisión Económica para América y el Caribe) (2020) América Latina y el Caribe ante la pandemia del COVID-19: efectos económicos y sociales. Naciones Unidas: CEPAL.

Harrison F (2011) Getting started with meta-analysis. *Methods in Ecology and Evolution*, 2(1), 1–10.

Myers KR, Tham WY, Yin Y, Cohodes N, Thursby JG, Schiffer P, Walsh JT, Lakhani KR, Wang D (2020) Unequal effects of the COVID-19 pandemic on scientists. *Nature Human Behaviour*, 4(9), 1–4.

Sosa-Escalante JE, Gallina S, Martínez-Meyer E, Cortés-Calva P, MacSwiney G MC, Iñiguez-Dávalos LI, Gallo-Reynoso JP, Monroy-Gamboa AG, Servin J, Sánchez-Rojas G, Guerrero JA, Arellano E, Briones-Salas M, Álvarez-Castañeda ST (2020) COVID-19: posibles efectos en la educación mastozoológica y otras disciplinas biológicas. *Therya*, 11(2), 157.

Viechtbauer W (2010) Conducting meta-analyses in R with the metafor package. *Journal of Statistical Software*, 36(3), 1–48.

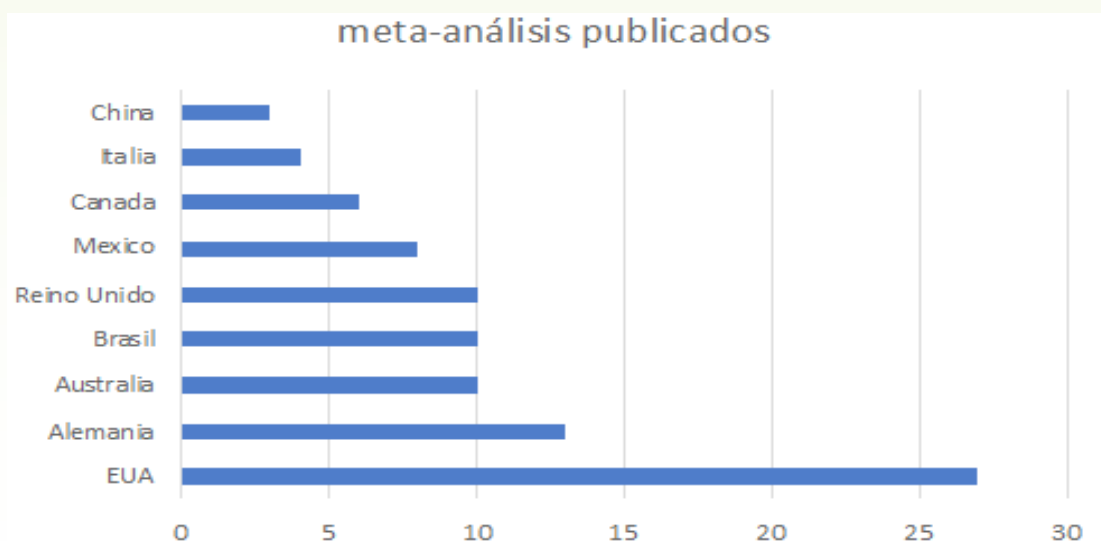


Figura 2. Gráfico de barras que muestra los diez países con más publicaciones sobre meta-análisis con murciélagos indizados en Scopus al 4 de septiembre de 2020. Fuente: elaboración propia.

AICOMS Y SICOMS

Parque Nacional Noel Kempff Mercado. Nueva Área de Importancia para la Conservación de los Murciélagos en Bolivia

Eliamne K. Gutiérrez

Programa para la Conservación de los Murciélagos de Bolivia;
Museo de Historia Natural Noel Kempff Mercado

*Correspondencia: egutierrez@museonoelkempff.org

Bosques tropicales intactos, amplias sabanas ricas en plantas endémicas, mesetas de hasta 1.000 m de altitud que regalan paisajes de ensueño, tres maravillosas cataratas, agua dulce por doquier, vida silvestre a cada paso y prácticamente ninguna presencia humana. El Parque Nacional Noel Kempff Mercado es uno de los más grandes (1.523.000 ha) y mejor conservados de la cuenca del Amazonas. Con altitudes que oscilan entre los 200 y 1.000 m, posee un rico mosaico de hábitats que van desde el bosque montañoso amazónico de hoja perenne hasta la sabana y el cerrado. El parque ilustra la historia de la evolución a lo largo de 1.000 millones de años, desde el periodo Precámbrico. Además, alberga poblaciones viables de vertebrados de gran tamaño En Peligro de Extinción en todo el mundo, una flora de 4.000 especies y más de 600 variedades de pájaros. Por ello, en el año 2002, fue declarado por la UNESCO como Patrimonio Natural de la Humanidad (UNESCO sf).

Con una riqueza de 69 especies de murciélagos (Emmons *et al.* 2006) y varios registros aún no publicados, además de la alta biodiversidad documentada en el que ocurren los ecosistemas más importantes de la región que además colindan con los antes mencionados parques del vecino país de Brasil, remarca aún más su conservación al mantener una enorme extensión de ecosistemas en buen estado de conservación. Siendo una de las zonas más ricas del país en quirópteros, alberga especies con alguna categoría de amenaza dentro del Libro Rojo de Vertebrados de Bolivia, como *Vampyrum spectrum* y *Natalus macrourus*, además de especies de distribución restringida en el país, y que sólo han sido registradas en la zona, como *Diclidurus albus*. Adicionalmente, la fisiografía del lugar es un importante recurso para el resguardo de murciélagos cavernícolas en la meseta de Caparú o Huanchaca.

En abril de 2019, la RELCOM reconoció al Parque Nacional Noel Kempff Mercado en el departamento de Santa Cruz como Área de Importancia para la Conservación de los Murciélagos (AICOM). Con este reconocimiento Bolivia cuenta con siete AICOMs hasta la fecha. La importancia de tal reconocimiento radica en su ubicación, en la ecorregión Amazónica centro-sureña Madeira Tapajos en frontera con Brasil, cercano al Parque Estatal de Corumbaira y colindante al Parque Estatal de Sierra Ricardo Franco (Navarro 2011). A su vez, la elevada riqueza en ecosistemas como el Bosque Amazónico, Pampas Inundables y Bosque de Cerrado y las tres grandes cascadas que alimentan el Bajo Paragua y desembocan en la subcuenca hidrográfica del Iténez, así como la Meseta de Caparú y varias cuevas y grietas ubicadas en la meseta, hacen que este parque represente un lugar propicio para la conservación de los murciélagos.



Meseta de Caparú, Parque Nacional Noel Kempff Mercado. Fotografía: Hermes Justiniano.



Catarata Ahlfeld, Parque Nacional Noel Kempff Mercado. Fotografía: Alejandra Arteaga.

Este reconocimiento fué entregado en abril de 2019 al cuerpo de guardaparques del área protegida a la cabeza del Jefe de Protección de la misma, en un acto de entrega realizado en instalaciones del Centro Ecopedagógico Simón I. Patiño. Contó con la presencia de personal del Gobierno Autónomo Departamental de Santa Cruz, La Fundación Noel Kempff y la Asociación SAVIA. Con la promesa de poder trabajar a futuro por la conservación de los murciélagos en el área, el Programa para la Conservación de los Murciélagos de Bolivia (PCMB) y la Dirección del parque presentaron el reconocimiento a todos los presentes, el cuál posteriormente fue presentado al Comité de Gestión del área protegida en la comunidad de Piso Firme, mediante reunión extraordinaria. El Comité de Gestión, conformado por diferentes actores, entre ellos miembros de las comunidades cercanas a área, reconocieron al Parque Nacional Noel Kempff Mercado como un Área de Importancia para la Conservación de los Murciélagos de la región y se compromete a fortalecer el trabajo en cooperación con el PCMB.

Se espera poder trabajar a futuro en el fortalecimiento de las habilidades de los guardaparques del AICOM Noel Kempff Mercado, brindando capacitaciones en técnicas de manejo y colecta de datos con especial énfasis en el grupo de los murciélagos y educación ambiental para las comunidades cercanas al área protegida.

Referencias

Emmons L, Swarner MJ, Vargas A, Tschapka M, Azurduy H, Kalko EKV (2006) The forest and savanna bat communities of Noel Kempff Mercado National Park (Bolivia). *Revista Boliviana de Ecología*, 19, 47–57.

Navarro G (2011) Clasificación de la vegetación de Bolivia. Santa Cruz, Bolivia: Centro de Ecología, Fundación Simón I. Patiño.

UNESCO (United Nations Educational, Scientific and Cultural Organization) (sf) Parque Nacional Noel Kempff Mercado. <https://whc.unesco.org/es/list/967>



Lonchophylla dekeyseri
Fotografía: Roberto Leonam y Morim Novaes.



Vampyrum spectrum
Fotografía: José G. Martínez.



Diclidurus albus
Fotografía: Michael Autumn.



Natalus macrourus
Fotografía: Anderson Feijó.



Entrega del reconocimiento como AICOM al Parque Nacional Noel Kempff Mercado. Fotografía: Eliamne K. Gutiérrez



Aideé Vargas, una de las autoras de la propuesta, explicando las especies presentes en el AICOM Noel Kempff Mercado. Fotografía: Eliamne K. Gutiérrez



Miembros del PCMB, guardaparques del Parque Nacional Noel Kempff Mercado, personal de la Gobernación de Santa Cruz y de la Fundación Noel Kempff Mercado. Fotografía: Eliamne K. Gutiérrez

EDUCANDO PARA CONSERVAR

Visibilizando la importancia de los murciélagos en la comunidad Santo Corazón y ANMI San Matías, Santa Cruz, Bolivia

Eliamne K. Gutiérrez

Programa para la Conservación de los Murciélagos de Bolivia;
Museo de Historia Natural Noel Kempff Mercado

*Correspondencia: egutierrez@museonoelkempff.org

El Programa para la Conservación de los Murciélagos de Bolivia (PCMB), junto a la iniciativa Copernicia Biología Urbana y la Asociación SAVIA, llevaron a cabo un taller de educación ambiental llamado “Conociendo a mis vecinos alados”, contemplado como parte de las actividades realizadas en el marco del proyecto Multiplicadores Ambientales, ejecutado por dicha asociación. Este taller tuvo como objetivo principal visibilizar la importancia y el papel que juegan los murciélagos en la vida del ser humano en áreas urbanas, rurales y ecosistemas naturales, dentro de la comunidad de Santo Corazón.

En la comunidad de Santo Corazón se encuentra la última misión jesuítica ubicada en el sudeste del Parque Nacional Noel Kempff Mercado y Área Natural de Manejo Integrado (ANMI) San Matías, la cual expresa las culturas de los Chiquitanos y Ayoreos. En ella se puede apreciar la elaboración de tejidos e hilados artesanales, y desde allí, se puede visitar Bahía Negra y la Serranía Sunsás. Las casas aún conservan un estilo rústico y natural, usando

palmeras de motacú para cubrir algunos techos en los cuales existe la presencia abundante de murciélagos que se refugian en ellos, además de su cercanía con un arroyo de aguas cristalinas que los lugareños llaman “río murciélagos”, por la posible presencia de cuevas habitadas por éstos.

El acceso a la comunidad es bastante complejo sobre todo en época de lluvia, y esto contribuye a la poca concurrencia de iniciativas de educación ambiental que han llegado a esta comunidad, mucho menos con la temática de los murciélagos. Estos antecedentes, sumados al complicado acceso, hacen aún más relevante el desarrollo de esta actividad en la comunidad. Santo Corazón es una comunidad que se dedica a la ganadería como principal actividad económica, por lo cual la presencia de murciélagos del género *Desmodus* es habitual y existe un conflicto con los lugareños.

La actividad consistió en la presentación sobre algunos aspectos generales de los murciélagos, especies presentes en el área protegida y algunas que se encuentran amenazadas como *Lonchorhina aurita*, cuya población está presente sólo en San Matías. También se habló sobre el PCMB, para dar conocimiento de la existencia de esta iniciativa de conservación en el país. Se proyectaron los documentales cortos “Aliados Nocturnos” y se regalaron algunos almanaques del PCMB a algunos de los asistentes que participaron en las rondas de interacción al final del taller. Para hacer el taller más lúdico, se usaron peluches de murciélagos hechos a mano que tenían por finalidad permitir a los asistentes la interacción y comprensión de la anatomía de un murciélagos.



Presentando algunas especies del parque nacional y ANMI San Matías.



Explicando algunas características de los murciélagos.



Explicando el llenado de los cuestionarios sobre percepción.



Asistentes al taller resuelven las encuestas sobre percepción.



Interactuando con jóvenes asistentes al taller y resolviendo algunas dudas sobre los murciélagos.



Proyección del documental "Aliados Nocturnos".

ESPECIE AMENAZADA

Bauerus dubiaquercus

(Van Gelder, 1959)

"Murciélago de Van Gelder"

IUCN: Casi Amenazada (*Near Threatened*)

Por: Lourdes Nuñez

Programa para la Conservación de los Murciélagos de Guatemala
Correspondencia: lula.nu25@gmail.com

Es un murciélago de tamaño mediano (antebrazo de 49 a 56 mm, peso entre 10 y 24 g), de orejas largas y prominentes (20 a 27 mm) que se extienden más allá del hocico al ser dobladas hacia adelante. Su pelaje es de coloración café amarillento (con variaciones geográficas), en la región posterior más oscuro en la base que en las puntas, mientras que en la región ventral más amarillento. Su patagio es negruzco y el uropatagio se extiende hasta a base del tobillo y carece de pelaje. El hocico es bastante peculiar, con dos protuberancias sobre los orificios nasales y las aberturas nasales dispuestas hacia adelante, a diferencia de *Eptesicus fuscus* (especie similar), que las tiene dispuestas hacia los lados.

Su distribución se considera discontinua o de forma parchada. Ha sido reportada en las Islas Tres Marías en

el estado de Nayarit en México, así como en Jalisco, Guerrero, Veracruz, Oaxaca y Chiapas, y en Centroamérica (Guatemala, Belice, El Salvador, Honduras, norte de Nicaragua, hasta Costa Rica). Se encuentra desde tierras bajas hasta los 2.300 m, pero usualmente por debajo de los 1.300 m.

Se conoce poco sobre su historia natural. Por su anatomía, específicamente las características de sus orejas y la morfología alar, se sugiere que se alimenta de insectos que recoge del suelo o sobre la vegetación. Se puede encontrar en una variedad de hábitats forestados como selva alta, bosque de pino-encino, bosque nuboso y selva caducifolia.

A pesar de que es una especie con una distribución relativamente amplia, es rara localmente (aunque existe la posibilidad de una capturabilidad baja debido a la capacidad potencial para evadir las redes de niebla mediante la ecolocalización). Debido a su rareza aparente, se recomienda la detección acústica para mejorar el conocimiento sobre esta especie. Se considera casi amenazada, en declive poblacional, debido a la conversión de su hábitat, aunque se ha reportado en varias áreas protegidas dispersas a lo largo de su rango de distribución.

Referencias

- Engstrom MD, Lee TE, Wilson Don E (1987) *Bauerus dubiaquercus*. Mammalian Species, 282, 1–3.
- Reid F (2009). A Field Guide to the Mammals of Central America and Southeast Mexico. Nueva York: Oxford University Press.
- Solari, S (2018). *Bauerus dubiaquercus*. The IUCN Red List of Threatened Species, e.T1789A22129523.



Bauerus dubiaquercus
Fotografía: José G. Martínez.

TIPS INFORMATIVOS

III Congreso Latinoamericano y del Caribe de Murciélagos (III COLAM)

Fechas: por anunciar

Lugar: Mérida, Yucatán, México

Más información: <https://iiicolam.squarespace.com>

PUBLICACIONES

- Plasencia Vázquez AH, Escalona-Segura G, Cú-Vizcarra JD, Borges-Jesús KP, Serrano Rodríguez A, Ferrer-Sánchez Y, Vargas-Contreras JA (2020) Diversity of bats inhabiting seasonally inundated forest in the Southeastern Mexico. *Revista de Biología Tropical*, 68(2), 623–640. <https://revistas.ucr.ac.cr/index.php/rbt/article/view/38899>
- Bezerra RHS, Bocchiglieri A (2020) Can the host phylogeny (Chiroptera) influence the community of ectoparasite flies (Diptera)? *Current Zoology*, 66(3), 331–332. <https://doi.org/10.1093/cz/zoz043>
- Brito de Oliveira M, Lima Brandão M, Passos Cordeiro JL, Barbosa de Oliveira LF, Peracchi AL (2020) Composition and frequency of capture of bat assemblages in a landscape mosaic in northern Pantanal, Mato Grosso, Brazil. *Mastozoología Neotropical*, 27(1), 39–52. <https://doi.org/10.31687/saremMN.20.27.1.0.25>
- Carvalho F, Luciano BFL, Preuss G, Bôlla DAS, Mottin V, Passos F de C (2020) Composition of a bat assemblage (Mammalia: Chiroptera) in the natural reserve Salto Morato, east coast of Paraná, south Brazil. *Mastozoología Neotropical*, 27(1), 53–60. <https://doi.org/10.31687/saremMN.20.27.1.0.14>
- Castilla MC, Cuyckens GAE, Zucarelli V, Díaz MM (2020) Riqueza potencial de murciélagos en el sur de Las Yungas: aportes para la conservación de especies. *Mastozoología Neotropical*, 27(1), 61–71. <https://doi.org/10.31687/saremMN.20.27.1.0.15>
- De Freitas Júnior L, De Araújo WS, Falcão LAD (2020) Structure of the Interaction Networks Between Bats (Mammalia: Chiroptera) and Ectoparasite Flies (Diptera: Streblidae, Nycteribiidae) on a Latitudinal Gradient. *Acta Chiropterologica*, 22(1), 187–196. <https://doi.org/10.3161/15081109ACC2020.22.1.018>
- de Oliveira AKM, Pulchério-Leite A, Ribeiro JWF, Fernandes V (2020) Can *Carollia perspicillata* (Chiroptera: Phyllostomidae) induce seed germination of *Cecropia pachystachya*? *Mastozoología Neotropical*, 27(1), 194–199. <https://doi.org/10.31687/saremMN.20.27.1.0.04>
- Esquivel DA, Peña S, Aya-Cuero C, da Cunha Tavares V (2020) Bats and termite nests: roosting ecology of *Lophostoma brasiliense* (Chiroptera: Phyllostomidae) in Colombia. *Mastozoología Neotropical*, 27(1), 72–80. <https://doi.org/10.31687/saremMN.20.27.1.0.11>
- García-Méndez A, Santos-Moreno A (2020) New tent architecture roost by *Dermanura phaeotis* (Miller, 1902) (Chiroptera: Phyllostomidae) in southeastern Mexico. *Mammalia*, 84(3), 246–249. <https://doi.org/10.1515/mammalia-2019-0047>
- Gonçalves F, Magioli M, Bovendorp RS, Ferraz KMPMB, Bulascoschi L, Moreira MZ, Galetti M (2020) Prey choice of introduced species by the common vampire bat (*Desmodus rotundus*) on an Atlantic Forest land-bridge island. *Acta Chiropterologica*, 22(1), 167–174. <https://doi.org/10.3161/15081109ACC2020.22.1.015>
- Guerra J, Ineson KM, Swing K (2020) Range extension and natural history observations for the smoky bat (*Amorphochilus schnablii*). *Mastozoología Neotropical*, 27(1), 96–102. <https://doi.org/10.31687/saremMN.20.27.1.0.02>
- Guterres Moreira ACR, Marques CC (2020) Helminth fauna of *Tadarida brasiliensis* (Mammalia, Chiroptera) in the state of Rio Grande do Sul, Brasil: a comparative approach. *Acta Chiropterologica*, 22(1), 179–185. <https://doi.org/10.3161/15081109ACC2020.22.1.017>
- Guy C, Ratcliffe JM, Mideo N (2020) The influence of bat ecology on viral diversity and reservoir status. *Ecology and Evolution*, 10(12), 5748–5758. <https://doi.org/10.1002/ece3.6315>
- Hiller T, Brändel SD, Honner B, Page RA, Tschapka M (2020) Parasitization of bats by bat flies (Streblidae) in fragmented habitats. *Biotropica*, 52(3), 488–501. <https://doi.org/10.1111/btp.12757>
- Laurindo RS, de França Souza R, Lemos G, da Silva-Teodoro N, Marin-Bonilha L, Lucio-de Oliveira F (2020) Feeding habits define habitat use by bats in an agricultural landscape of the Atlantic Forest. *Revista Mexicana de Biodiversidad*, 91, e913223. <https://doi.org/10.22201/ib.20078706e.2020.91.3223>
- Leidy Azucena Ramirez-Francel, Leidy Viviana García-Herrer, Gladys Reinoso-Florez (2020) Using MaxEnt modeling to predict the potential distribution of *Platyrrhinus ismaeli* (Phyllostomidae). *Therya*, 11(2), 203–212. DOI: 10.12933/therya-20-843
- López-Cuamatzi IL, Vega-Gutiérrez VH, Cabrera-Campos I, Ruiz-Sanchez E, Ayala-Berdon J, Saldaña-Vázquez RA (2020) Does body mass restrict call peak frequency in echolocating bats? *Mammal Review*, 50 (3), 304–313. <https://doi.org/10.1111/mam.12196>
- López-Wilchis R, Torres-Flores JW, Arroyo-Cabrales J (2020) *Natalus mexicanus* (Chiroptera: Natalidae). *Mammalian Species*, 52(989), 27–39. <https://doi.org/10.1093/mspecies/seaa002>

Marinho Torres J, de Oliveira Porfirio GE, Ikeda P, Bordignon MO, Martins Santos F, Elisei C (2020) First record of *Eumops perotis* (Schinz, 1821) (Chiroptera, Molossidae) from the Cerrado of Mato Grosso do Sul, Central-West Brazil. Check List, 16(3), 759–764. <https://doi.org/10.15560/16.3.759>

Martínez-Salazar EA, Medina-Rodríguez AJ, Rosas-Valdez R, Del Real-Monroy M, Falcón-Ordaz J (2020) First record of *Urotrema scabridum* (Platyhelminthes), and new records of helminths of *Tadarida brasiliensis* from Mexican Plateau. Therya 11(2), 181–192. DOI: 10.12933/therya-20-788

Medina-Cruz GE, Salame-Méndez A, Briones-Salas M (2020) Glucocorticoid profiles in frugivorous bats on wind farms in the Mexican tropics. Acta Chiropterologica, 22(1), 147–155. <https://doi.org/10.3161/15081109ACC2020.22.1.013>

Mendes SB, Lima ACS, Reis TS, Fraga EC, Barros MC, (2020) First record of *Cynomops planirostris* (Peters, 1865) (Chiroptera, Molossidae) from Maranhão state, Brazil, based on morphological and molecular data. Brazilian Journal of Biology, 80(2), 405–409. <https://doi.org/10.1590/1519-6984.213968>

Ortega-García S, Ferreyra-García D, Schondube JE (2020) Gut reaction! Neotropical nectar-feeding bats responses to direct and indirect costs of extreme environmental temperatures. Journal of Comparative Physiology B, 190, 655–667. <https://doi.org/10.1007/s00360-020-01288-z>

Pavan AC, da C. Tavares V (2020) *Pteronotus gymnotus* (Chiroptera: Mormoopidae). Mammalian Species, 52(990), 40–48. <https://doi.org/10.1093/mspecies/seaa003>

Pérez-Torres J, Herrera-Sepúlveda MT, Pantoja-Peña G (2020) A new device for capturing social bats in caves. Mastozoología Neotropical, 27(1), 206–210. <https://doi.org/10.31687/saremMN.20.27.1.0.09>

Ramos-H D, Medellín RA, Morton-Bermea O (2020) Insectivorous bats as biomonitor of metal exposure in the megalopolis of Mexico and rural environments in Central Mexico. Environmental Research, 185, 109293. <https://doi.org/10.1016/j.envres.2020.109293>

Rodríguez-Durán A, Rosa J (2020) Remarkable variation in the diet of *Noctilio leporinus* in Puerto Rico: The Fishing Bat Turns Carnivorous. Acta Chiropterologica, 22(1), 175–178. <https://doi.org/10.3161/15081109ACC2020.22.1.016>

Salas-Solano D, Martins Moras L, Da Cunha Tavares V, Rodríguez-Herrera B (2020) Extension of the known geographic distribution of Greenhall's Dog-faced Bat, *Cynomops greenhalli* Goodwin, 1958 (Chiroptera, Molossidae): first records in Costa Rica. Check List, 16(4), 871–875. <https://doi.org/10.15560/16.4.871>

Shiple JR, Twining CW (2020) Seasonal dietary niche contraction in coexisting Neotropical frugivorous bats (Stenodermatinae). Biotropica, 52(4), 749–757. <https://doi.org/10.1111/btp.12784>

Turcios-Casco MA, Manzanares T, Ávila-Palma HD, Martínez M, Mazier-Ordoñez DI (2020) Reproductive, morphometric, and roosting description of the Honduran white bat, *Ectophylla alba* (Chiroptera: Phyllostomidae), in Honduras. Mastozoología Neotropical, 27(1), 172–176. <https://doi.org/10.31687/saremMN.20.27.1.0.07>

Villalobos-Chaves D, Melo FPL, Rodríguez-Herrera B (2020) Dispersal patterns of large-seeded plants and the foraging behaviour of a frugivorous bat. Journal of Tropical Ecology, 36(3), 94–100. <https://doi.org/10.1017/S0266467420000036>

Vivas-Toro I, Murillo-García OE (2020) Diurnal flying activity of a Neotropical bat (*Saccopteryx leptura*): effect of light intensity, temperature, and canopy cover. Acta Chiropterologica, 22(1), 87–94. <https://doi.org/10.3161/15081109ACC2020.22.1.008>

Yoh N, Syme P, Rocha R, Meyer CFJ, López-Baucells A (2020) Echolocation of Central Amazonian 'whispering' phyllostomid bats: call design and interspecific variation. Mammal Research, 65, 583–597. <https://doi.org/10.1007/s13364-020-00503-0>

Zamora-Gutierrez et al. (2020) The Sonozotz project: Assembling an echolocation call library for bats in a megadiverse country. Ecology and Evolution, 10(11), 4928–4943. <https://doi.org/10.1002/ece3.6245>

Zamora-Mejías D, Morales-Malacara JB, Rodríguez-Herrera B, Ojeda M, Medellín RA (2020) Does latitudinal migration represent an advantage in the decrease of ectoparasitic loads in *Leptonycteris yerbabuenae* (Chiroptera)? Journal of Mammalogy, 101(4), 979–989. <https://doi.org/10.1093/jmammal/gyaa075>

FE DE ERRATAS

En el volumen 11, número 1, se incluye en la sección de publicaciones la siguiente: Brändel SD, Honner B, Page RA, Tschapka M (2020) Parasitization of bats by bat flies (Streblidae) in fragmented habitats. Biotropica, 52(3), 488–501. Debe ser: Hiller T, Brändel SD, Honner B, Page RA, Tschapka M (2020) Parasitization of bats by bat flies (Streblidae) in fragmented habitats. Biotropica, 52(3), 488–501.

En el volumen 11, número 1, en la contribución *Desinformación + conflictos vampiro-humano = un problema sin resolver*, se incluye el subtítulo *Caso: murciélagos en Catamarca, Perú*. Debe ser: *Caso: murciélagos en Cajamarca, Perú*.

RELCOM

REPRESENTANTES

///ARGENTINA (PCMA)

Dra. Mónica Díaz,
Universidad Nacional de Tucumán.
mmonicadiaz@yahoo.com.ar

///ARUBA, BONAIRE Y CURAZAO (PCMABC)

Odette Doest,
CARMABI, Curazao.
info@pprabc.org

///BOLIVIA (PCMB)

Dr. Luis F. Aguirre,
Universidad Mayor de San Simón.
laguirre@fcyt.umss.edu.bo

///BRASIL (PCMBR)

Dra. Susi Missel Pacheco,
Instituto Sauver.
batsusi@gmail.com

///CHILE (PCMCh)

M. en C. Juan Luis Allendes,
BIOECOS EIRL.
jrallend@gmail.com

///COLOMBIA (PCMCo)

Dr. Sergio Estrada,
Yale University.
estradavillegassergio@yahoo.com

///COSTA RICA (PCMCR)

Dr. Bernal Rodríguez,
Universidad de Costa Rica.
bernal.rodriguez@ucr.ac.cr

///CUBA (PCMCh)

M.Sc. Annabelle Vidal,
Instituto de Ecología y Sistemática.
vidal@ecologia.cu

///ECUADOR (PCME)

M.Sc. Santiago F. Burneo,
Universidad Católica del Ecuador.
sburneo@puce.edu.ec

///EL SALVADOR (PCMES)

Bióloga Raquel Alvarado Larios,
Museo de Historia Natural de El Salvador.
raquel9.al@gmail.com

///GUATEMALA (PCMCh)

Bióloga Lourdes Nuñez,
Universidad de San Carlos de Guatemala.
lula.nu25@gmail.com

///HONDURAS (PCMH)

Biólogo David Mejía,
INCEBIO.
davidmejia93@hotmail.es

///MÉXICO (PCMM)

Dr. Rodrigo A. Medellín,
UNAM / Bioconciencia.
medellin@miranda.ecologia.unam.mx

///NICARAGUA (PCMN)

Biólogo Octavio Saldaña Tapia,
Servicios Profesionales en Fauna Silvestre.
arfororia@hotmail.com

///PANAMÁ (PCMPa)

Dr. Rafael Samudio,
Sociedad Mastozoológica de Panamá.
samudior@gmail.com

///PARAGUAY (PCMPy)

M.Sc. Gloria González de Weston,
Universidad Nacional de Asunción.
cuclygb@gmail.com

///PERÚ (PCMP)

Biólogo Jorge Carrera Guardia,
PCMP.
jecarrerag@gmail.com

///PUERTO RICO (PCMPR)

Dr. Armando Rodríguez Durán,
Universidad Interamericana, Bayamón.
arodriguez@bayamon.inter.edu

///REPÚBLICA DOMINICANA

Miguel Santiago Núñez,
Universidad Complutense de Madrid.
nmiguelsantiago@gmail.com

///TRINIDAD Y TOBAGO (TRINIBATS)

Dr. Janine Seetahal,
The University of the West Indies.
jseetahal@gmail.com

///URUGUAY (PCMU)

Biólogo Germán Botto,
PCMU.
germanbotto@gmail.com

///VENEZUELA (PCMCh)

M. en E. Ariany García Rawlins,
Provita.
gariany@gmail.com

Este boletín electrónico es publicado cuatrimestralmente por la Red Latinoamericana para la Conservación de los Murciélagos (RELCOM). Si desea que llegue a usted de forma regular, por favor póngase en contacto con nosotros a través del correo electrónico boletin.relcom@gmail.com o por medio de nuestra página web www.relcomlatinoamerica.net. En este portal podrá además descargar el boletín en formato PDF y llenar un formulario de suscripción con sus datos.

Comité Editorial