Apuntes de Bioética
Vol. 5 No. 2 (2022): Apuntes de Bioética Vol. 05. N° 2, 56-73
Bioethics, Society and Environment

Implication of common housekeeping in the phylogenetic development of monkeypox

Olivia Santamaría Veliz Investigador independiente, Chiclayo, Perú
María Elena Gonzales Flores Hospital Regional Lambayeque, Chiclayo, Perú
Milagritos Yoelia Mendoza Luna Universidad Católica Santo Toribio de Mogrovejo, Chiclayo, Perú

Monkeypox is a reemerging zoonosis caused by the monkeypox virus (MPXV), which belongs to the poxviridae family, to the orthopoxvirus genus. It was first identified in 1958, since then there have been outbreaks in different countries of the African continent.

However, it is verified that the pathogen has evolved, due to the presence of genomic polymorphism, loss of genes, etc. Until reaching clade IIb, which has caused the outbreak in 2022. Among the factors that have influenced its phylogenetics, the following have been identified: biogeographical barriers, drastic climatic variations and human actions. The latter depend on the relationship of the person with their natural environment, among them are: the destruction of forest areas, consumption of wild animals and the trafficking of species. These activities, in addition to violating the rights of the person such as a healthy environment, equitable distribution of natural resources and social welfare, provide the necessary conditions for viruses of different species to be transmitted to the person and generate zoonoses that can put public health at risk. For this reason, it is essential to care for the common home to prevent the spread of zoonotic diseases such as monkeypox.

Palabras clave: Viruela del mono; Filogenética; Evolución; Cambio climático; Casa Común.

Abstract

Monkeypox is a reemerging zoonosis caused by the monkeypox virus (MPXV), which belongs to the poxviridae family, to the orthopoxvirus genus. It was first identified in 1958, since then there have been outbreaks in different countries of the African continent.

However, it is verified that the pathogen has evolved, due to the presence of genomic polymorphism, loss of genes, etc. Until reaching clade IIb, which has caused the outbreak in 2022. Among the factors that have influenced its phylogenetics, the following have been identified: biogeographical barriers, drastic climatic variations and human actions. The latter depend on the relationship of the person with their natural environment, among them are: the destruction of forest areas, consumption of wild animals and the trafficking of species. These activities, in addition to violating the rights of the person such as a healthy environment, equitable distribution of natural resources and social welfare, provide the necessary conditions for viruses of different species to be transmitted to the person and generate zoonoses that can put public health at risk. For this reason, it is essential to care for the common home to prevent the spread of zoonotic diseases such as monkeypox.

Keywords: Monkeypox; Phylogenetics; Evolution; Climate Change; Common House

Introducción

La viruela del mono es una enfermedad zoonótica producida por un virus que se aisló por primera

vez en monos cautivos transportados a Dinamarca, en el año 1958 (Von Magnus et al.,1959), pertenece a la familia poxviridae y es reemergente en África. Al reportarse nuevos casos en el presente año en Europa, Asia y América, se consideró como una amenaza creciente para la salud pública mundial.

Diez países de África Central y Occidental han informado casos de viruela del mono y han aumentado exponencialmente durante los últimos 20 años. Este aumento se debe a la disminución de inmunidad cruzada al interrumpirse la vacunación contra la viruela en el continente africano a principios de la década de 1980, luego de la erradicación de la viruela (Petersen et al., 2018).

Nigeria Centre for Disease Control and Prevention (NCDC) activó un centro de operaciones de emergencia interdisciplinario en el año 2017, que incluyó investigaciones con una perspectiva “Una salud humana-ambiental-animal” (Faye et al., 2018; Yinka-Ogunleye et al., 2018), porque ante enfermedades zoonóticas es de suma importancia una estrecha colaboración de los sectores de salud humana y animal con el fin de definir el brote y responder de manera efectiva (NCDC, 2018; Petersen et al., 2018). Sin embargo, fue tarde ya que la viruela del mono se había propagado en el continente africano. Por tanto, se debe enfatizar esta perspectiva para reducir el riesgo de brotes (Zumla et al., 2016).

Los temas sanitarios están vinculados a la relación de la sociedad con su entorno natural, es decir, interacción hombre- ambiente. Tal es el caso de la repercusión del cambio climático en el inicio de epidemias como: la influenza, el dengue, fiebres hemorrágicas, etc. (Gómez, 2020; Tatay & Muñoz, 2021).

La enfermedad de la viruela del mono no ha cobrado la importancia que amerita, esto se refleja en la falta de medidas ante la diversidad de brotes. Al mismo tiempo, son necesarias investigaciones en filogenética, que permitan identificar cómo pasó de su reservorio natural al ser humano. De esta manera, se puede formular medios de prevención estratégicos y el control de infecciones, objetivo clave para evitar una pandemia (Petersen et al., 2019).

El objetivo de este artículo de revisión es abordar y dar un alcance sobre la implicancia del cuidado de la casa común en la filogenética o evolución del monkeypox virus (MPXV), se identificó algunas acciones humanas como: invasión de hábitats naturales, caza y comercio de animales silvestres que además de degradar el entorno natural, contribuyen en la distribución de los reservorios del virus, su virulencia y a la diseminación de la enfermedad (Silva et al., 2020; Sklenovská et al.,2018; Petersen et al., 2019).

La información se obtuvo de una búsqueda bibliográfica en la base de datos pubmed, Lilacs, scielo y Google scholar, considerando estudios de los últimos cinco años. Los términos de búsqueda fueron monkeypox virus para aspectos generales de la enfermedad; para abordar aspectos de filogenética, se consideró phylogenetic, evolution, molecular biology, microevolution, genomic, phylogenomic, cada uno combinado con el término monkeypox virus. También se consideraron términos como ambiente, pandemia, cambio climático y epidemias. El operador booleano que se empleó fue el AND. Adicionalmente, se consideró información de Global Health Team, Gov UK, World Health Organization, International Committee on Taxonomy of Virus, Nigeria NCDC, Public Health in England y la encíclica Laudato Sí.

El virus de la viruela del mono (por sus siglas en inglés MPXV), pertenece a la familia poxviridae, subfamilia chordopoxvirinae y género orthopoxvirus (International Committee on Taxonomy of Viruses, 2009). Es la especie más patógena en comparación del virus de la viruela (Auwal et al., 2018).

El MPXV es un virus de ADN de doble cadena envuelto, su genoma tiene un tamaño de 190 kilobases (kb) (Auwal et al., 2018; Hendrickson et al., 2010; Shchelkunov et al., 2001). Tiene regiones extensas altamente conservadas (56-120 kb), alternadas por regiones variables, que

contienen cuatro marcos abiertos de lectura (ORF) adicionales, implicados principalmente en la inmunización activa para la determinación del rango de huéspedes y la patogenicidad (Bahar et al., 2011, Hendrickson et al., 2010, Shchelkunov et al., 2001). Su replicación es dentro del citoplasma de las células infectadas, a diferencia de la mayoría de virus de ADN, lo que le permite sintetizar las proteínas necesarias para su replicación (Auwal et al., 2018).

El virus se aisló por primera vez en las lesiones cutáneas de un macaco importado en un laboratorio danés (Von Magnus et al., 1959). Según lo afirma Centre for Disease Control and Prevention y World Health Organization (CDC, 2019; WHO, 2018) se cree que los primates juegan un papel en su transmisión.

Posteriormente, en 1985 se aisló en una ardilla de cuerda (*Funisciurus anerythrus*) en la República Democrática del Congo (RDC) y en un mangabey tiznado en Costa de Marfil (Radonić et al., 2012). Asimismo, se aislaron en otros animales africanos como ardillas de árbol (*Heliosciurus sp.*), ratas gigantes africanas (*Cricetomys sp.*), rata de Gambia, puercoespines de cola de cepillo (*Atherurus sp.*), lirones (*Graphiurus sp.*), ratones rayados (*Lemniscomyssp*) (Petersen et al., 2019). Lo que indicaría que otras especies pueden ser su reservorio. Sin embargo, el reservorio natural sigue siendo desconocido (Beer & Rao, 2019).

El reservorio natural de MPXV sigue siendo desconocido, sin embargo, se sospecha que los roedores africanos como las ardillas de los géneros Funisciurus y Heliosciurus participan en la transmisión de la infección, mientras que los monos, son huéspedes accidentales como los humanos (Angelo et al., 2019; Auwal et al., 2018; Damon, 2011; Kumar et al., 2022; Peter et al., 2022).

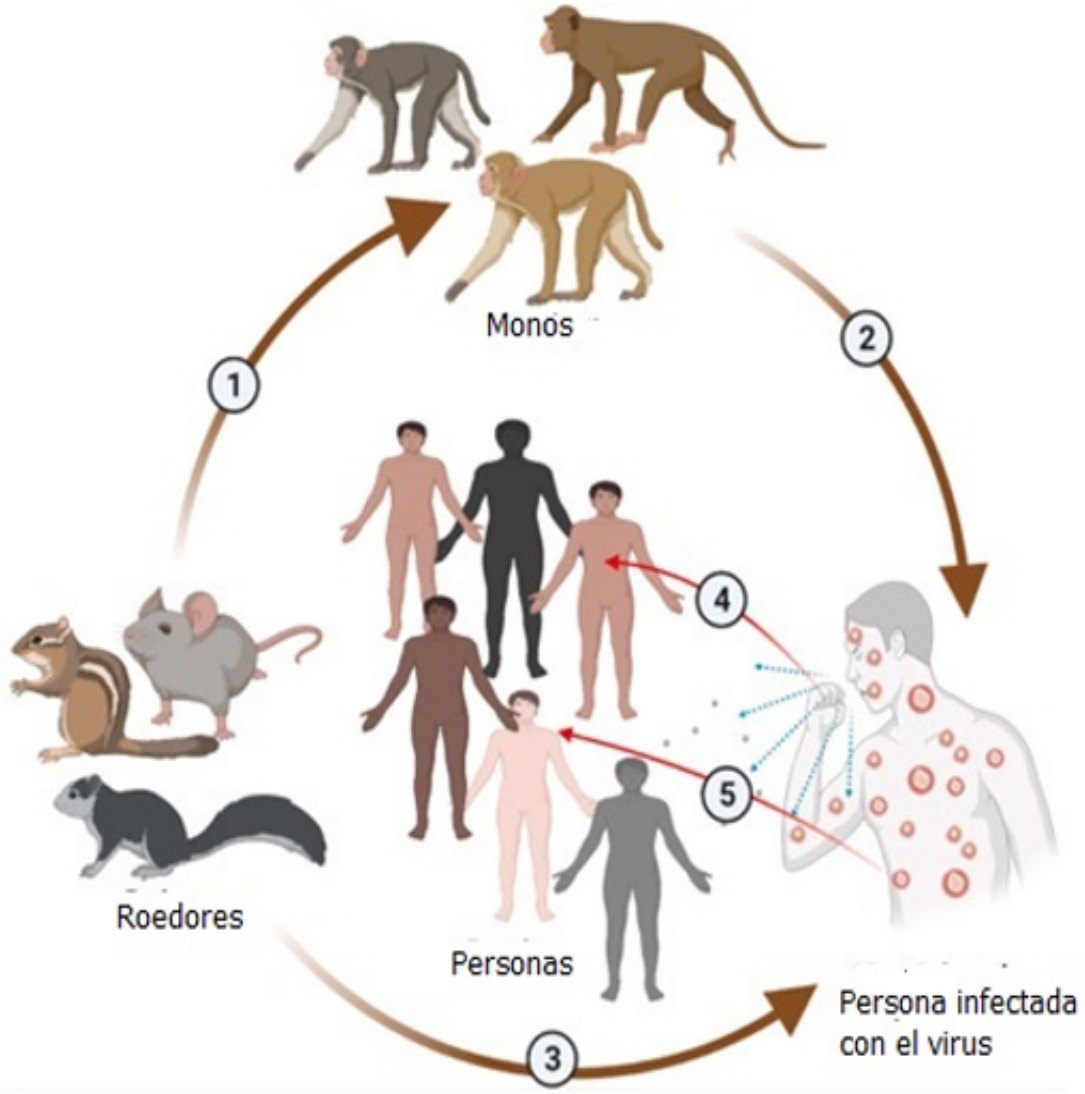
Como se observa en la Figura 1, la transmisión animal a humano conocida como transmisión zoonótica, se da por el contacto directo con fluidos e inoculaciones mucocutáneas, percutáneas o gotitas respiratorias de animales infectados o por el consumo de estos (Alakunle et al., 2020; Beer & Rao, 2019). La caza y matanza de animales silvestres se consideran como actividades de riesgo para la transmisión zoonótica, ya que aumenta su exposición a los huéspedes del virus (Quiner et al., 2017). Por otro lado, los niños, se encuentran como la población de mayor riesgo de infección, ya que atrapan y juegan con estos animales y sus cadáveres (Sklenovska & Van Ranst, 2018). Asimismo, este tipo de transmisión fue el responsable del 72 % de infecciones primarias cuando se iniciaron los brotes en África Occidental (Jezek et al., 1988; WHO, 1999).

Otros de los factores ecológicos asociados a la transmisión del MPXV animal-humano son el comercio de animales silvestres (Alakunle et al., 2020), cambio climático, la deforestación, invasión de selvas y bosques por parte de las personas (Petersen et al., 2019). Evitar estas situaciones para que no se disperse la enfermedad sería una gran medida, así como concientizar a la población de las consecuencias que provocan estas actividades.

La transmisión humano- humano se produce a través de gotitas y secreciones respiratorias, saliva, exudados de las lesiones, sangre, contacto con las costras y con heces, también por contacto con artículos contaminados del paciente infectado (Auwal et al., 2019), como podemos ver en la figura 1. Este tipo de transmisión representó el 28 % en humanos cuando se inició el brote en África Occidental (Jezek et al., 1988; WHO, 1999), en comparación con la transmisión animal- humano que fue el 72% (Jezek et al., 1988; WHO, 1999). Sin embargo, en la actualidad varía, ya que la mayoría de los casos son por transmisión humano- humano en los que se han asociado otros factores como los viajes internacionales, no contar con la vacunación contra viruela y la inmunosupresión por VIH (Alakunle et al., 2020).

Figura 1

Transmisión de la viruela del mono: animal a humano y humano a humano



Nota: De roedores a monos (1). De mono a humano (2). De roedores a humanos (3). De persona infectada a persona sana a través de las gotitas para la tos (4). De persona infectada a persona sana por contacto directo con la piel (5).

Fuente: Kumar et al. (2022).

La detección por primera vez del MPXV fue en 1958 en monos cautivos transportados a Dinamarca para una pesquisa, de ahí el nombre de "viruela del mono"; sin embargo, este término no es el adecuado, ya que se han identificado como reservorios otros animales (Von Magnus et al.,1959).

MPXV se diagnosticó por primera vez en humanos en agosto de 1970 en un niño de nueve meses que llegó al hospital Basankusu en República Democrática del Congo (Ladnyj et al., 1972). Las causas asociadas a la infección fueron el consumo y contacto estrecho con monos y que no estaba vacunado contra la viruela (Ladnyj et al., 1972). Un año más tarde, surgieron seis casos en Liberia, Nigeria y Sierra Leona (África), y se notificaron diez más en 1978, por interrupción de vacunación contra viruela debido a su reducción en 1980. Por consiguiente, se creó las condiciones necesarias

que generó la propagación del MPXV (eBioMedicine, 2022). Desde entonces la enfermedad se empezó a extender a 15 países diferentes, 11 de los cuales fueron africanos (Alakunle et al., 2020).

Durante los años 2001 y 2004 en la República Democrática del Congo (RDC), se informaron 2734 casos, el 94% ocurrieron en niños y jóvenes menores de 25 años, no vacunados contra la viruela (Rimoin et al., 2007). Luego la enfermedad se importó a EE. UU. por un cargamento de pequeños mamíferos infectados con el virus proveniente de Ghana (eBioMedicine, 2022; Petersen et al., 2019). Asimismo, entre el año 2004 y 2007 se reportaron 1 164 casos en la RDC y un brote en Sudán debido a una migración desde esa región (Auwal et.al., 2018; Damon et al., 2006; Rimoin et al., 2010). Luego se reportó 1 266 casos en Tshuapa, una provincia de la RDC entre el año 2010 y 2014 y un incremento de 183 casos en Nigeria durante los años 2017 a 2019 (Alakunle et al., 2020; Petersen et al., 2018), siendo el brote más grande registrado en África Occidental.

Los años siguientes indicaron una dispersión geográfica del MPXV, extendiéndose a Israel, el Reino Unido, Singapur y otros países (Gong et al., 2022), por lo tanto, la enfermedad cobró atención mundial de los medios políticos y científicos. En septiembre de 2018 se detectaron tres casos en Reino Unido, de los cuales dos habían viajado recientemente a Nigeria y el tercero fue de un personal de salud que había estado en contacto con esos pacientes (Public Health in England, 2018). Según Nigeria Centre for Disease Control and Prevention (Nigeria CDC, 2018), en ese mismo año, se reportaron 396 casos en 16 estados de Nigeria que afectaron a niños y adultos de todas las edades, lo que indicó la persistencia de la enfermedad en esta región.

A inicios del año 2022, la viruela del mono era una enfermedad poco conocida por la población en general, a pesar de que los científicos advirtieron su posible propagación a otras regiones. El 23 de julio del presente año la Organización Mundial de la Salud (OMS) la declara como una emergencia de salud pública (eBioMedicine, 2022). Actualmente, hasta el seis de setiembre del 2022 se han detectado 53 446 casos confirmados, presentes en todos los continentes (Global Health Team, 2022), lo cual indica que la enfermedad se ha dispersado geográficamente, siendo el continente europeo donde se presenta la mayor cantidad de casos, seguido de América del Norte, América del Sur, África y las demás regiones que no sobrepasan los 500 casos confirmados, como se muestra en la Tabla 1.

Tabla 1

Número de casos confirmados de viruela del mono por continente durante el 2022

Regiones geográficas	Casos confirmados durante el 2022
América del Norte	21 648
Centroamérica	157
América del Sur	8 026
Europa	22 659
Asia	313
Oceanía	130
África	513

Fuente: Global Health Team (2022).

Elaboración propia.

Los casos presentados afectaron más a niños, al inicio de la enfermedad, debido al contacto estrecho con animales en zonas de África Occidental, luego a pacientes entre 21 a 40 años (Rimoin et al., 2010), siendo los varones con mayor predisposición que las mujeres (Petersen et al., 2019; Sklenovska & Van Ranst, 2018). Por otro lado, esta zoonosis no cobró la importancia necesaria cuando se incrementaron los casos en África Occidental, hasta el 2018 que se identificó en Reino Unido (Public Health England, 2018), lo que trae a la actualidad la aparición de esta zoonosis reemergente.

Un clado es una población que desciende de un ancestro en común. MPXV presentó inicialmente dos linajes o clados: Linaje de la Cuenca del Congo (CB) o clado I y el linaje del África Occidental (WA) o clado II, que consta de los subclados IIa y IIb (World Health Organization, 2022).

Los clados de la cuenca del Congo (CB) y del África occidental (WA) difieren en aproximadamente 900 pb (pares de base) en la longitud del genoma (Wang et al., 2022) y presentan una diferencia de nucleótidos de 0,55 a 0,56 % (Narendra et al., 2022; Nakazawa et al., 2022). Asimismo, el clado CB tiene 173 genes funcionales únicos, mientras WA 171 (Narendra et al., 2022) y presentan 53 genes de virulencia compartidos (Weaver & Isaacs, 2008). Por otra parte, el linaje WA tiene una tasa de letalidad de 3,6 %, se asocia con casos leves y menor transmisibilidad, mientras que el linaje CB es más letal (10,6%) y se relaciona con síntomas graves (eBioMedicine, 2022; Narendra et al., 2022).

Luna et al (2022) reconoció al clado IIb, que deriva del clado del África occidental, como clado hMPXV-1A, dentro de este clado se diferenció los linajes A1, A1.1, A.2 y B.1 (eBioMedicine, 2022; Desingu et al., 2022), identificados en los brotes del 2018 a 2019 (Luna et al., 2022). Con todo ello se concluye que el clado IIb está evolucionando, por ende, tiene una amplia capacidad de transmisión. Sin embargo, son necesarios más estudios para determinar si las mutaciones que presenta afectan su patogenicidad y tasa de replicación (Narendra et al., 2022).

La distribución del MPXV y sus reservorios se vio afectada por las oscilaciones climáticas durante el cuaternario, que produjeron cambios geográficos de los ecosistemas (Haffer, 1969; Haffer, 1997). Estos ciclos climáticos fragmentaron la selva tropical africana y podría haber influenciado en la diferenciación genética del virus durante miles de años (Nakazawa et al, 2015). Por otro lado, el máximo glacial fue un factor importante para que el clado de la Cuenca del Congo (CB) sufriera el efecto cuello de botella, reducción drástica de su población, y luego ampliara su distribución geográfica (Nakazawa et al, 2015). Al término del máximo glacial hubo una expansión de la selva tropical, que permitió que los reservorios del MPXV se extendieran, lo que produjo su diversificación y variación genética del virus (Nakazawa et al., 2015).

La divergencia de los clados de la Cuenca del Congo (CB) y del África Occidental (WA) se vio influenciada por las barreras biogeográficas como ríos Sanaga, Cross y el corredor de la sabana Dahomey, estos influyeron en la separación y dispersión de los reservorios del virus como los chimpancés del género Pan (Gonder et al., 2006), las ardillas voladoras (Schunke & Hutterer, 2004) y los ratones del género Praomys, contribuyendo a la diferenciación genética del MPXV. Sin embargo, son necesarios más estudios desde la serología de vida silvestre, que podría ser clave para identificar su reservorio natural y biogeografía.

5.3. Estudios filogenéticos

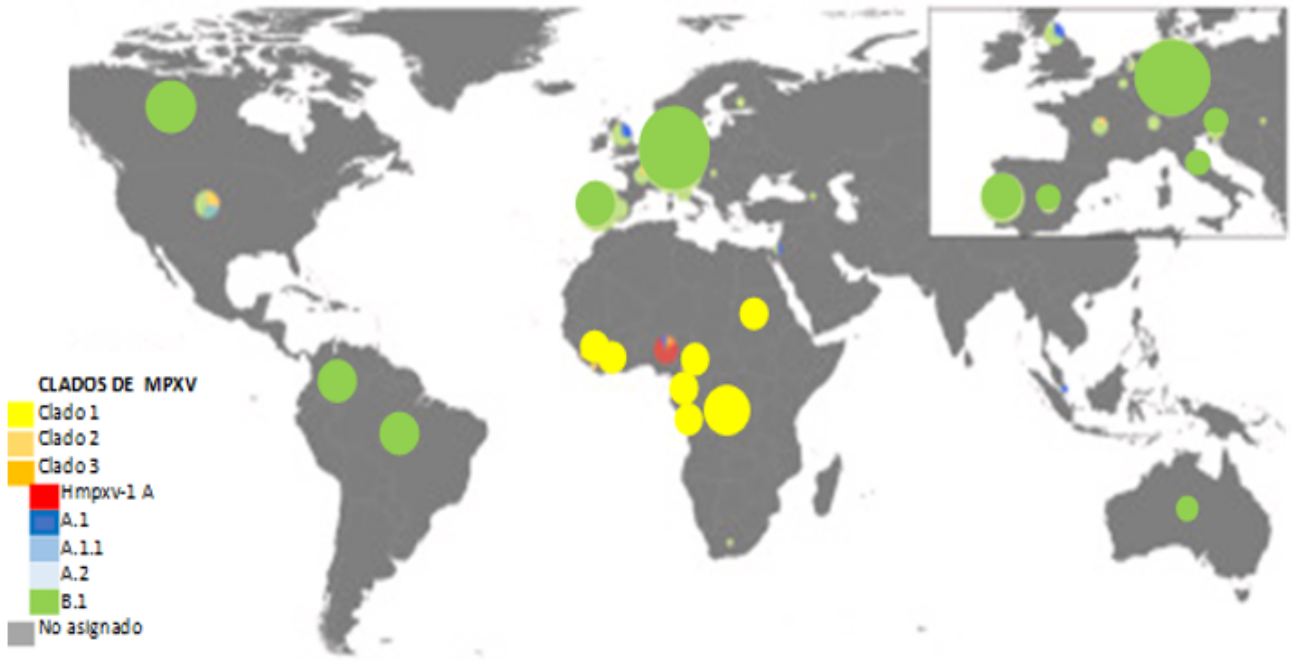
Durante el año 2005 en Sudán se identificó que cincos aislamientos pertenecieron al clado de la cuenca del Congo (CB) y el segundo grupo de seis pertenecían al clado de África Occidental (WA) (Lash et al., 2013). Asimismo, durante ese mismo año hasta el año 2007 se estudiaron 60 muestras provenientes de la República Democrática del Congo, de las cuales 10 presentaron pérdida de genes, que apunta a una desestabilización genómica y por tanto mayor letalidad de la enfermedad (Kugelman et al., 2014). Posteriormente, durante 1958 a la actualidad, se estudiaron todas las

cepas mediante un análisis de sus genomas completos. Este análisis mostró que la cepa del año 2018 y la del brote del año 2022 correspondieron al clado hMPXV-1A (IIb), del mismo modo no está claro si se originó en humanos u otros huéspedes (Wang et al., 2022).

Se analizaron 337 cepas de MXPV hasta junio del 2022 para evaluar su evolución y diversidad. El análisis reveló un clado reemergente que alberga genomas del brote del año 2022, que comprende el clado hMPXV-1A (IIB) y los linajes recién clasificados A.1, A.1.1, A.2 y B.1, el cual surgió en Europa en marzo de 2022, ver Figura 2. Este brote está relacionado con la divergencia genómica del clado del África occidental (WA) y un evento evolutivo al azar, que dio origen al clado hMPXV-1A (IIb), lo que podría explicar su transmisión a otros países (eBioMedicine, 2022).

Figura 2

Distribución de clados y linajes asociados con los genomas MPXV completos y disponibles durante el brote del 2022



Fuente*:* Luna et al. (2022).

Por otro lado, Isidro et al. (2022) encontraron que los aislamientos de mayo de 2022, procedentes de Europa, pertenecieron al clado IIb (hMPXV-1A), que corresponden a los linajes B.1 y A.1. Este brote se relacionó con la exportación del virus en 2018 y 2019 desde Nigeria al Reino Unido, Israel y Singapur. Además, se encontró que clado IIb (hMPXV-1A) tiene una media de 50 polimorfismos de un nucleótido (SNP), lo que indica una evolución acelerada a diferencia de los virus del 2018 al 2019.

1. **Patógeno: taxonomía y genoma**
2. **Reservorios del virus**
3. **Transmisión de la enfermedad**
4. **Inicio y distribución de la enfermedad**
5. **Filogenética**
6. **Clados**

7. **Aspectos biogeográficos y climáticos en la evolución del virus**
8. **Acciones humanas, implicancias éticas y diseminación de la enfermedad**

En la diseminación de la viruela del mono se han identificado tres acciones humanas que pueden haber contribuido en el origen y propagación de la enfermedad: la destrucción de áreas forestales, el tráfico de especies, caza y consumo de animales silvestres.

- Destrucción de áreas forestales:

La gran cantidad de disturbios civiles en países del África ha dado lugar a la destrucción de áreas forestales, lo que ha llevado a una mayor exposición del ser humano a animales silvestres y un aumento de incidencia del MPXV (Sklenovska & Van Ranst, 2018).

-El tráfico de especies:

Durante el año 2003 se produjo un brote de viruela del mono en Estados Unidos, como resultado del tráfico de animales silvestres. En estos contextos los animales se encuentran en estrecho contacto, encerrados en jaulas, encadenados, desnutridos, sufren estrés. Todo ello provoca inmunodepresión en ellos y predispone a que las enfermedades de unas especies se transmitan a otras (Ortiz, 2020).

Algunos virus son propios de una especie, lo que significa que pueden vivir en el animal sin ocasionarle enfermedad, por tanto, se constituyen en su reservorio natural. Sin embargo, los virus se caracterizan por la facilidad de mutar e infectar a otras especies donde se puede manifestar la enfermedad. Así, el virus dentro de la especie receptora aumenta su virulencia y la rapidez con que se transmite (Ortiz, 2020).

Epidemias similares han surgido en situaciones de explotación de animales como SARS, el H7N9, el H1N1 (Ortiz, 2020) o los casos de los virus de Nipah y de la rabia en Asia (Kulkarni et al., 2013; Yibrah & Damtie, 2015).

- Caza y consumo de animales silvestres:

Diferentes zonas del continente africano se dedican a la caza y consumo de animales silvestres como los monos, que constituyen una fuente de proteínas dentro de su dieta alimenticia (Quiner et al., 2017; Sklenovska & Van Ranst, 2018). Esto ocasiona la exposición a reservorios de virus como el MPXV.

La incursión del ser humano en áreas forestales, el tráfico de especies, la caza y consumo de animales silvestres proporcionan las condiciones necesarias para la evolución o filogenética del virus MPXV (Silva et al., 2020; Petersen et al., 2019; Sklenovská et al.,2018), por ende, su diseminación. Asimismo, vulneran los derechos de la persona como el derecho a un ambiente sano y a la salud.

Derecho a un ambiente sano

Parece que el ser humano ve a los recursos naturales como bienes de uso y consumo inmediato, pasando por alto que la explotación desmesurada de la biodiversidad, como el tráfico de animales silvestres, pone en peligro de extinción las especies y por ende el equilibrio de su ecosistema donde él se hace víctima de esta degradación. Así, Francisco (2015) menciona que el verdadero desarrollo supone prestar atención a la persona y al mundo natural.

Derecho a la salud

Por otro lado, el bien común es un principio central en la ética social, lo que significa el respeto de

los derechos básicos de toda persona como el bienestar social, la salud, etc. (Francisco, 2015).

El consumo de animales silvestres, la destrucción de áreas forestales y el tráfico de especies al contribuir a la propagación de enfermedades emergentes y reemergentes se plantean como amenazas para la salud global (Cuestas & Minassian, 2020).

Conclusiones

Han pasado 64 años para que el MPXV se pueda propagar por todo el mundo desde su aislamiento en 1958, se inició con epidemias en África, no se le dio la debida importancia, ocasionando una zoonosis reemergente. Es necesario identificar cuál es su reservorio natural, así como todos los factores epidemiológicos.

La evolución del MPXV se puede constatar en la presencia de polimorfismo genómico, pérdida de genes, etc. Hasta llegar al clado IIb, causante del brote del año 2022. En los eventos mutacionales han intervenido factores como: barreras biogeográficas, variaciones climáticas drásticas y acciones humanas que han influido en la distribución de reservorios del virus y en la divergencia de clados.

Dentro de las acciones humanas que han condicionado la filogenética del virus se encuentran: la destrucción de áreas forestales, consumo de animales silvestres y el tráfico de especies. Estas además de degradar el ambiente, proporcionan las condiciones para que los virus de diferentes especies puedan transmitirse a la persona y generar zoonosis que pongan en riesgo la salud pública.

El cuidado de la casa común implica hacer un uso racional de los recursos naturales y velar por los derechos de toda persona, por tanto, es fundamental para evitar la propagación de enfermedades zoonóticas como la viruela del mono, porque disminuye las condiciones mutacionales del virus y por ende su virulencia y transmisión.

Referencias

Alakunle, E., Moens, U., Nchinda, G., & Ifeanyi, M. (2020). Monkeypox Virus in Nigeria: Infection Biology, Epidemiology, and Evolution. *Viruses*, 12(11), 1-29. https://doi.org/10.3390/v12111257

Angelo, K. M., Petersen, B. W., Hamer, D. H., Schwartz, E., & Bunette, G. (2019). Monkeypox transmission among international travellers-serious monkey business? *Journal of travel medicine*, 26(5), 1-2. https://doi.org/10.1093/jtm/taz002

Auwal I., Kabuga, A., & El Zowalaty, M. (2018). A review of the monkeypox virus and a recent outbreak of skin rash disease in Nigeria. *Journal of medical virology*, 91(4), 533-540. https://doi.org/10.1002/jmv.25348

Bahar, M. W., Graham, S. C., Chen, R. A., Cooray, S., Smith, G. L., Stuart, D. I., & Grimes, J. M. (2011). How vaccinia virus has evolved to subvert the host immune response. *Journal of structural biology*, 175(2), 127–134. https://doi.org/10.1016/j.jsb.2011.03.010

Beer, E.M, & Rao, V. B. (2019). A systematic review of the epidemiology of human monkeypox outbreaks and implications for outbreak strategy. *PloS Neglected Tropical Diseases*, 13 (10), 2 - 20. https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0007791

Centre for Disease Control and Prevention. (2019). About Monkeypox. Center of Disease Control and Prevention. https://bit.ly/3PSfepc

Cuestas, M. L., & Minassian, M. L. (2020). Virus emergentes y reemergentes: un nuevo reto para la

salud mundial del milenio. *Revista Argentina de microbiologia*, 52(1), 1–3. https://doi.org/10.1016/j.ram.2020.02.001

Damon I. K. (2011). Status of human monkeypox: clinical disease, epidemiology and research. *Vaccine*, 29 Suppl 4, D54–D59. https://doi.org/10.1016/j.vaccine.2011.04.014

Damon, I., Roth, C., & Chowdhary, V. (2006). Discovery of monkey pox in Sudan. *The new England journal of medicine*, 355(9), 962-963. https://doi.org/10.1056/NEJMc060792

eBioMedicine. (2022). Monkeypox virus outbreak: can evolution guide us to new treatments or vaccines? *EBioMedicine*, 82,1-2. https://doi.org/10.1016/j.ebiom.2022.104221

Faye, O., Pratt, C. B., Faye, M., Fall, G., Chitty, J. A., Diagne, M. M., Wiley, M. R., Yinka-Ogunleye, A. F., Aruna, S., Etebu, E. N., Aworabhi, N., Ogoina, D., Numbere, W., Mba, N., Palacios, G., Sall, A. A., & Ihekweazu, C. (2018). Genomic characterisation of human monkeypox virus in Nigeria.*The Lancet. Infectious diseases*, 18(3), 246. https://doi.org/10.1016/S1473-3099(18)30043-4

Francisco, P. (2015). *Laudato SI' [Carta encíclica].* https://bit.ly/2FpS87S

Global Health Team. (9 de septiembre del 2022). Monkeypox 2022 global epidemiology; Report 2022-09-06. Global Health a Data Science Initiative. https://bit.ly/3WqSr6m

Gómez, L.M. (2020). Desafío ambiental: enseñanzas a partir de la COVID-19. *Medisan*, 24(4), 728-743. https://bit.ly/3WIRk1HGonder, M., Disotell, T.R., & Oates, J.F. (2006). New Genetic Evidence on the Evolution of Chimpanzee Populations and Implications for Taxonomy. *International Journal of Primatology*, 27, 1103–1127. https://doi.org/10.1007/s10764-006-9063-y

Gong, Q., Wang, C., chiua, X., & chiu, S. (2022). Monkeypox virus: a re-emergent threat to humans. *Virologica Sinica*, 37(4), 477-482. https://doi.org/10.1016/j.virs.2022.07.006

Haffer J. (1969). Speciation in amazonian forest birds. *Science (New York, N.Y.)*, 165(3889), 131–137. https://doi.org/10.1126/science.165.3889.131

Haffer, J. (1997). Alternative models of vertebrate speciation in Amazonia: an overview. Biodiversity and Conservation, 6, 451–476. https://doi.org/10.1023/A:1018320925954

Hendrickson, R. C., Wang, C., Hatcher, E. L., & Lefkowitz, E. J. (2010). Orthopoxvirus genome evolution: the role of gene loss. *Viruses*, 2(9), 1933–1967. https://doi.org/10.3390/v2091933

International Committee on Taxonomy of Viruses. (2009). Family: Poxviridae ICTV 9th Report (2011). International Committee on Taxonomy of Viruses. https://bit.ly/3WHkqi7

Isidro, J., Borges, V., Pinto, M. et al. (2022). Phylogenomic characterization and signs of microevolution in the 2022 multi-country outbreak of monkeypox virus. *Nature Medicine*, 28, 1569–1572. https://doi.org/10.1038/s41591-022-01907-y

Jezek, Z., Grab, B., Paluku, K. M., & Szczeniowski, M. V. (1988). Human monkeypox: disease pattern, incidence and attack rates in a rural area of northern Zaire. *Tropical and geographical medicine*, 40(2), 73–83.

Kugelman, J.R., Johnston, S.C., Mulembakani, P.M., Kisalu, N., Lee, M.S., Koroleva, G., McCarthy, S.E., Wolfe, N.D., Fair, J.N., Schneider, B.S., Wright, L.L., Huggins, J., Whitehouse, C.A., Wemakoy, E.O., Muyembe-Tamfum,, J.J., Hensley, L.E., Palacios, G.F., & Rimoin, A.W. (2014). Genomic variability of monkeypox virus among humans, Democratic Republic of the Congo. *Emerging infectious diseases*, 20(2), 232-239. https://doi.org/10.3201/eid2002.130118

Kulkarni, D. D., Tosh, C., Venkatesh, G., & Senthil Kumar, D. (2013). Nipah virus infection: current scenario. *Indian journal of virology: an official organ of Indian Virological Society*, 24(3), 398–408. https://doi.org/10.1007/s13337-013-0171-y

Kumar, N., Acharya, A., Gendelman, H., & Byrareddy, S. (2022). The 2022 outbreak and the pathobiology of the monkeypox virus. *Journal of Autoimmunity,* 131, 1-8. https://doi.org/10.1016/j.jaut.2022.102855

Ladnyj, I. D., Ziegler, P., & Kima, E. (1972). A human infection caused by monkeypox virus in Basankusu Territory, Democratic Republic of the Congo. *National library of medicine*, 46(5), 593-597.

Lash, A., Davidson, W.B., Smith, S.K., Levine, R.S., Regnery, R.L., Sammons, S.A., Frace, F.A., Mutasim, E.M., Karsani, M., Muntasir, M.O., Babiker, A.A., Opoka, L., Chowdhary, V., & Damon, I.K. (2013). Phylogenetic and ecologic perspectives of a monkeypox outbreak, southern Sudan, 2005. *Emerging infectious diseases*, 19(2). https://doi.org/10.3201/eid1902.121220

Luna, N., Ramírez, A. L., Muñoz, M., Ballesteros, N., Patiño, L. H., Castañeda, S. A., Bonilla-Aldana, D. K., Paniz-Mondolfi, A., & Ramírez, J. D. (2022). Phylogenomic analysis of the monkeypox virus (MPXV) 2022 outbreak: Emergence of a novel viral lineage? *Travel medicine and infectious disease*, 49, 2-6. https://doi.org/10.1016/j.tmaid.2022.102402

Nakazawa, Y., Mauldin, M. R., Emerson, G. L., Reynolds, M. G., Lash, R. R., Gao, J., Zhao, H., Li, Y., Muyembe, J. J., Kingebeni, P. M., Wemakoy, O., Malekani, J., Karem, K. L., Damon, I. K., & Carroll, D. S. (2015). A phylogeographic investigation of African monkeypox. *Viruses*, 7(4), 2168–2184. https://doi.org/10.3390/v7042168

Narendra, K., Arpan, A., Howard, E., Gendelman, Siddappa, N., & Byrareddy. (2022). The 2022 outbreak and the pathobiology of the monkeypox virus. *Journal of Autoinmunity*, 131, 1-8. https://doi.org/10.1016/j.jaut.2022.102855

Nigeria Centre for Disease Control and Prevention (2018). An update of monkeypox outbreak in Nigeria. Nigeria CDC. https://bit.ly/3YShJfi

Nigeria Centre for Disease Control and Prevention. (2017). Monkeypox outbreak response — interim national guidelines — October 2017. Federal Ministry of Health - Nigeria Centre for Disease Control. https://bit.ly/3I3El6L

Ortiz, G. (2020). Pandemias, zoonosis y comercio de animales silvestres. *Revista de Bioética y Derecho*, 50, 19-35. https://bit.ly/3hQrt9h

Peter, O.J., Kumar, S., Kumari, N. et al. (2022). Transmission dynamics of Monkeypox virus: a mathematical modelling approach. *Modeling Earth Systems and Environment*. 8, 3423–3434 (2022). https://doi.org/10.1007/s40808-021-01313-2

Petersen, B., Kabamba, J., McCollum, A., Lushima, R., Wemakoy, E., Muyembe, J., Nguete, B., Monroe, B., & Reynolds, M. (2019). Vaccinating against monkeypox in the Democratic Republic of the Congo. *Antiviral research*, 162, 171-177. https://doi.org/10.1016/j.antiviral.2018.11.004

Petersen, E., Abubakar, I., Ihekweazu, C., Heymann, D., Ntoumi, F., Blumberg, L., Asogun, D., Mukonka, V., Lule, S., Bates, M., Honeyborne, I., Mfinanga, S., Mwaba, P., Dar, O., Vairo, F., Mukhtar, M., Kock, R., McHugh, T., Ippolito, G., & Zumla, A. (2018). Monkeypox — Enhancing public health preparedness for an emerging lethal human zoonotic epidemic threat in the wake of the smallpox post-eradication era. *International Journal of Infectious Diseases*, 78, 78-84. https://doi.org/10.1016/j.ijid.2018.11.008

Public Health in England. (8 de septiembre de 2018). Monkeypox case in England. GOV.UK https://bit.ly/2MjYyox

Quiner, C. A., Moses, C., Monroe, B. P., Nakazawa, Y., Doty, J. B., Hughes, C. M., McCollum, A. M., Ibata, S., Malekani, J., Okitolonda, E., Carroll, D. S., & Reynolds, M. G. (2017). Presumptive risk factors for monkeypox in rural communities in the Democratic Republic of the Congo. *PloS one*, 12(2), e0168664. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0168664

Radonić, A., Dabrowski, P., Couacy-Hymann, E., Schuenadel, L., Kurth, A., Mätz-Rensing, K., Leendertz, F.H., & Nitsche, A. (2012). Fatal monkeypox in wild-living sooty mangabey, Côte d'Ivoire. *Emerging infectious diseases*, 20(6), 1009-1011. https://doi.org/10.3201/eid2006.13-1329

Rimoin, A., Kisalu, N., Kebela, B., Mukaba, T., Wright, L., Formenty, P., Wolfe, N., Loshima, R., Tshioko, F., Okitolonda, E., Muyembe, J., Ryder, R., & Meyer, H. (2007). Endemic Human Monkeypox, Democratic Republic of Congo, 2001–2004. *Emerging infectious diseases*, 13(6), 934–937. https://doi.org/10.3201/eid1306.061540

Rimoin, A., Mulembakan Mulembakani, P., Johnston, S., Lloyd, J., Neville, S., & Timothee, K. (2010). Major increase in human monkeypox incidence 30 years after smallpox vaccination campaigns cease in the Democratic Republic of Congo. *The Pediatric Infectious Disease Journal*, 107(37), 16262–16267. https://doi.org/10.1073/pnas.1005769107

Schunke, A.C., & Hutterer, R. (2004). The variance of variation: Geographic patters of coat colouration in Anomalurops and Anomalurus (Mammalia, Rodentia, Anomalouridae). *Bonner zoologische Beiträge*, 53, 169–185.

Shchelkunov, S. N., Totmenin, A. V., Babkin, I. V., Safronov, P. F., Ryazankina, O. I., Petrov, N. A., Gutorov, V. V., Uvarova, E. A., Mikheev, M. V., Sisler, J. R., Esposito, J. J., Jahrling, P. B., Moss, B., & Sandakhchiev, L. S. (2001). Human monkeypox and smallpox viruses: genomic comparison. *FEBS letter*, 506(1), 66-70. https://doi.org/10.1016/s0014-5793(01)03144-1

Silva, N. I. O., de Oliveira, J. S., Kroon, E. G., Trindade, G. S., & Drumond, B. P. (2020). Here, There, and Everywhere: The Wide Host Range and Geographic Distribution of Zoonotic Orthopoxviruses. *Viruses*, 13(1), 43. https://doi.org/10.3390/v13010043

Sklenovska, N., & Van Ranst, M. (2018). Emergence of Monkeypox as the Most Important Orthopoxvirus Infection in Humans. *Frontiers in Public Health*, 6, 1-12. https://doi.org/10.3389/fpubh.2018.00241

Tatay, J., & Muñoz, J., (2021). Degradación del medio ambiente y pandemias, perspectivas para el diálogo entre la teología y la biología de la conservación. *Revista de teología y pastoral de la caridad*. 13 (177). 8-35. https://bit.ly/3GkeZ3l

Von Magnus, P., Andersen, E.K., K.B, & Birch-Andersen, A. (1959). Pox-like Disease in Cynomolgus Monkeys. *Acta Pathologica Microbiologica Scandinavica*, 46 (2), 156-176. https://doi.org/10.1111/j.1699-0463.1959.tb00328.x

Wang, L., Shang, J., Weng, S., Aliyari, S. R., Ji, C., Cheng, G., & Wu, A. (2022). Genomic annotation and molecular evolution of monkeypox virus outbreak in 2022. *Journal of Medical Virology*, 95, 1-7. https://doi.org/10.1002/jmv.28036

Weaver, J.R., & Isaacs, S.N. (2008). Monkeypox virus and insights into its immunomodulatory proteins. *Inmunological Reviews*, 225, 96-113. https://doi.org/10.1111/j.1600-065X.2008.00691.x

World Health Organization. (1999). Technical Advisory Group on Human Monkeypox (1999). World

Health Organization. https://bit.ly/3vf7nIW

World Health Organization. (2022). Monkeypox: experts give virus variants new names. World Health Organization. https://bit.ly/3WIr5bJWorld Health Organization. (2018). Monkeypox Key facts. World Health Organization. https://bit.ly/30dlIVu

References

1. Alakunle, E., Moens, U., Nchinda, G., & Ifeanyi, M. (2020). Monkeypox Virus in Nigeria: Infection Biology, Epidemiology, and Evolution. Viruses, 12(11), 1-29. https://doi.org/10.3390/v12111257
2. Angelo, K. M., Petersen, B. W., Hamer, D. H., Schwartz, E., & Bunette, G. (2019). Monkeypox transmission among international travellers-serious monkey business? Journal of travel medicine, 26(5), 1-2. https://doi.org/10.1093/jtm/taz002
3. Auwal I., Kabuga, A., & El Zowalaty, M. (2018). A review of the monkeypox virus and a recent outbreak of skin rash disease in Nigeria. Journal of medical virology, 91(4), 533-540. https://doi.org/10.1002/jmv.25348
4. Bahar, M. W., Graham, S. C., Chen, R. A., Cooray, S., Smith, G. L., Stuart, D. I., & Grimes, J. M. (2011). How vaccinia virus has evolved to subvert the host immune response. Journal of structural biology, 175(2), 127–134. https://doi.org/10.1016/j.jsb.2011.03.010
5. Beer, E.M, & Rao, V. B. (2019). A systematic review of the epidemiology of human monkeypox outbreaks and implications for outbreak strategy. PloS Neglected Tropical Diseases, 13 (10), 2 - 20. https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0007791
6. Centre for Disease Control and Prevention. (2019). About Monkeypox. Center of Disease Control and Prevention. https://bit.ly/3PSfepc
7. Cuestas, M. L., & Minassian, M. L. (2020). Virus emergentes y reemergentes: un nuevo reto para la salud mundial del milenio. Revista Argentina de microbiologia, 52(1), 1–3. https://doi.org/10.1016/j.ram.2020.02.001
8. Damon I. K. (2011). Status of human monkeypox: clinical disease, epidemiology and research. Vaccine, 29 Suppl 4, D54–D59. https://doi.org/10.1016/j.vaccine.2011.04.014
9. Damon, I., Roth, C., & Chowdhary, V. (2006). Discovery of monkey pox in Sudan. The new England journal of medicine, 355(9), 962-963. https://doi.org/10.1056/NEJMc060792
10. eBioMedicine. (2022). Monkeypox virus outbreak: can evolution guide us to new treatments or vaccines? EBioMedicine, 82,1-2. https://doi.org/10.1016/j.ebiom.2022.104221
11. Faye, O., Pratt, C. B., Faye, M., Fall, G., Chitty, J. A., Diagne, M. M., Wiley, M. R., Yinka-Ogunleye, A. F., Aruna, S., Etebu, E. N., Aworabhi, N., Ogoina, D., Numbere, W., Mba, N., Palacios, G., Sall, A. A., & Ihekweazu, C. (2018). Genomic characterisation of human monkeypox virus in Nigeria.The Lancet. Infectious diseases, 18(3), 246. https://doi.org/10.1016/S1473-3099(18)30043-4
12. Francisco, P. (2015). Laudato SI' [Carta encíclica]. https://bit.ly/2FpS87S
13. Global Health Team. (9 de septiembre del 2022). Monkeypox 2022 global epidemiology; Report 2022-09-06. Global Health a Data Science Initiative. https://bit.ly/3WqSr6m
14. Gómez, L.M. (2020). Desafío ambiental: enseñanzas a partir de la COVID-19. Medisan, 24(4), 728-743. https://bit.ly/3WIRk1HGonder, M., Disotell, T.R., & Oates, J.F. (2006). New Genetic Evidence on the Evolution of Chimpanzee Populations and Implications for Taxonomy. International Journal of Primatology, 27, 1103–1127. https://doi.org/10.1007/s10764-006-9063-y
15. Gong, Q., Wang, C., chiua, X., & chiu, S. (2022). Monkeypox virus: a re-emergent threat to humans. Virologica Sinica, 37(4), 477-482. https://doi.org/10.1016/j.virs.2022.07.006
16. Haffer J. (1969). Speciation in amazonian forest birds. Science (New York, N.Y.), 165(3889), 131–137. https://doi.org/10.1126/science.165.3889.131
17. Haffer, J. (1997). Alternative models of vertebrate speciation in Amazonia: an overview. Biodiversity and Conservation, 6, 451–476. https://doi.org/10.1023/A:1018320925954
18. Hendrickson, R. C., Wang, C., Hatcher, E. L., & Lefkowitz, E. J. (2010). Orthopoxvirus

genome evolution: the role of gene loss. Viruses, 2(9), 1933–1967. https://doi.org/10.3390/v2091933
19. International Committee on Taxonomy of Viruses. (2009). Family: Poxviridae ICTV 9th Report (2011). International Committee on Taxonomy of Viruses. https://bit.ly/3WHkqi7
20. Isidro, J., Borges, V., Pinto, M. et al. (2022). Phylogenomic characterization and signs of microevolution in the 2022 multi-country outbreak of monkeypox virus. Nature Medicine, 28, 1569–1572. https://doi.org/10.1038/s41591-022-01907-y
21. Jezek, Z., Grab, B., Paluku, K. M., & Szczeniowski, M. V. (1988). Human monkeypox: disease pattern, incidence and attack rates in a rural area of northern Zaire. Tropical and geographical medicine, 40(2), 73–83.
22. Kugelman, J.R., Johnston, S.C., Mulembakani, P.M., Kisalu, N., Lee, M.S., Koroleva, G., McCarthy, S.E., Wolfe, N.D., Fair, J.N., Schneider, B.S., Wright, L.L., Huggins, J., Whitehouse, C.A., Wemakoy, E.O., Muyembe-Tamfum,, J.J., Hensley, L.E., Palacios, G.F., & Rimoin, A.W. (2014). Genomic variability of monkeypox virus among humans, Democratic Republic of the Congo. Emerging infectious diseases, 20(2), 232-239. https://doi.org/10.3201/eid2002.130118
23. Kulkarni, D. D., Tosh, C., Venkatesh, G., & Senthil Kumar, D. (2013). Nipah virus infection: current scenario. Indian journal of virology: an official organ of Indian Virological Society, 24(3), 398–408. https://doi.org/10.1007/s13337-013-0171-y
24. Kumar, N., Acharya, A., Gendelman, H., & Byrareddy, S. (2022). The 2022 outbreak and the pathobiology of the monkeypox virus. Journal of Autoimmunity, 131, 1-8. https://doi.org/10.1016/j.jaut.2022.102855
25. Ladnyj, I. D., Ziegler, P., & Kima, E. (1972). A human infection caused by monkeypox virus in Basankusu Territory, Democratic Republic of the Congo. National library of medicine, 46(5), 593-597.
26. Lash, A., Davidson, W.B., Smith, S.K., Levine, R.S., Regnery, R.L., Sammons, S.A., Frace, F.A., Mutasim, E.M., Karsani, M., Muntasir, M.O., Babiker, A.A., Opoka, L., Chowdhary, V., & Damon, I.K. (2013). Phylogenetic and ecologic perspectives of a monkeypox outbreak, southern Sudan, 2005. Emerging infectious diseases, 19(2). https://doi.org/10.3201/eid1902.121220
27. Luna, N., Ramírez, A. L., Muñoz, M., Ballesteros, N., Patiño, L. H., Castañeda, S. A., Bonilla-Aldana, D. K., Paniz-Mondolfi, A., & Ramírez, J. D. (2022). Phylogenomic analysis of the monkeypox virus (MPXV) 2022 outbreak: Emergence of a novel viral lineage? Travel medicine and infectious disease, 49, 2-6. https://doi.org/10.1016/j.tmaid.2022.102402
28. Nakazawa, Y., Mauldin, M. R., Emerson, G. L., Reynolds, M. G., Lash, R. R., Gao, J., Zhao, H., Li, Y., Muyembe, J. J., Kingebeni, P. M., Wemakoy, O., Malekani, J., Karem, K. L., Damon, I. K., & Carroll, D. S. (2015). A phylogeographic investigation of African monkeypox. Viruses, 7(4), 2168–2184. https://doi.org/10.3390/v7042168
29. Narendra, K., Arpan, A., Howard, E., Gendelman, Siddappa, N., & Byrareddy. (2022). The 2022 outbreak and the pathobiology of the monkeypox virus. Journal of Autoinmunity, 131, 1-8. https://doi.org/10.1016/j.jaut.2022.102855
30. Nigeria Centre for Disease Control and Prevention (2018). An update of monkeypox outbreak in Nigeria. Nigeria CDC. https://bit.ly/3YShJfi
31. Nigeria Centre for Disease Control and Prevention. (2017). Monkeypox outbreak response — interim national guidelines — October 2017. Federal Ministry of Health - Nigeria Centre for Disease Control. https://bit.ly/3I3El6L
32. Ortiz, G. (2020). Pandemias, zoonosis y comercio de animales silvestres. Revista de Bioética y Derecho, 50, 19-35. https://bit.ly/3hQrt9h
33. Peter, O.J., Kumar, S., Kumari, N. et al. (2022). Transmission dynamics of Monkeypox virus: a mathematical modelling approach. Modeling Earth Systems and Environment. 8, 3423–3434 (2022). https://doi.org/10.1007/s40808-021-01313-2
34. Petersen, B., Kabamba, J., McCollum, A., Lushima, R., Wemakoy, E., Muyembe, J., Nguete, B., Monroe, B., & Reynolds, M. (2019). Vaccinating against monkeypox in the Democratic Republic of the Congo. Antiviral research, 162, 171-177. https://doi.org/10.1016/j.antiviral.2018.11.004

35. Petersen, E., Abubakar, I., Ihekweazu, C., Heymann, D., Ntoumi, F., Blumberg, L., Asogun, D., Mukonka, V., Lule, S., Bates, M., Honeyborne, I., Mfinanga, S., Mwaba, P., Dar, O., Vairo, F., Mukhtar, M., Kock, R., McHugh, T., Ippolito, G., & Zumla, A. (2018). Monkeypox — Enhancing public health preparedness for an emerging lethal human zoonotic epidemic threat in the wake of the smallpox post-eradication era. International Journal of Infectious Diseases, 78, 78-84. https://doi.org/10.1016/j.ijid.2018.11.008
36. Public Health in England. (8 de septiembre de 2018). Monkeypox case in England. GOV.UK https://bit.ly/2MjYyox
37. Quiner, C. A., Moses, C., Monroe, B. P., Nakazawa, Y., Doty, J. B., Hughes, C. M., McCollum, A. M., Ibata, S., Malekani, J., Okitolonda, E., Carroll, D. S., & Reynolds, M. G. (2017). Presumptive risk factors for monkeypox in rural communities in the Democratic Republic of the Congo. PloS one, 12(2), e0168664. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0168664
38. Radonić, A., Dabrowski, P., Couacy-Hymann, E., Schuenadel, L., Kurth, A., Mätz-Rensing, K., Leendertz, F.H., & Nitsche, A. (2012). Fatal monkeypox in wild-living sooty mangabey, Côte d'Ivoire. Emerging infectious diseases, 20(6), 1009-1011. https://doi.org/10.3201/eid2006.13-1329
39. Rimoin, A., Kisalu, N., Kebela, B., Mukaba, T., Wright, L., Formenty, P., Wolfe, N., Loshima, R., Tshioko, F., Okitolonda, E., Muyembe, J., Ryder, R., & Meyer, H. (2007). Endemic Human Monkeypox, Democratic Republic of Congo, 2001–2004. Emerging infectious diseases, 13(6), 934–937. https://doi.org/10.3201/eid1306.061540
40. Rimoin, A., Mulembakan Mulembakani, P., Johnston, S., Lloyd, J., Neville, S., & Timothee, K. (2010). Major increase in human monkeypox incidence 30 years after smallpox vaccination campaigns cease in the Democratic Republic of Congo. The Pediatric Infectious Disease Journal, 107(37), 16262–16267. https://doi.org/10.1073/pnas.1005769107
41. Schunke, A.C., & Hutterer, R. (2004). The variance of variation: Geographic patters of coat colouration in Anomalurops and Anomalurus (Mammalia, Rodentia, Anomalouridae). Bonner zoologische Beiträge, 53, 169–185.
42. Shchelkunov, S. N., Totmenin, A. V., Babkin, I. V., Safronov, P. F., Ryazankina, O. I., Petrov, N. A., Gutorov, V. V., Uvarova, E. A., Mikheev, M. V., Sisler, J. R., Esposito, J. J., Jahrling, P. B., Moss, B., & Sandakhchiev, L. S. (2001). Human monkeypox and smallpox viruses: genomic comparison. FEBS letter, 506(1), 66-70. https://doi.org/10.1016/s0014-5793(01)03144-1
43. Silva, N. I. O., de Oliveira, J. S., Kroon, E. G., Trindade, G. S., & Drumond, B. P. (2020). Here, There, and Everywhere: The Wide Host Range and Geographic Distribution of Zoonotic Orthopoxviruses. Viruses, 13(1), 43. https://doi.org/10.3390/v13010043
44. Sklenovska, N., & Van Ranst, M. (2018). Emergence of Monkeypox as the Most Important Orthopoxvirus Infection in Humans. Frontiers in Public Health, 6, 1-12. https://doi.org/10.3389/fpubh.2018.00241
45. Tatay, J., & Muñoz, J., (2021). Degradación del medio ambiente y pandemias, perspectivas para el diálogo entre la teología y la biología de la conservación. Revista de teología y pastoral de la caridad. 13 (177). 8-35. https://bit.ly/3GkeZ3l
46. Von Magnus, P., Andersen, E.K., K.B, & Birch-Andersen, A. (1959). Pox-like Disease in Cynomolgus Monkeys. Acta Pathologica Microbiologica Scandinavica, 46 (2), 156-176. https://doi.org/10.1111/j.1699-0463.1959.tb00328.x
47. Wang, L., Shang, J., Weng, S., Aliyari, S. R., Ji, C., Cheng, G., & Wu, A. (2022). Genomic annotation and molecular evolution of monkeypox virus outbreak in 2022. Journal of Medical Virology, 95, 1-7. https://doi.org/10.1002/jmv.28036
48. Weaver, J.R., & Isaacs, S.N. (2008). Monkeypox virus and insights into its immunomodulatory proteins. Inmunological Reviews, 225, 96-113. https://doi.org/10.1111/j.1600-065X.2008.00691.x
49. World Health Organization. (1999). Technical Advisory Group on Human Monkeypox (1999). World Health Organization. https://bit.ly/3vf7nIW
50. World Health Organization. (2022). Monkeypox: experts give virus variants new names. World Health Organization. https://bit.ly/3WIr5bJWorld Health Organization. (2018). Monkeypox Key facts. World Health Organization. https://bit.ly/30dlIVu