



UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO

POSGRADO EN CIENCIAS BIOLÓGICAS

FACULTAD DE CIENCIAS

ECOLOGÍA

**ANÁLISIS COMPARATIVO Y FILOGENÉTICO SOBRE LA SUSCEPTIBILIDAD DE
LAS AVES A LA INFECCIÓN POR VIRUS DEL OESTE DEL NILO**

TESIS

QUE PARA OPTAR POR EL GRADO DE:

MAESTRA EN CIENCIAS BIOLÓGICAS

PRESENTA:

MARÍA JOSÉ TOLSÁ GARCÍA

**TUTOR PRINCIPAL DE TESIS: DR. GERARDO SUZÁN AZPIRI
FACULTAD DE MEDICINA VETERINARIA Y ZOOTECNIA. UNAM**

COMITÉ TUTOR:

DR. JORGE HUMBERTO VEGA RIVERA. INSTITUTO DE BIOLOGÍA. UNAM

DRA. MARISA MAZARI HIRIART. INSTITUTO DE ECOLOGÍA. UNAM

MÉXICO, D.F. Febrero 2014



Universidad Nacional
Autónoma de México



UNAM – Dirección General de Bibliotecas
Tesis Digitales
Restricciones de uso

DERECHOS RESERVADOS ©
PROHIBIDA SU REPRODUCCIÓN TOTAL O PARCIAL

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

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



UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO

POSGRADO EN CIENCIAS BIOLÓGICAS

FACULTAD DE CIENCIAS

ECOLOGÍA

**ANÁLISIS COMPARATIVO Y FILOGENÉTICO SOBRE LA SUSCEPTIBILIDAD DE
LAS AVES A LA INFECCIÓN POR VIRUS DEL OESTE DEL NILO**

TESIS

QUE PARA OPTAR POR EL GRADO DE:

MAESTRA EN CIENCIAS BIOLÓGICAS

PRESENTA:

MARÍA JOSÉ TOLSÁ GARCÍA

**TUTOR PRINCIPAL DE TESIS: DR. GERARDO SUZÁN AZPIRI
FACULTAD DE MEDICINA VETERINARIA Y ZOOTECNIA. UNAM**

COMITÉ TUTOR:

DR. JORGE HUMBERTO VEGA RIVERA. INSTITUTO DE BIOLOGÍA. UNAM

DRA. MARISA MAZARI HIRIART. INSTITUTO DE ECOLOGÍA. UNAM

MÉXICO, D.F. Febrero 2014



UNIVERSIDAD NACIONAL
AUTÓNOMA DE
MÉXICO

POSGRADO EN CIENCIAS BIOLÓGICAS
FACULTAD DE CIENCIAS
DIVISIÓN DE ESTUDIOS DE POSGRADO

OFICIO FCIE/DEP/644/13

ASUNTO: Oficio de Jurado

Dr. Isidro Ávila Martínez
Director General de Administración Escolar, UNAM
Presente

Me permito informar a usted que en la reunión ordinaria del Comité Académico del Posgrado en Ciencias Biológicas, celebrada el día **30 de septiembre de 2013** se aprobó el siguiente jurado para el examen de grado de **MAESTRA EN CIENCIAS BIOLÓGICAS** del (la) alumno (a) **TOLSÁ GARCÍA MARÍA JOSÉ** con número de cuenta **512012861** con la tesis titulada "**Análisis comparativo y filogenético sobre la susceptibilidad de las aves a la infección por Virus del Oeste del Nilo**", realizada bajo la dirección del (la) **DR. GERARDO SUZÁN AZPIRI**:

Presidente: DR. ADOLFO GERARDO NAVARRO SIGÜENZA
Vocal: DR. JORGE ERNESTO SCHONDUBE FRIEDEWOLD
Secretario: DR. JORGE HUMBERTO VEGA RIVERA
Suplente: DRA. MARÍA DEL CORO ARIZMENDI ARRIAGA
Suplente: DRA. ANA CECILIA ESPINOSA GARCÍA

Sin otro particular, me es grato enviarle un cordial saludo.

Atentamente
"POR MI RAZA HABLARA EL ESPÍRITU"
Cd. Universitaria, D.F., a 28 de noviembre de 2013

Dra. María del Coro Arizmendi Arriaga
Coordinadora del Programa



MCAA/MJFM/ASR/ipp

AGRADECIMIENTOS

Quisiera agradecer al Posgrado en Ciencias Biológicas por haberme brindado la oportunidad de estudiar en este programa de estudios; el cual me permitió continuar con mi desarrollo dentro de la investigación, una de mis más grandes pasiones. Durante mis estudios de maestría tuve la oportunidad de conocer a maestros brillantes y entusiastas que compartieron conmigo sus conocimientos, me ayudaron a desarrollar mis habilidades y me enseñaron a abrir mi mente hacia nuevos horizontes. Muchas gracias a mis maestros: Andrés García Aguayo, Diego Pérez Salicrup, Enrique Martínez Meyer, Ian Macgregor Fors, María del Coro Arizmendi Arriaga, Jorge Ernesto Schondube Friedewold, Jorge Humberto Vega Rivera, Katherine Renton, Miroslav Macek y Patricia Bonilla Lemus.

Así mismo, quisiera agradecer al Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACYT) por el apoyo económico brindado para poder realizar mis estudios de maestría.

A mi comité tutor por el apoyo y la dedicación brindados, sin los cuales este trabajo de tesis no hubiera podido realizarse.

Quiero expresar mi más sincero agradecimiento y admiración a mi tutor el Dr. Gerardo Suzán por todo su apoyo, disposición, confianza, consejos, entusiasmo y respeto por mis ideas y opiniones. Por su preocupación para vincularme hacia actividades extracurriculares. Y finalmente por ser un gran amigo en los momentos alegres y difíciles, lo cual sin duda es invaluable para mí.

Gracias mil a mi asesor externo el Dr. Gabriel García Peña por el apoyo, el tiempo, la paciencia y dedicación para la realización de esta investigación. Sin su valiosa ayuda el desarrollo y la culminación de este trabajo no hubieran sido posibles. Por las largas horas de conversación tratando de que comprendiera toda la información. Por ser un gran amigo, y finalmente gracias por ser el genio de la lámpara mágica que hace que tus deseos científicos se hagan realidad.

A la Dra. Marisa Mazari por su preocupación por que el trabajo se desarrollara de la mejor manera posible, por sus revisiones profundas en los escritos y por sus acertadas observaciones que hicieron que abriera mi mente a nuevas posibilidades.

Al Dr. Jorge Vega por la confianza depositada en mi, el tiempo dedicado, el apoyo y las enseñanzas que me brindó; gracias a sus comentarios y ejercicios de reflexión que me ayudaron a comprender mejor la información manejada.

A los miembros del jurado por las valiosas aportaciones que realizaron para mejorar mi tesis.

AGRADECIMIENTOS A TÍTULO PERSONAL

A toda mi maravillosa familia Tolsá, García, Báez y Bravo; aunque no entiendan en su totalidad mi carrera siempre me apoyan. Especialmente a mi mamá la luz que ilumina mi vida, por apoyarme en todas mis excentricidades científicas y por escucharme en las situaciones tristes. A mi papá, por darme la fortaleza para luchar por mis sueños y por su incondicional apoyo en mi carrera. A mis hermanos Rodrigo y Alejandra por su ayuda y comprensión. A mi abue por consentirme siempre. Y finalmente a todos mis tíos por su apoyo moral y financiero.

A mis amigos Gerardo y Gabriel Evelia Valdominos, André Rubio, Alejandro Meléndez, Ana, María Bárbara Morales, Laura Núñez, Elvia Pérez, Elena Landeros, Erika Martínez, Krisna Alvarez, Abigail Ramírez, Fabián Correa, Lourdes Palacios y a la familia Arriaga por haberme brindado su apoyo, consejos y sugerencias en esta etapa en mi vida. A todo el equipo de trabajo de Ecología de Enfermedades (Chankanab) por ser un grupo triangular que disfruta de participar en seminarios, actividades deportivas, terapias de relajación y actividades vinculadas hacia la vida loca.

A todos muchas gracias.

DEDICATORIA

Dedicado a mi papá José Arturo Tolsá y Orozco

ÍNDICE

	Página
Resumen	12
Abstract	14
Introducción	16
Objetivos	29
Antecedentes	30
Métodos	31
Resultados	40
Discusión	55
Conclusiones	65
Literatura citada	67
Anexo I. Estudios caso	77
Anexo II. Especies de Aves analizadas	88

ÍNDICE DE FIGURAS

	Página
Figura 1. Susceptibilidad a la enfermedad esta relacionada con la historia filogenética de las especies.	18
Figura 2. Mapa de la distribución mundial de los linajes del VON.	21
Figura 3. Ciclo de transmisión del VON.	22
Figura 4. Mapa localidades estudiadas.	40
Figura 5. Diferencias en prevalencias entre países estudiados.	42
Figura 6. Órdenes analizados para VON en el estudio.	43
Figura 7. Familias analizadas para VON en el estudio.	44
Figura 8. Diferencias en susceptibilidad entre familias.	45
Figura 9. Las 10 especies de aves con valores de susceptibilidad más altos.	46
Figura 10. Diferencias en prevalencia entre familias.	47
Figura 11. Las 10 especies de aves con valores de prevalencia más altos.	48
Figura 12. Valores de K para susceptibilidad.	52
Figura 13. Valores de K para susceptibilidad.	53
Figura 14. Mapa preliminar de riesgo en México.	54

ÍNDICE DE CUADROS

	Página
Cuadro 1. Cronología de la actividad del VON en el mundo.	20
Cuadro 2. Especies de vertebrados positivas para VON.	24
Cuadro 3. Casos de VON reportados en México animales y humanos.	27
Cuadro 4. Especies de mosquitos positivos a VON presentes en México.	28
Cuadro 5. Países que conforman el estudio.	41
Cuadro 6. Especies altamente susceptibles a la infección por VON.	49

RESUMEN

Las enfermedades infecciosas son un problema de salud importante que debe ser abordado desde diferentes perspectivas, una de ellas es mediante el uso de métodos comparativos filogenéticos. A diferencia de los métodos estadísticos convencionales, los métodos de análisis comparativo consideran la similitud de las especies debido a que tienen un ancestro común y por lo tanto comparten características biológicas. Para los sistemas de enfermedad, se puede sugerir que las especies relacionadas presenten similitud en sus relaciones con sus patógenos.

Para examinar lo anterior se propuso como modelo la susceptibilidad a la infección por Virus del Oeste del Nilo (VON) por ser un patógeno de importancia mundial para la salud pública y de conservación de la vida silvestre, el cual en años recientes ha aumentado su incidencia y distribución. El objetivo general fue determinar si existen diferencias en la susceptibilidad a la infección por VON en la clase Aves mediante un estudio comparativo y filogenético.

El estudio consistió en un análisis bibliográfico y global de estudios de campo que reportaran evidencia de infección de VON en las aves considerando datos provenientes de diferentes pruebas diagnósticas como la serología y aislamiento del VON o parte de su ARN. Se examinó si existían diferencias en las prevalencias del VON entre métodos de diagnóstico del virus (aislamiento y serología), se analizó si había diferencias en las prevalencias reportadas entre niveles taxonómicos (órdenes, familias y géneros). Se realizó un análisis para detectar a las especies de aves con una mayor susceptibilidad a la infección (Cuartil 1) y finalmente se compararon las prevalencias reportadas considerando las relaciones filogenéticas entre la especies de aves con una Prueba de Kappa (K).

Se consideraron 84 estudios de caso abarcando los años 1959 a 2012, comprendiendo 26 países y 143 localidades de los cuales se examinaron 779 especies de aves y se obtuvieron 3615 observaciones. Se registraron 527 especies susceptibles a la infección, se encontraron diferencias significativas a nivel de familia, se consideraron 56 especies altamente susceptibles a la infección por VON y finalmente se encontró una señal filogenética baja ($K= 0.07$) en la susceptibilidad a la infección.

Para México se identificaron 311 especies de aves susceptibles a la infección por VON, 41 de las cuales son consideradas altamente susceptibles a la infección. Con base en lo anterior se propuso un mapa preliminar de riesgo.

Posterior a esta investigación se concluyó que la susceptibilidad de las especies está poco relacionada con la posición filogenética de las Aves y que el VON parece infectar de manera similar a todos sus grupos taxonómicos. La baja señal filogenética en la susceptibilidad sugiere que la infección al VON es respuesta a factores independientes de la filogenia de las aves como las preferencias alimenticias de los mosquitos vectores hacia las aves, a la capacidad de los mosquitos para multiplicar al virus y posteriormente transmitirlo a las aves, a la filogenia del virus y a factores ecológicos de las aves como la migración o la dieta.

ABSTRACT

Infectious diseases are an important health issue that must be addressed from different perspectives, one of them is by using phylogenetic comparative methods. The main feature is that they do not consider the species as independent identities, because the species are similar to their common ancestor and thus, share biological characteristics. For systems of disease, it can be suggested that related species present similarity in their relationships with their pathogens.

To examine the above, it was proposed as a model the susceptibility to infection by West Nile Virus (WNV) because is a pathogen of global importance for public health and wildlife conservation, and recently has increased its incidence and distribution. The overall objective was to determine whether there are differences in susceptibility to infection with WNV in the class Aves by comparative and phylogenetic study.

The study consisted of a literature review and global analysis of field studies that reported evidence of WNV infection in birds, considering data from different diagnostic tests, such as serology and isolation or part of its RNA of WNV. We examined whether there were differences in the prevalence of WNV between virus diagnostic methods (isolation and serology), we examined whether there were differences in the prevalence reported among taxonomic levels (orders, families and genera). Analysis was performed to detect bird species with highly susceptibility to infection (Quartile 1) and finally compared the prevalences reported considering the phylogenetic relationships among the species of birds with a Kappa test (K).

I considered 84 case studies covering the years 1959-2012, comprising 26 countries and 143 locations, which examined 779 species of birds and 3615 observations were obtained. We recorded 527 species susceptible to infection and significant differences were found at the family level, 56 species are considered highly susceptible to WNV infection and finally it was found a low phylogenetic signal ($K = 0.07$) in the susceptibility to infection.

Regarding the results for Mexico, it was identified 311 bird species susceptible to WNV infection, 41 of which are considered highly susceptible to infection. Based on the above, it was proposed a preliminary risk map.

After this research I concluded that susceptibility of the species is poorly related to the phylogenetic position of Aves and WNV appears to infect similarly all taxonomic groups. The low phylogenetic signal in susceptibility to WNV infection suggests that is a response to ecological factors such as food preferences of mosquitoes to birds, the ability of mosquitoes to multiply and subsequently transmit the virus to birds, the phylogeny of virus and ecological factors of birds such as migration or diet.

INTRODUCCIÓN

En años recientes se ha detectado un aumento en la incidencia de las enfermedades infecciosas emergentes (EIE), las cuales se caracterizan por un aumento en su distribución geográfica o en el número de especies que afectan. Son causadas por patógenos zoonóticos, agentes capaces de producir enfermedad en humanos, animales silvestres y domésticos y plantas (Bradley y Altizer 2006; Salkeld *et al.* 2013).

El estudio de las EIE es de gran importancia, ya que representan una amenaza para la salud pública a nivel global. Se estima que cada año mueren 13 millones de humanos a causa de alguna enfermedad infecciosa (Cohen 2000). Así mismo, la economía es otro aspecto que se ve afectado por la actividad de patógenos zoonóticos; por ejemplo, para el sistema de salud, los brotes de poliomielitis (Polivirus) en países africanos tuvieron un costo de 850 millones de dólares americanos del 2003 al 2009 (Klepac *et al.* 2013).

En cuanto a la conservación de la vida silvestre, las EIE pueden provocar la disminución de las poblaciones hospedadoras, como ocurrió en 1938, donde se registró una mortalidad del 75 al 90% de las poblaciones esponjas en el Caribe cuya causa aparente se debió a un hongo el cual no fue identificado (Kim *et al.* 2005).

Debido a la importancia de las enfermedades infecciosas emergentes, recientemente se han comenzado a buscar explicaciones para determinar la variación interespecífica de las especies en su competencia como reservorios de patógenos zoonóticos (la capacidad de las especies para multiplicar el virus e

infectar a un mosquito vector) en áreas como la ecología y la historia de vida de las especies (Zheng *et al.* 2013). Además, en estos estudios se ha reconocido el papel que desempeña el cambio evolutivo en la generación y mitigación de los riesgos de los patógenos a la biodiversidad (Altizer *et al.* 2003).

El estudio de las EIE y sus dinámicas de transmisión ha sido realizado a través de trabajos de campo y experimentales; no obstante, aún existe una considerable incertidumbre acerca de los mecanismos que intervienen en la transmisión de los patógenos. Dichos estudios se han realizado a escala local o regional y se han focalizado hacia especies hospederas clave. Por ejemplo, en muchos casos se desconoce la identidad de las especies que se infectan, enferman y mueren a causa de un patógeno en particular, así como las repercusiones en la salud humana y la conservación de las poblaciones silvestres.

La identificación de especies susceptibles y sus dinámicas de transmisión puede ser abordada a través del uso de métodos comparativos filogenéticos, los cuales son aproximaciones muy poderosas para entender patrones generales de convergencia y diversificación, permiten tener un alto nivel de generalidad y analizar un gran número de especies provenientes de extensas áreas geográficas y por largos periodos de tiempo (Arneberg 2011; Freckleton *et al.* 2011). Además, son más robustos para hacer inferencias debido a que incorporan información de los cambios experimentados por las especies a lo largo de su evolución (Chamberlain *et al.* 2012; Rohlf 2006).

Una de las principales características de los métodos comparativos filogenéticos es que consideran la historia evolutiva de las especies y sus relaciones con su ancestro común. Debido a que las especies emparentadas provienen del mismo ancestro, éstas comparten características morfológicas, funcionales y ecológicas

(Cadotte *et al.* 2010; Felsenstein 1985; Garland y Adolph 1994; Harvey y Pagel 1991). Consecuentemente, puede sugerirse que las especies cercanamente relacionadas pueden presentar similitud ecológica en su competencia como reservorios de patógenos zoonóticos debido a que tienen nichos ecológicos con características funcionales e interacciones ecológicas similares (Figura 1) (Gómez *et al.* 2010; Srivastava *et al.* 2012).

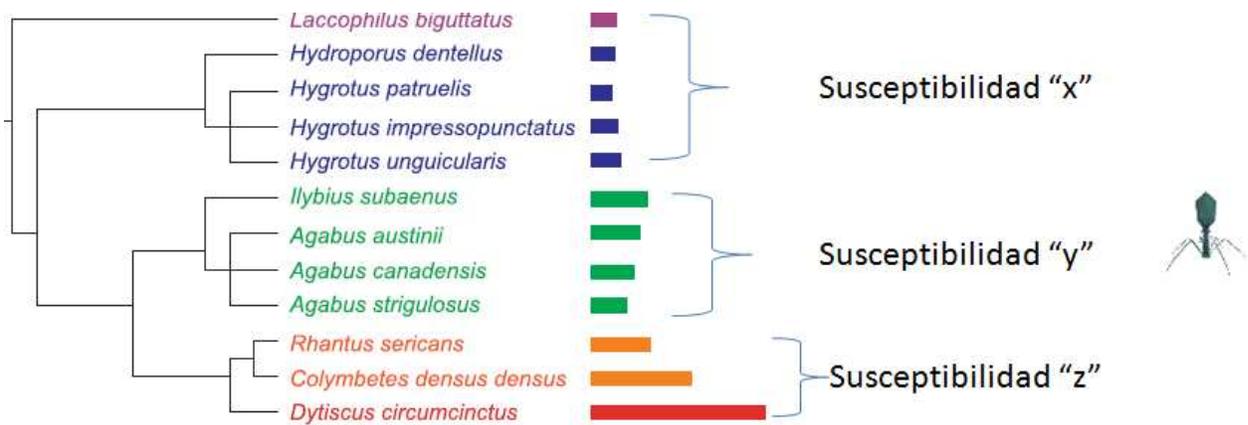


Figura 1. La susceptibilidad a la enfermedad está relacionada con la historia filogenética de las especies. Especies relacionadas filogenéticamente tendrán susceptibilidades a la enfermedad similares con respecto a las especies poco relacionadas (Modificado de Vamosi *et al.* 2001).

Con el fin de emplear el uso de métodos comparativos filogenéticos en el estudio de las EIE, se utilizó como modelo la susceptibilidad a la infección de la clase Aves al Virus del Oeste del Nilo (VON). La susceptibilidad a la infección es un factor de suma importancia para el estudio de las dinámicas de infección de las EIE, es un elemento comúnmente evaluado en los estudios experimentales y marca la pauta para el desarrollo de otros factores epidemiológicos como los títulos de viremia y la mortalidad (Komar *et al.* 2003). En general, se espera que

las diferentes especies de reservorios varíen en su susceptibilidad y disponibilidad para replicar a patógenos específicos (Ostfeld y Keesing 2012).

Virus del Oeste de Nilo

El VON fue aislado por primera vez en 1937 en Uganda y posteriormente en África, Asia y Europa (Brault 2009). Su introducción en América fue en la ciudad Nueva York en 1999 y desde ese año se ha propagado en toda América (Loroño-Pino *et al.* 2003; Cruz *et al.* 2005; Chisenhall y Mores 2009; Rappole *et al.* 2000). Estudios puntuales reportan la presencia de VON en: Jamaica, Cuba y México (Dupuis *et al.* 2003); Puerto Rico y Cuba (Dupuis *et al.* 2005); Argentina (Díaz *et al.* 2008); Venezuela (Bosh *et al.* 2007) y Guatemala (Morales-Betoulle *et al.* 2013) (Cuadro 1).

Cuadro 1. Cronología de la actividad del VON en el mundo

Año	País	Organismo
1937	Uganda	Humanos (1)
1950	África del Norte y Oeste Medio	Humanos (1)
1957	Israel	Humanos (8)
1959	Israel	Aves (14)
1960	Egipto y Francia	Equinos (1)
1974	Sudáfrica	Humanos -10 000 casos (1)
1994	Argelia	Humanos (8)
1996	Rumania	Humanos -500 casos (13)
1997	Mediterráneo, Rusia y Australia; Israel*	Humanos y equinos (1); Aves (1)*
1998	Italia	Caballos(8)
1999	Rusia ; Nueva York*	Humanos (8); aves y humanos (6)*
2000	Francia, Israel*	Humanos (8); humanos (13)
2001	Rusia	Humanos (13)
2002	Canadá, Estados Unidos ;México*	Aves (11); Aves (2), caballos (4)*
2003	Reino Unido; México*; El Salvador**; Túnez	Aves (8); Caballos , aves*; Caballos**; Humanos (13)
2004	Estados Unidos, España, Francia	Aves (11)
2005	Estados Unidos, México, Rusia, Japón, Polonia, Korea, Alemania	Aves (11)
2006	Estados Unidos, Rusia, Colombia; México*; Argentina**	Aves (11); Caballo y mosquitos (3)*, Aves (12)
2007	Estados Unidos, Polonia	Aves (11)
2008	Italia	Humanos (8)
2010	España	Humanos y caballos (8)
2010	Grecia	Humanos (13)
2011	Italia, Canadá*	Humanos, caballos, mosquitos (10); Aves (11)
2012	Estados Unidos; Grecia, Ucrania, Rusia, Túnez, Palestina, Israel*	Humanos (6); Humanos- 907 casos (9)*

(1) Komar 2003; (2) Fernández-Salas *et al.* 2007; (3) Ibarra-Juárez *et al.* 2012; (4) Loroño-Pino *et al.* 2003; (5) Autorino *et al.* 2002; (6) CDC 2012; (7) Sambri *et al.* 2013; (8) ECDC 2012; (9) Mulati 2012; (10) CCWHC; (11) Díaz *et al.* 2008; (12) Kramer *et al.* 2008; (13) Serafeim *et al.* 2013; (14) Akov y Goldwasser 1966.

Características del Virus del Oeste del Nilo

Este virus consiste en una cadena simple de ARN perteneciente a la familia Flaviviridae género Flavivirus. Se ha sugerido la existencia de siete linajes genéticos distintos (Figura 2). Además, se encuentra relacionado con el serocomplejo de la encefalitis Japonesa, el dengue, la fiebre amarilla y la encefalitis de San Louis (Calistri *et al.* 2010; Kramer *et al.* 2008).

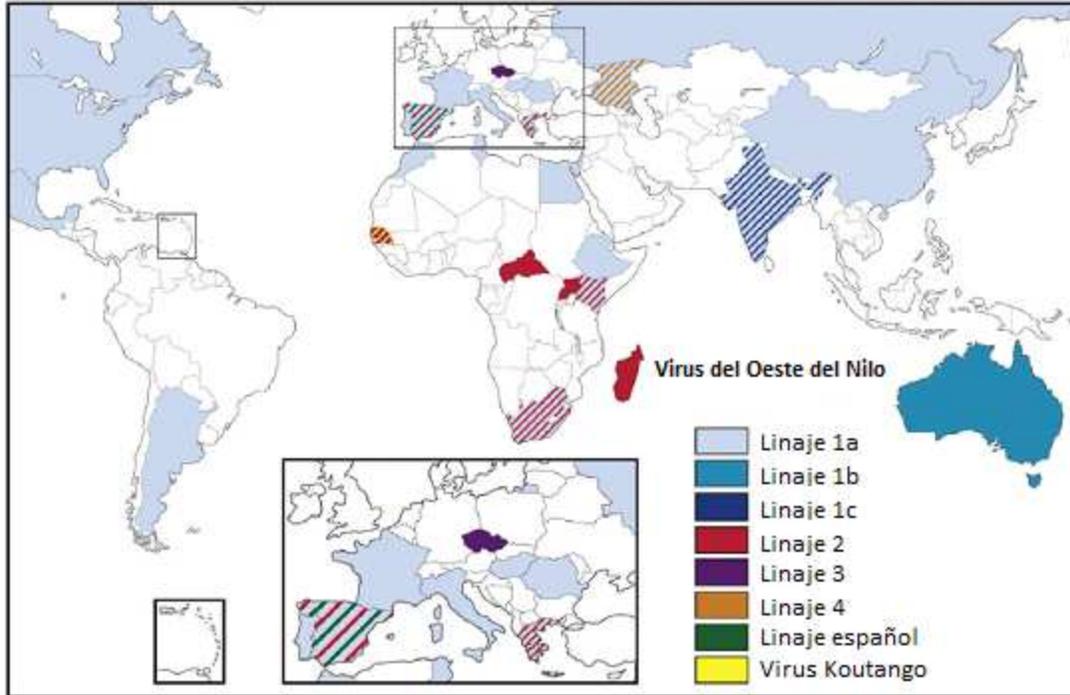


Figura 2. Mapa de la distribución mundial de los linajes del Virus del Oeste del Nilo. Tomado de Pesko y Ebel (2012).

Ciclo de transmisión del Virus del Oeste del Nilo

El ciclo de transmisión del VON es complejo y comprende dos ciclos distintos de transmisión: un ciclo enzoótico que involucra a los vectores y a los huéspedes aviáres, y un ciclo secundario que implica a otros hospederos entre los que se encuentran los humanos (Berrocal *et al.* 2006) (Figura 3). La forma más común de exposición al VON es a través de la picadura de un mosquito infectado.

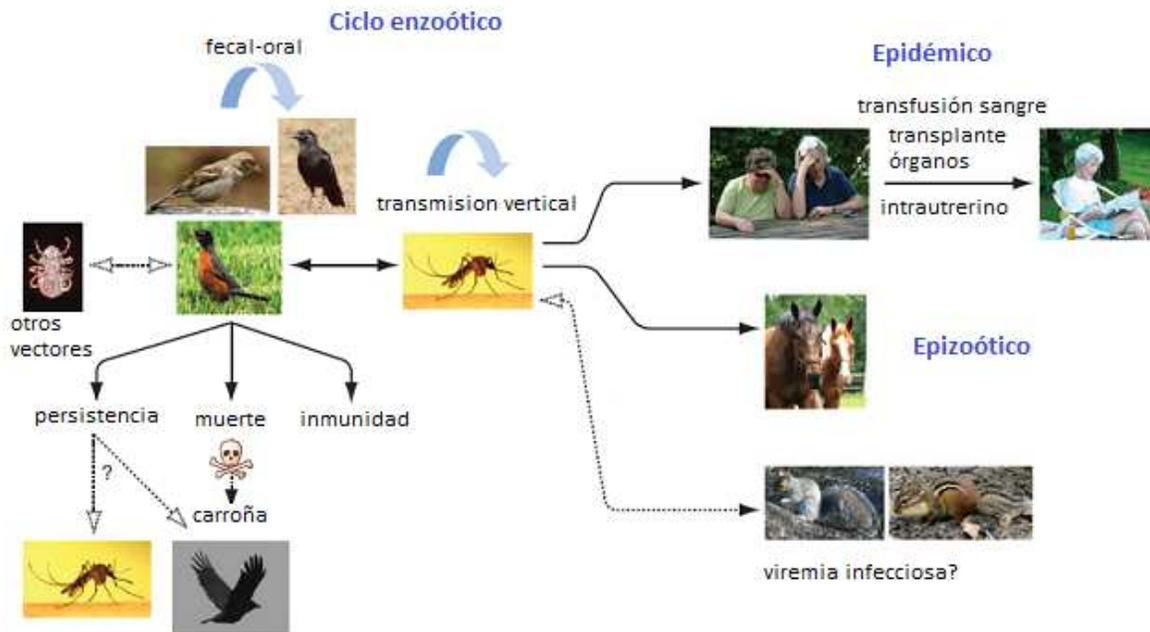


Figura 3. Ciclo de transmisión del VON. Se pueden observar dos ciclos diferentes el enzoótico o de amplificación que involucra a los mosquitos vectores y los hospederos aviares; así como, un segundo ciclo conformado por hospederos finales (hombre) y un posible ciclo de amplificación por parte de hospederos competentes mamíferos entre los que se encuentran las ardillas. Tomado de Kramer *et al.* (2008).

Aproximadamente, 64 especies de mosquitos han sido encontrados positivos para VON, entre los principales géneros se encuentran los *Culex*, *Aedes* y *Anopheles* (Calistri *et al.* 2010; CDC 2012). No obstante, también se han documentado otros ciclos alternativos de transmisión como transmisión directa ave-ave (Komar *et al.* 2003) y la transmisión vertical en mosquitos (Kilpatrick *et al.* 2007).

La diversidad de hospederos del VON es extremadamente amplia, este virus es capaz de infectar vertebrados (Cuadro 2) y artrópodos y dentro de los primeros, las aves son hospederos amplificadores; es decir, multiplican eficientemente las poblaciones virales (Ciuderis-Aponte 2009; Glaser 2004). Aproximadamente 326 especies diferentes de aves han muerto en Estados Unidos asociadas a la infección por el virus y se ha sugerido que la susceptibilidad a la infección, la capacidad de contacto, la amplificación y la transmisión del virus varían

ampliamente entre las especies, lo cual se ha comprobado en estudios experimentales y de campo (CDC 2012; Komar et al. 2003).

Sin embargo, el entendimiento de cómo la susceptibilidad a la enfermedad y la exposición interactúan a través de las taxa de las aves es extremadamente pobre. Aún no hay conocimiento con respecto a los mecanismos genéticos o patológicos de la susceptibilidad de las aves al VON; aunque, se ha sugerido que la susceptibilidad a la mortalidad está relacionada con varios factores incluyendo la historia filogenética de las especies de aves. Se ha reconocido que el orden de los Passeriformes tienden a ser hospederos competentes del VON y dentro de éstos el grupo de los cuervos ha mostrado una alta susceptibilidad a la infección y mortalidad por este virus (Bradley *et al.* 2008; Brault 2009; Marra *et al.* 2004).

Cuadro 2. Especies de vertebrados positivas para VON

Taxa	Referencia
Mamíferos	
Ardillas (<i>Sciurus carolinensis</i> , <i>Sciurus niger</i> , <i>Tamias striatus</i>)	1
Caballos (<i>Equus caballus</i>)	1
Conejo doméstico (<i>Oryctologus cuniculus</i>)	1
Gato doméstico (<i>Felis cattus</i>)	1
Murciélagos (<i>Eptesicus fuscus</i> , <i>Myotis lucifugus</i>)	1
Zorrillo (<i>Mephitis mephitis</i>)	1
Lobo gris (<i>Canis lupus</i>)	2
Oveja (<i>Ovis domesticus</i>)	2
Cabra blanca (<i>Oreamnos americanus</i>)	2
Perro (<i>Canislupus familiaris</i>)	2
Oso negro (<i>Ursus americanus</i>)	4
Oso pardo (<i>Ursus arctos</i>)	4
Camello (<i>Camelus sp.</i>)	4
Vaca (<i>Bos primigenius</i>)	4
Jaguar (<i>Panthera onca</i>)	4
Coyote (<i>Canis latrans</i>)	4
Lemur (<i>Lemuriformes</i>)	4
Cerdo (<i>Sus scrofa</i>)	4
Babuino (<i>Papio sp.</i>)	4
Macaco cola de cerdo (<i>Macaca sp.</i>)	4
Zarigüeya (<i>Didelphis sp.</i>)	4
Reno (<i>Rangifer tarandus</i>)	4
Reptiles	
Cocodrilo del Mississippi (<i>Alligator mississippiensis</i>)*	2
Serpiente (<i>Thamnophis sirtalis</i>)	2
Tortuga (<i>Gopherus berlandieri</i> *; <i>Trachemys scripta</i>)**	2
Iguana (<i>Iguana iguana</i>)**	2
Cocodrilos del Nilo (<i>Crocodylus nyloticus</i>)*	3
Anfibios	
Ranas (<i>Rana ridibunda</i>)*; (<i>Rana catesbeiana</i>)**	2

(1) Komar 2003; (2) Marra *et al.* 2004; (3) Klenk *et al.* 2004; (4) Blitvich *et al.* 2008
 *considerados hospederos competentes; ** considerados hospederos incompetentes

Las aves migratorias y el Virus del Oeste del Nilo

Se ha sugerido que las aves migratorias pueden introducir al VON a nuevos territorios, lo cual ha sido apoyado por modelos geográficos y ecológicos; aunque la evidencia directa es rara y los mecanismos precisos permanecen desconocidos (Owen *et al.* 2006; Peterson *et al.* 2003, 2004; Rappole 2000); sin embargo,

también se ha mencionado que pueden confinar a los virus en áreas específicas ya que las migraciones son procesos que se encuentran establecidos (Tsan-Yuk *et al.* 2012). La disponibilidad para predecir la dispersión del VON y otras enfermedades infecciosas por las aves requiere un entendimiento de sus patrones de migración, los cuales son altamente complejos (Reed *et al.* 2003). Así, las aves desempeñan un papel fundamental en la ecología de las enfermedades que es poco entendido (Owen *et al.* 2006).

Virus del Oeste del Nilo en humanos

En cuanto a los seres humanos son considerados hospederos finales ya que desarrollan viremias moderadas y transitorias para infectar a los mosquitos (Dobson *et al.* 2006). Se han reportado más de 30 000 casos desde 1999 hasta la fecha en Estados Unidos. El periodo de incubación del VON en los humanos es aproximadamente de 2-14 días (Berrocal *et al.* 2006). El 80% de los pacientes infectados no presenta síntomas, el 20% desarrolla fiebre y menos del 1% de los pacientes desarrolla síntomas neurológicos variables (OIE 2011).

Virus del Oeste del Nilo en la conservación de las aves

Los impactos a corto y largo plazo del VON en la vida silvestre son poco conocidos; se ha estimado que el VON ha matado a decenas de miles de aves en el mundo y se sospecha que esta cifra puede ser de 10 a 100 veces más alta (LaDeau *et al.* 2007; Marra *et al.* 2004). Muchas de las especies que se han encontrado afectadas por el VON son especies que intervienen en procesos ecológicos importantes incluyendo: carroñeros, predadoras de nidos, dispensadoras de semillas y controladoras de poblaciones de insectos plaga (Kilpatrick *et al.* 2007).

Factores ecológicos asociados en la transición del Virus de Oeste del Nilo

Entre los principales factores ecológicos que intervienen en las dinámicas de transmisión del VON se encuentran: (a) el clima (DeGroot *et al.* 2008); (b) la diversidad, abundancia y densidad de las poblaciones de hospederos y vectores (Kilpatrick *et al.* 2007; Mackenzie y Goulet 2010); (c) la competencia de reservorios y vectores para amplificar el VON (Loss *et al.* 2009) y (d) cambios antropogénicos (Bradley y Altizer 2006; Bradley *et al.* 2008).

Virus del Oeste del Nilo en México

En México, el VON se detectó desde el 2002 y actualmente su presencia se reconoce en todo el país (Blitvich *et al.* 2003; OIE, 2010) (Cuadro 3). Sin embargo, la alta incidencia registrada en los Estados Unidos (CDC 2012) no se ha observado en México y Sudamérica y las razones aún permanecen desconocidas. Se han sugerido varias hipótesis entre las que se encuentran: (1) la co-circulación de Flavivirus endémicos de regiones tropicales como la encefalitis de San Luis, virus ilheus, virus rocio, virus bussuquara, virus del dengue (cuatro serotipos), la fiebre amarilla y el virus Cacipacore que pueden conferir protección cruzada de *Flavivirus* (Dupuis *et al.* 2003; Garza *et al.* 2010; Kramer *et al.* 2008; Farfán-Ale 2009; Murray *et al.* 2011). (2) La presencia de vectores poco competentes; es decir, mosquitos infectados que no sean capaces de amplificar el virus y transmitirlo a las aves con respecto a regiones templadas (Kramer *et al.* 2008). Esta hipótesis puede ser descartada para México, ya que en el país se ha documentado la presencia de 21 especies de mosquitos vectores del VON y dentro de éstas 8 especies son consideradas vectores competentes (Cuadro 4).

Cuadro 3. Casos de VON reportados en México en animales y humanos

Estados	Aves	Mamíferos	Reptiles	Humanos	Mosquitos
Baja California	X				
Chihuahua	X			X	
Coahuila	X	X			
Nuevo León	X	X		X	X
Querétaro	X				
Sonora	X			X	
Tabasco	X	X			
Tamaulipas	X				
Veracruz	X				
Yucatán	X	X	X		X

Blitvich *et al.* 2008; Loroño-Pino *et al.* 2003; Elizondo Quiroga *et al.* 2005, Farfán-Ale *et al.* 2006, Fernández-Salas *et al.* 2007, Hidalgo-Martínez *et al.* 2008, Ibarra-Juárez *et al.* 2012, Farfán-Ale *et al.* 2009, Farfán-Ale *et al.* 2010.

(3) La alta diversidad de aves en las zonas tropicales, la baja incidencia de VON en México y Sudamérica también se ha asociado a un “efecto de dilución” el cual sugiere que un incremento en la diversidad de especies podría impactar negativamente en la transmisión del VON si en esta hay una alta proporción de hospederos incompetentes que no producen suficiente viremia para infectar a los mosquitos (Brault 2009). (4) La existencia de un muestreo insuficiente o inadecuado, es posible que la mortalidad de aves en las zonas tropicales simplemente no sea notificada. Una mayor diversidad y abundancia de mangostas, carroñeros y hormigas en las zonas tropicales comparadas con las zonas templadas podrían reducir las oportunidades de que la mortalidad aviar sea detectada (Peterson *et al.* 2004).

Cuadro 4. Mosquitos positivos a VON presentes en México

No.	Especie de mosquito
1	<i>Aedes aegypti</i> *
2	<i>Aedes albopictus</i> *
3	<i>Aedes sollicitans</i>
4	<i>Aedes taeniorhynchus</i>
5	<i>Aedes trivittatus</i>
6	<i>Culex bahamensis</i>
7	<i>Culex coronator</i>
8	<i>Culex interrogator</i>
9	<i>Culex nigripalpus</i> *
10	<i>Culex pipiens pipiens</i> *
11	<i>Culex pipiens quinquefasciatus</i> *
12	<i>Culex quinquefasciatus</i> *
13	<i>Culex restuans</i>
14	<i>Culex tarsalis</i> *
15	<i>Culex thriambus</i>
16	<i>Deinocerites cancer</i>
17	<i>Mansonia titillans</i>
18	<i>Psorophora ciliata</i>
19	<i>Psorophora columbiae</i>
20	<i>Psorophora ferox</i> *
21	<i>Psorophora howardii</i>

(1) Farfán-Ale *et al.* 2009, (2) CDC 2012, (3) Farfán-Ale *et al.* 2010, (4) Díaz-Badillo *et al.* 2011, (5) Heinemann y Belkin 1977, (6) Ulloa *et al.* 2009. *Considerados vectores competentes (Sardelis *et al.* 2001; Goddard *et al.* 2003; Turell *et al.* 2005; Kilpatrick *et al.* 2010).

OBJETIVOS

General

Determinar si existen diferencias en la susceptibilidad a la infección por Virus del Oeste del Nilo en la clase Aves mediante un estudio comparativo y filogenético.

Particulares

- a) Identificar bibliográficamente cuáles son las especies de aves con reportes de infección por VON (seroprevalentes o muertas) a nivel mundial.
- b) Determinar si existe una correspondencia entre la distancia filogenética y la susceptibilidad a la infección por VON.
- c) Argumentar una perspectiva epidemiológica del VON en el México con base en la presencia de especies de aves susceptibles a VON en el país.

ANTECEDENTES

El uso de los métodos comparativos filogenéticos se ha enfocado principalmente a características como el tamaño corporal, la tasa metabólica, características morfológicas o el ámbito hogareño de las especies (Garland *et al.* 2005; Givnish 1987; Nunn y Barton 2001). Y actualmente representan una alternativa prometedora en la comprensión de las dinámicas de transmisión de las EIE, a través de la identificación de diferencias existentes entre las especies reservorios y la relación con sus parásitos.

Entre los estudios destacan los trabajos realizados por Nunn y colaboradores (2003) en donde evalúan la riqueza de especies de parásitos en primates a través de métodos comparativos. Así mismo, se encuentra el estudio realizado por Altizer y colaboradores (2003) en donde examinan la organización social de los mamíferos y su asociación con el riesgo a la susceptibilidad con sus parásitos.

Además, se encuentra un estudio experimental de Gilbert y Webb (2007) donde inocularon especies de plantas con diferentes distancias filogenéticas con patógenos fúngicos y sus resultados sugirieron que la dispersión de los patógenos y los impactos ecológicos dependen fuertemente de la estructura filogenética de las comunidades.

MÉTODOS

Datos

Para examinar la susceptibilidad de las especies de aves a la infección por VON; es decir, aves con registros de seroprevalencia o muertas, se realizó una búsqueda bibliográfica de la información disponible en el ámbito internacional sobre el VON en especies de aves silvestres y cautivas. La búsqueda bibliográfica se realizó en las bases de datos ISI web of Science, PubMed y en las Instituciones de Salud de Estados Unidos (CDC 2012 y USGS 2012), Canadá (CCWHC 2009-2012) y México (CENAVECE 2003). Las palabras clave utilizadas fueron: "West Nile Virus" y la clase "Aves". También se consideraron estudios publicados en revistas que no cumplieran con los criterios de inclusión, los cuales fueron: estudios que reportaran a las especies de aves susceptibles (datos de seroprevalencia, aislamiento y muerte), número de individuos analizados, proporción y/o número de individuos positivos o negativos; en cuanto a los criterios de exclusión fueron: reportes a nivel de órdenes, familias o géneros afectados, revisiones bibliográficas y estudios experimentales.

Con la información obtenida en la búsqueda bibliográfica se realizó una base de datos en la cual se registraron: especie, número de individuos analizados, prevalencia, país, coordenadas de la localidad de estudio y método de diagnóstico utilizado.

Un estudio de caso se definió como cada publicación considerada en el estudio; un registro independiente se consideró como cada dato obtenido en temporadas diferentes dentro de un mismo sitio de muestreo o a los registros que pertenecían a una misma temporada en diferentes sitios de muestreo por cada estudio caso.

Las observaciones fueron especificadas como cada dato obtenido por cada especie, por cada registro independiente, de esta manera se aseguraba que todas las observaciones eran independientes, ya que se consideraban diferentes años, sitios de muestreo y temporadas del año. Se tomaron en cuenta todas las especies examinadas en cada estudio de caso, aun si reportaban observaciones negativas o con números de muestra bajos.

La susceptibilidad a la infección por VON se definió como la frecuencia de infección por cada especie como resultado de una exposición y se analizó de dos formas diferentes, de acuerdo con la información obtenida en los estudios, esto se debe a que no todos los registros tenían la información requerida; es decir, reportaban a las especies afectadas por VON pero no especificaban el número de individuos analizados y el número o proporción de individuos positivos. No obstante, se consideró importante registrar a las especies que han sido analizadas para VON aunque no se contara con sus datos cuantitativos, ya que para los análisis filogenéticos es necesario maximizar el tamaño de muestra (número de especies de aves) para aumentar el poder estadístico (Chamberlain *et al.* 2012).

Primero se analizaron los datos de susceptibilidad (S), representada por datos nominales categorizados con base en una clave dicotómica para representar a la susceptibilidad de la siguiente manera: 0 para los individuos no infectados; es decir, sin evidencia de infección y 1 para los infectados analizados por seroprevalencia, aislamiento del virus o muerte. La forma en que se analizaron los datos (infectados vs no infectados) fue calculando la proporción de registros positivos (infectados) con respecto a los registros totales por especie. Esta aproximación nos proporciona información a nivel de especie.

Segundo, se analizó la prevalencia (P) y fue estimada como el número de individuos infectados entre el número de individuos diagnosticados multiplicado por 100. Para su análisis, los datos se estandarizaron como la proporción de individuos positivos a la infección; seroprevalencia, aislamiento del virus y muerte, por especie. La P es una aproximación a nivel población.

Los datos de seroprevalencia y aislamiento del virus proporcionan información diferente; sin embargo, ambos reflejan si existe evidencia de infección o contacto con el VON. La seroprevalencia es la proporción de individuos positivos con presencia de anticuerpos para VON e indican que la infección ocurrió recientemente mediante la detección de anticuerpos IgM o que se llevó a cabo algunos meses atrás con la detección de anticuerpos IgG; se ha sugerido que éstos últimos pueden ser detectados hasta un año posterior a la infección (Zeller y Schuffenecker 2004). Entre los análisis serológicos utilizados se encuentra el ELISA (Ensayo por Inmunoabsorción Ligado a Enzimas), PRNT (Prueba de Neutralización por Reducción de Placa) o kits comerciales actualmente disponibles. Estos métodos son las herramientas más importantes para el diagnóstico de la infección por VON y se basan en el desarrollo de anticuerpos específicos. Sin embargo, debido a la cercana relación antigénica del VON con otros Flavivirus los resultados deben ser interpretados cuidadosamente ya que pueden presentar reacciones cruzadas (Berrocal *et al.* 2008)

A diferencia de la seroprevalencia, el aislamiento del virus indica que el virus se encuentra en la sangre o en algún órgano del individuo en el momento de la toma de la muestra. El aislamiento del virus se realiza con la técnica de PCR (Reacción en Cadena de la Polimerasa). En la cual se amplifica o replica una parte específica del el ácido nucleico del virus (ARN) haciendo más eficiente la detección del VON.

Los nombres científicos de las aves se estandarizaron con base en el checklist de BirdLife International (2011). La presencia en México se determinó con base en Navarro y Gordillo (2006).

Análisis de datos

Susceptibilidad (datos nominales)

Para determinar la susceptibilidad de las especies se tomaron en cuenta todos los registros positivos y solo los registros negativos que tuvieran una $n > a$ 16 registros. Este umbral de selección se basó en la fórmula sugerida por Naing *et al.* (2006), la cual propone que el tamaño de muestra mínimo para detectar cambios en prevalencias del 1% es de 16 individuos.

$$SI = RP * 100 / RT$$

Donde: SI = Susceptibilidad inicial; RP = Número de registros positivos y RT= Registros totales.

Para el análisis de los datos fue necesario realizar una ponderación del valor de susceptibilidad obtenido para disminuir la variación dada por el número de registros por especie (1-57 registros). La ponderación de los valores de susceptibilidad se realizó con la siguiente fórmula:

$$SP = (\log_{10} (NRT)) - (\log_{10} (MRT))$$

Donde: SP = susceptibilidad ponderada, \log^{10} = logaritmo base 10, NRT = Número de registros totales por especie y MNT = Media del número de registros totales de todas las especies.

Debido a que los resultados de la fórmula anterior arrojaban números negativos se utilizó la siguiente fórmula para obtener únicamente números positivos.

$$S = SP + NM$$

S = susceptibilidad, NM = valor mínimo de SP

Datos de prevalencia (datos continuos)

Los datos de prevalencia indican cuántos individuos por especie se infectan con VON con respecto al total de individuos analizados (Margolis *et al.* 1982) y usualmente se expresan en forma de proporción porcentual, por lo que se calculó de la siguiente manera:

$$P = IP / IA * 100$$

Donde: P = prevalencia, IP = número de individuos positivos, IA = número de individuos analizados.

Debido a que las observaciones para los datos de prevalencia variaban ampliamente en el número de individuos analizados y las proporciones de prevalencia son sensibles al número de muestra (1 positivo / 1 analizado = 100 %), se calculó el número de muestra mínimo requerido para saber que la observación se encontraba adecuadamente representada. Se utilizó la fórmula propuesta por Naing et al (2006).

$$n = \frac{Z^2 P(1-P)}{d^2}$$

Donde: n = tamaño de muestra, Z = el estadístico para el nivel de confianza de 95% (1.96), P = prevalencia esperada expresada en forma de proporción (se tomó la prevalencia de cada observación) y d = precisión (0.05 %).

Se eliminaron aquellas observaciones en donde el número de individuos diagnosticados no era igual o mayor al número mínimo de muestra. Con las observaciones que se consideraron confiables se calculó la media de la prevalencia por especie.

Prevalencia por métodos de diagnóstico al Virus del Oeste del Nilo

Para poder examinar los datos que provenían de diferentes métodos de diagnóstico, primero se probó que no existían diferencias significativas entre prevalencias según los métodos de diagnóstico utilizados (serología y aislamiento del virus) en los diferentes estudios de caso. Se seleccionaron únicamente las especies que hubieran sido analizadas con los dos métodos y se realizó una prueba pareada de Wilcoxon. La prueba mostró que no existían diferencias significativas ($W = 971.5$, $df = 40$ $p = 0.3942$).

Prueba del Cuartil 1. Especies con alta susceptibilidad a la infección por VON

Para identificar a las especies con mayor susceptibilidad a la infección por VON se ordenaron las observaciones de P de manera descendente. Posteriormente se identificó a las especies que se encontraban dentro del Cuartil 1; es decir, las observaciones que se encontraran en la primera cuarta parte del total de observaciones y se tomó en cuenta sólo el valor de prevalencia más alto registrado por cada especie.

De las especies que se encontraron dentro del Cuartil 1 se colectó la información ecológica entre las que se encuentran: la dieta (carnívoros, frugívoros, granívoros, herbívoros, insectívoros, omnívoros), hábitat (acuático o terrestre) y distribución (América, África, Asia y Europa); las cuales se obtuvieron de la página web *All*

about birds del laboratorio de Cornell y de BirdLife International (2013). El estatus de conservación de las especies se obtuvo de la Lista Roja de la Unión Internacional para la Conservación de la Naturaleza (IUCN 2013).

Diferencias en la susceptibilidad y prevalencia entre taxa

Para examinar si existían diferencias en los datos de S y P entre los diferentes órdenes, familias y géneros representados se realizó una prueba Kruskal Wallis (Theodorsson-Norheim 1986).

Detección de señal filogenética en la susceptibilidad y prevalencia a la infección al Virus del Oeste del Nilo

La no independencia de las especies puede ser medida a través de la señal filogenética (Münkemüller *et al.* 2012), la cual describe el grado en el que las especies cercanas tienen características más similares con respecto a especies lejanas (Blomberg *et al.* 2003; Cooper *et al.* 2010; Srivastava *et al.* 2012). Para determinar si la susceptibilidad a la infección entre las aves está asociada a sus relaciones filogenéticas; es decir, si existen clados más propensos a la infección por VON, se realizó la prueba de Kappa "K" (Blomberg *et al.* 2003), la cual es un método de suma de cuadrados perfectos que expresa la intensidad de la señal filogenética comparando la variación observada de la característica (respuesta); es decir, los valores obtenidos de S y P con la variación esperada por las relaciones filogenéticas de las especies (esperada).

$$K = \frac{\text{valores}_{\text{observados}}}{\text{valores}_{\text{esperados}}}$$

La variación esperada se basa en una matriz de covariación derivada de la filogenia y bajo asunción del modelo evolutivo Browniano, el cual asume que el cambio de las características es gradual y se distribuye normalmente con una media de cero y varianza proporcional a la longitud de sus ramas (Díaz 2001, Felsenstein 1985).

Los valores de K cercanos a cero indican que las especies relacionadas filogenéticamente no comparten los mismos valores de la característica o que éstos varían muy poco entre las especies, mientras que valores de K iguales a 1 o mayores que sugieren que especies relacionadas comparten valores de característica similares y que la característica se distribuye bajo lo esperado por el modelo Browniano (Chamberlain *et al.* 2012).

Los análisis de S y P se realizaron por separado con base en dos topologías generales diferentes la de Ericson y la de Hackett que varían en el tiempo de diversificación y de acuerdo a un superárbol de ~ 10 000 especies de aves (Jetz *et al.* 2012).

Para rechazar la hipótesis nula de que VON afecta a las especies indiscriminadamente, se realizó una prueba de aleatorización. La prueba consistió en suponer que los valores de susceptibilidad y prevalencia cambian indiscriminadamente o muy poco en la filogenia, aleatorizando una vez el orden de las especies en la filogenia y al comparar la variación observada después de la aleatorización contra la variación empírica (manteniendo el orden original de las especies en la filogenia). Si la variación observada después de la aleatorización es considerablemente mayor que la variación empírica se considera que hay evidencia para rechazar la hipótesis de que el VON es indiscriminado; es decir,

que afecta a todas las especies de aves por igual sin importar su historia evolutiva, representada por su posición en la filogenia.

Los análisis filogenéticos fueron realizados con el paquete PICANTE (Phylocom Integration, Community Analyses, Null-models, Traits and Evolution) (Kembel *et al.* 2010). Todos los cálculos fueron realizados con el programa R.

RESULTADOS

Datos generales

Se revisaron aproximadamente 900 fuentes bibliográficas de las cuales se seleccionaron 84 estudios de caso, conformados por 80 artículos científicos y cuatro reportes de agencias de salud de Estados Unidos, Canadá y México (Anexo I). Los estudios abarcaron del año 1959 al 2012 y comprendieron 26 países y 143 localidades diferentes (Figura 4). El país con el mayor número de registros fue Estados Unidos con el 52% (109/201 registros) (Cuadro 5) y fue el que tuvo los valores de prevalencia más altos (Figura 5).

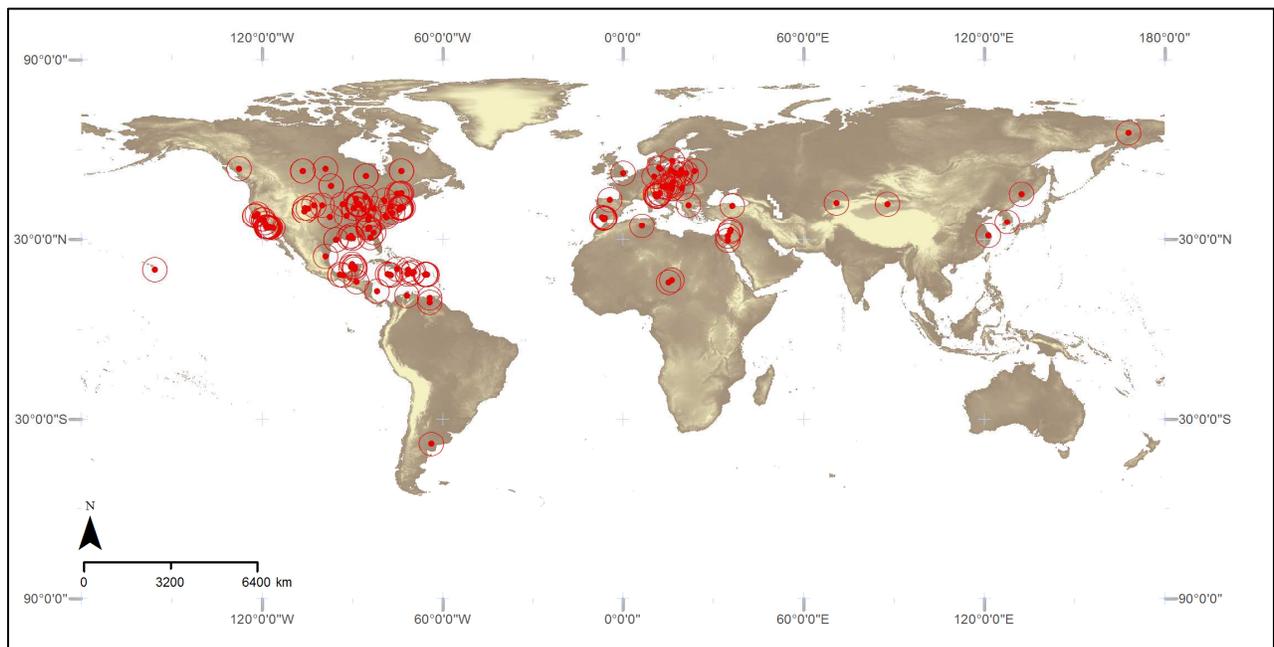


Figura 4. Mapa de las 143 localidades estudiadas (1959-2012) en donde se realizó la detección del Virus del Oeste del Nilo.

Cuadro 5. Países que conforman el estudio y su respectivo número de estudios de caso.

No.	País	Número de estudios de caso
1	Estados Unidos	35
2	Italia	5
3	México	4
4	España	3
5	Canadá	2
6	Republica Dominicana	2
7	Puerto Rico	2
8	Alemania	2
9	Polonia	1
10	Marruecos	1
11	Korea del Sur	1
12	Japón	1
13	Cuba	1
14	Turquía	1
15	Jamaica	1
16	Francia	1
17	Rusia	1
18	Colombia	1
19	República Checa	1
20	Reino Unido	1
21	Israel	1
22	Senegal	1
23	Grecia	1
24	Hungría	1
25	Austria	1
26	Venezuela	1

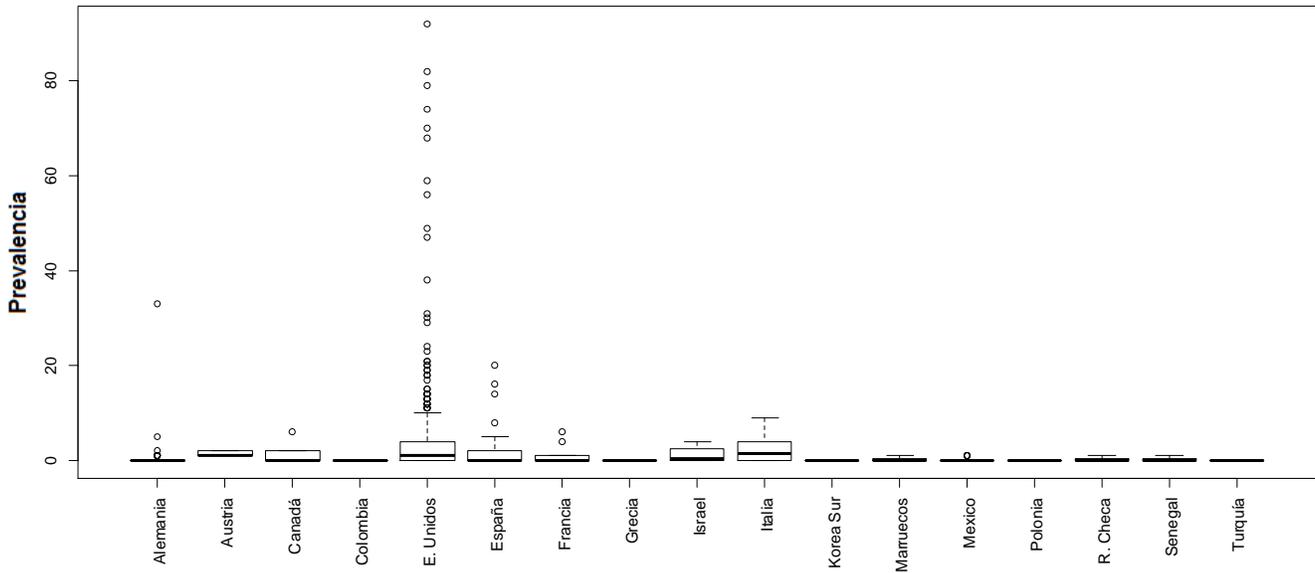


Figura 5. Diferencias en prevalencias entre los países (datos correspondientes a las observaciones representativas).

Los estudios de caso que conforman el análisis comprendieron diferentes escalas espaciales de muestreo, uso de suelo, hábitats, métodos de muestreo y diagnóstico y tipo de muestra obtenida.

El número de especies de aves analizadas para VON en los estudios de caso consultados fueron 779 (168, 000 individuos), pertenecientes a 28 órdenes, 95 familias y 328 géneros (Anexo II).

La representación de las diferentes especies de aves en los estudios de caso no fue homogéneo; para los órdenes (Figura 6). El orden que contenía un mayor número de especies fueron los Passeriformes; el cual, incluye más de la mitad de especies de aves del mundo y habitualmente presenta un mayor éxito de capturas.

El segundo mejor representado fueron los Anseriformes (patos, gansos), seguidos de los Charadriiformes (aves de ribera, chichicuilotes, chorlos y playeros). Al igual que para los órdenes, las familias mostraron una amplia variabilidad en el número de especies representadas en el estudio, (Figura 7) destaca la familia Anatidae (patos, gansos), seguida de la Parulidae (chipes) y la Emberizidae (gorriones).

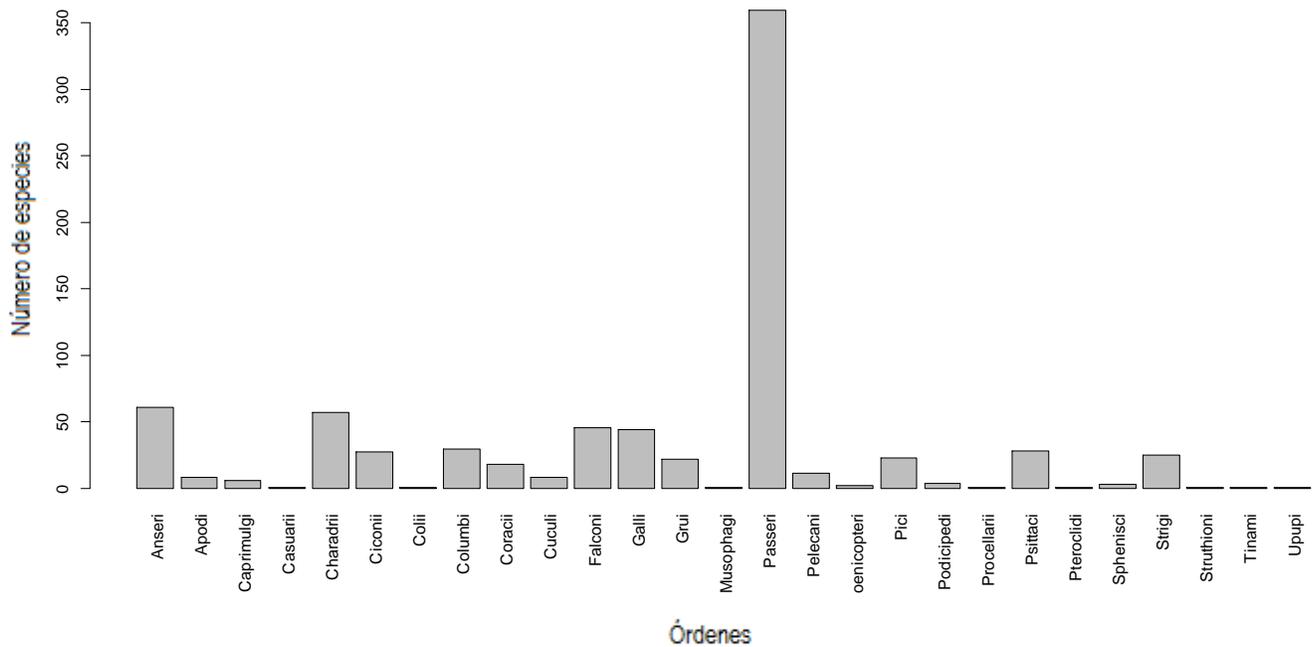


Figura 6. Órdenes analizados para VON (28) en el estudio.

Susceptibilidad

Los valores de susceptibilidad tuvieron un intervalo de 5 a 141. Se encontraron diferencias significativas entre familias ($X_2 = 110.54$, $df = 72$, $p = 0.002$) y entre géneros ($X_2 = 441.12$, $df = 382$, $p = 0.01$); sin embargo, para los órdenes ($X_2 = 31.11$, $df = 24$, $p = 0.15$) las diferencias resultaron no significativas. Las familias que obtuvieron valores de S más altos fueron Accipitridae (gavilanes), seguida de Falconidae (halcones) y Corvidae (cuervos) (Figura 8).

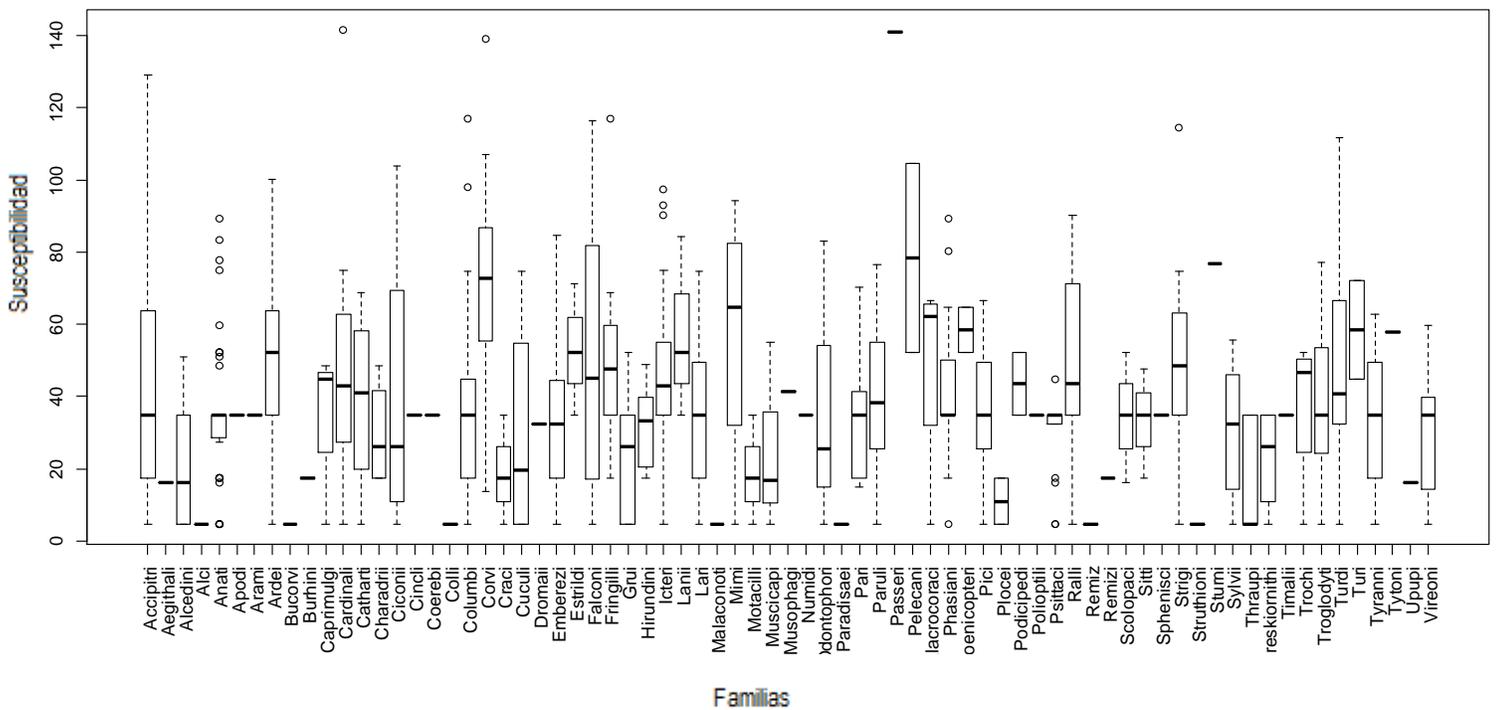


Figura 8. Diferencias en la susceptibilidad entre las familias analizadas. Kruskal-Wallis chi-squared = 110.5448, $df = 72$, p -value = 0.002373

Las especies que presentaron valores de S más altos fueron en primer lugar el cardenal rojo (*Cardinalis cardinalis*) con una S de 142, el gorrión inglés (*Passer domesticus*) con 141 y el cuervo americano (*Corvus brachyrhynchos*) con 139 (Figura 9).

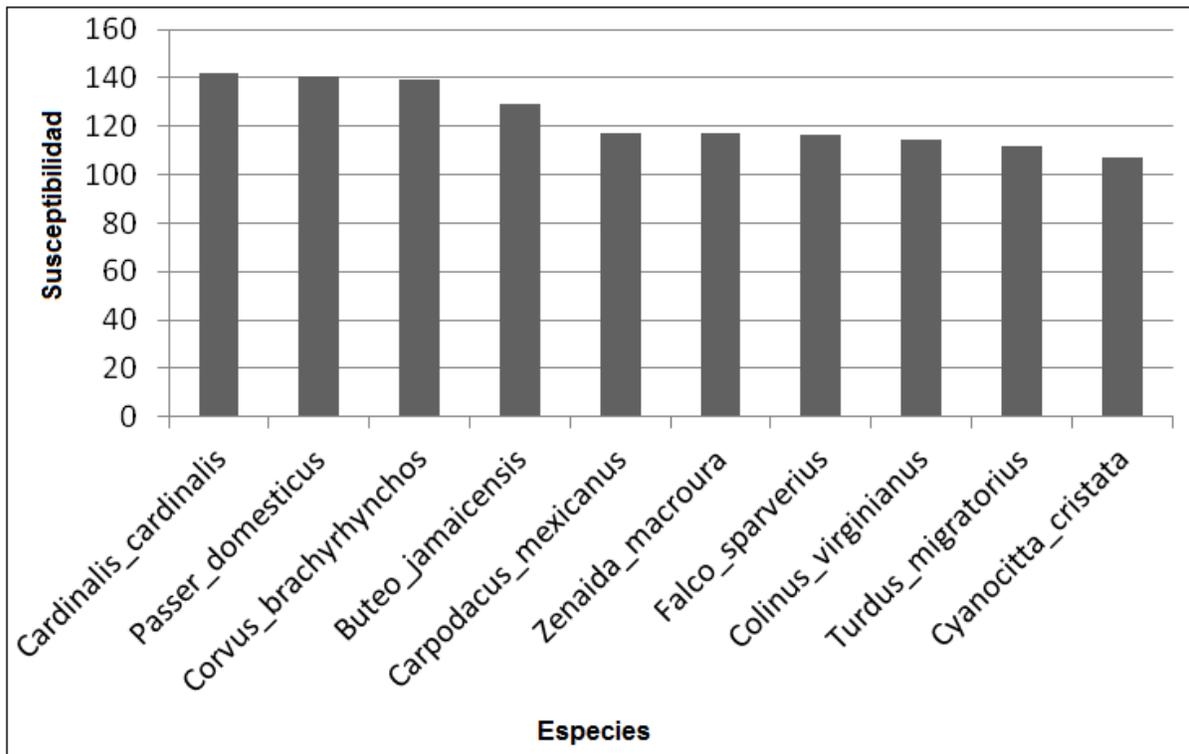


Figura 9. Las 10 especies de aves con valores de susceptibilidad más altos en el estudio

Prevalencia

La prevalencia entre las especies tuvo un amplio intervalo abarcado entre 0 a 92 % con una media general de 3.4 %.

La prevalencia fue significativamente diferente únicamente a nivel de familias ($X_2= 61.2871$, $df = 43$, $p = 0.034699$), los órdenes y géneros no presentaron diferencias significativas ($X_2= 21.9354$, $df = 14$, $p = 0.07995$ y $X_2= 138.5694$, $df = 133$, $p =$

0.3529 respectivamente). La familia Corvidae (cuervos) fue la que presentó los valores de prevalencia más altos seguida de la Odontophoridae (codornices del Nuevo Mundo) (Figura 10).

Entre las especies que presentaron valores más altos de prevalencia media se encuentran: la urraca de Nuttall (*Pica nuttalli*), la chara californiana (*Aphelocoma californica*), el cuervo americano (*Corvus brachyrhynchos*) y la chara azul (*Cyanocitta cristata*) todos pertenecientes a la familia Corvidae (Figura 11).

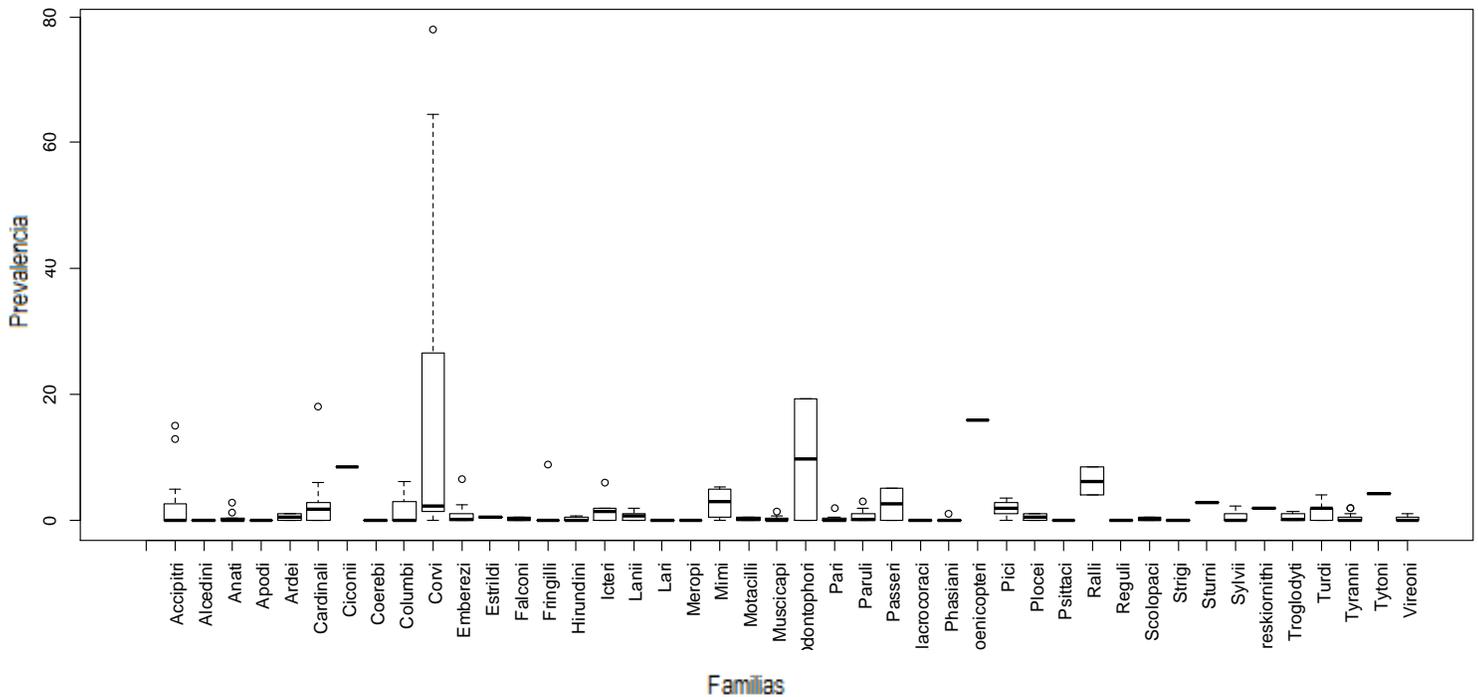


Figura 10. Prevalencia entre las Familias Kruskal-Wallis chi-squared = 61.28, df = 43, p = 0.03

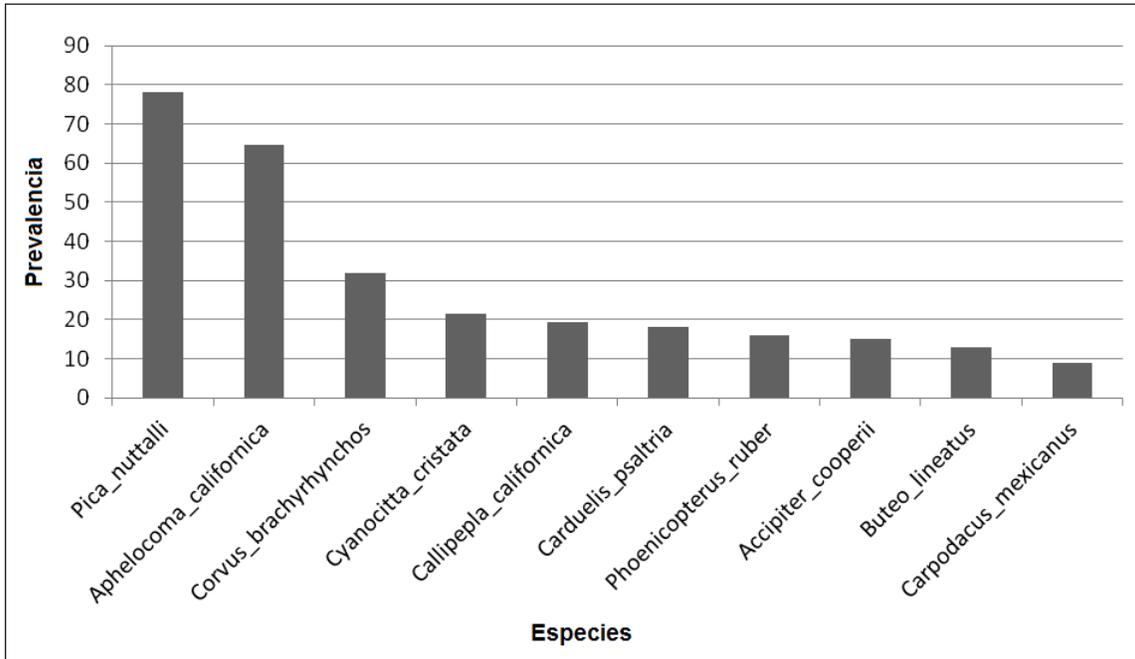


Figura 11. Las 10 especies con valores de prevalencia más altos en el estudio

Análisis Cuartil 1, especies consideradas altamente susceptibles a la infección por Virus del Oeste del Nilo.

De las 779 especies analizadas para VON, 56 especies se consideraron altamente susceptibles a la infección. La especie que registró el valor más alto de prevalencia fue la chara azul (*Cyanocitta cristata*) con un 92%, seguida de la urraca de Nutall (*Pica nutalli*) con un 82% y el cuervo americano (*Corvus brachyrhynchos*) con un 79 % (Cuadro 6).

Destaca que el 71% (40/56) de las especies consideradas altamente susceptibles pertenecen al orden de los Passeriformes, seguidas de los Anseriformes, Columbiformes, y Falconiformes con un 5 % cada uno.

Cuadro 6. Especies consideradas altamente susceptibles a la infección por Virus del Oeste del Nilo (Quartil 1), su clasificación como reservorios competentes (IRC) su distribución original y características ecológicas.

No.	Orden	Especie	Nombre común	I.H. C. Komar et al. 2003	I.H. C. Kilpatrick et al. 2003	No. analizados	Prevalencia	Estatus de residencia	Distribución	Estatus de conservación	Dieta	Hábitat	Hábitat 2	Presencia en México
1	Passeriformes	<i>Cyanocitta cristata</i>	Chara azul	C	C	307	92	M	América	PM	O	U	T	NP
2	Passeriformes	<i>Pica nuttalli</i>	Urraca de Nuttall	NA	NA	818	82	R	América	PM	O	N	T	NP
3	Passeriformes	<i>Corvus brachyrhynchos</i>	Cuervo americano	C	C	790	79	M	América	PM	O	U	T	P
4	Passeriformes	<i>Aphelocoma californica</i>	Chara Californiana	NA	C	2062	70	R	América	PM	O	SU	T	NP
5	Galliformes	<i>Callipepla californica</i>	Codorniz californiana	NA	NC	1153	38	R	América	PM	G	N	T	P
6	Ciconiiformes	<i>Ciconia ciconia</i>	Cigüeña blanca	NA	NA	569	33	M	Europa y África	PM	C	N	A	NP
7	Columbiformes	<i>Zenaid macroura</i>	Paloma huijota	C	C	383	31	M	América	PM	G	U	T	P
8	Passeriformes	<i>Carpodacus mexicanus</i>	Pinzón mexicano	C	C	869	30	R	América	PM	G	U	T	P
9	Passeriformes	<i>Passer domesticus</i>	Gorrión inglés	C	C	302	24	R	Eurasia y África	PM	O	U	T	P
10	Gruiformes	<i>Fulica atra</i>	Focha común	NA	NA	569	20	M	Europa, Asia, África y Oceanía	PM	O	N	A	NP
11	Passeriformes	<i>Cardinalis cardinalis</i>	Cardenal común	NA	C	1319	19	R	América	PM	G	N	T	P
12	Passeriformes	<i>Carduelis psaltria</i>	Jilguero dominico	NA	NA	243	18	M	América	PM	G	N	T	P
13	Passeriformes	<i>Turdus migratorius</i>	Mirlo primavera	C	C	537	17	R	América	PM	I	U	T	P
14	Phoenicopteriformes	<i>Phoenicopterus ruber</i>	Flamingo americano	NA	NA	232	16	M	América	PM	O	N	A	NP
15	Falconiformes	<i>Accipiter cooperii</i>	Gavilán de Cooper	NA	NA	402	15	M	América	PM	C	N	T	P
16	Passeriformes	<i>Corvus corax</i>	Cuervo común	NA	NA	336	14	R	América, Eurasia y África	PM	O	N	T	P
17	Passeriformes	<i>Euphagus cyanocephalus</i>	Tordo ojo amarillo	NA	C	209	14	M	América	PM	G	U	T	P
18	Passeriformes	<i>Mimus polyglottos</i>	Centzontle norteño	NA	C	412	14	R	América	PM	O	U	T	P

19	Falconiformes	<i>Buteo lineatus</i>	Aguiluilla pecho rojo	NA	NA	209	13	M	América	PM	C	N	T	P
20	Passeriformes	<i>Pipilo crissalis</i>	Toqui californiano	NA	NA	206	13	R	América	PM	G	N	T	P
21	Strigiformes	<i>Tyto alba</i>	Lechuza de Campanario	NA	NC	410	13	R	Todo el mundo	PM	C	N	T	P
22	Passeriformes	<i>Pheucticus melanocephalus</i>	Picogordo tigrillo	NA	NA	151	11	M	América	PM	I	N	T	P
23	Columbiformes	<i>Columba livia</i>	Paloma doméstica	C	NA	282	9	R	Todo el mundo	PM	G	U	T	P
24	Passeriformes	<i>Sturnus vulgaris</i>	Estornino pinto	C	C	245	9	M	Eurasia, África y América	PM	I	U	T	P
25	Passeriformes	<i>Sylvia borin</i>	Curruca mosquitera	NA	NA	183	8	M	Eurasia y África	PM	I	U	T	NP
26	Passeriformes	<i>Toxostoma rufum</i>	Cuitlacoche rojizo	NA	NA	196	8	M	América	PM	O	N	T	P
27	Passeriformes	<i>Carduelis tristis</i>	Jilguero canario	NA	NA	123	7	M	América	PM	G	N	T	P
28	Passeriformes	<i>Catharus ustulatus</i>	Zorzal de Swainson	NA	C	125	7	M	América	PM	I	N	T	P
29	Piciformes	<i>Colaptes auratus</i>	Carpintero de pechera	C	C	134	7	M	América	PM	I	N	T	P
30	Passeriformes	<i>Zonotrichia atricapilla</i>	Sabanero de corona dorada	NA	NA	275	7	M	América	PM	I	N	T	P
31	Passeriformes	<i>Phylloscopus trochilus</i>	Curruca capirotada	NA	NA	96	6		Eurasia	PM	I	N	T	NP
32	Anseriformes	<i>Branta canadensis</i>	Barnacla canadiense	C	C	175	5	M	América	PM	G	N	A	P
33	Falconiformes	<i>Buteo jamaicensis</i>	Aguiluilla cola roja	NA	NA	164	5		América	PM	C	N	T	P
34	Passeriformes	<i>Dendroica coronata</i>	Chipe coronado	NA	NA	163	5	M	América	PM	I	N	T	P
35	Passeriformes	<i>Pica pica</i>	Urraca común	NA	NA	298	5	R	Eurasia	PM	O	N	T	NP
36	Passeriformes	<i>Sylvia atricapilla</i>	Curruca capirotada	NA	NA	75	5		Eurasia y África	PM	I	U	T	NP
37	Passeriformes	<i>Turdus merula</i>	Mirlo común	NA	NA	74	5		Eurasia y África	PM	I	U	T	NP
38	Anseriformes	<i>Aix sponsa</i>	Pato arcoiris	NA	NA	140	4	M	América	PM	I	N	A	P
39	Passeriformes	<i>Catharus guttatus</i>	Zorzal cola rufa	NA	NA	222	4	M	América	PM	I	N	T	P
40	Gruiformes	<i>Fulica americana</i>	Gallareta americana	C	NC	94	4	M	América	PM	H	N	T	P
41	Passeriformes	<i>Junco hyemalis</i>	Junco pizarroso	NA	NA	143	4	M	América	PM	G	N	T	P
42	Passeriformes	<i>Molothrus ater</i>	Tordo cabeza café	NA	NC	79	4	M	América	PM	G	N	T	P
43	Passeriformes	<i>Quiscalus quiscula</i>	Zanate común	C	C	84	4	M	América	PM	O	U	T	NP
44	Columbiformes	<i>Streptopelia turtur</i>	Tórtola europea	NA	NA	160	4	R	Eurasia y África	PM	G	U	T	NP
45	Passeriformes	<i>Zonotrichia albicollis</i>	Gorrión garganta blanca	NA	NA	160	4	M	América	PM	G	N	T	P

46	Passeriformes	<i>Corvus corone</i>	Corneja negra	NA	NA	138	3		Eurasia y África	PM	O	U	T	NP
47	Passeriformes	<i>Dendroica caerulescens</i>	Chipe azulnegro	NA	NA	105	3	M	América	PM	I	N	T	P
48	Passeriformes	<i>Geothlypis trichas</i>	Mascarita común	NA	NA	352	3	M	América	PM	I	N	T	P
49	Passeriformes	<i>Melospiza melodia</i>	Gorrión cantor	NA	C	119	3	M	América	PM	I	N	T	P
50	Passeriformes	<i>Passerina cyanea</i>	Colorín azul	NA	NA	382	3	M	América	PM	I	N	T	P
51	Passeriformes	<i>Spizella arborea</i>	Chimbita arbóreo	NA	NA	192	3	M	América	PM	G	N	T	NP
52	Passeriformes	<i>Thryothorus ludovicianus</i>	Chivirín de California	NA	NA	287	3	R	América	PM	I	N	T	P
53	Passeriformes	<i>Agelaius tricolor</i>	Tordo tricolor	NA	C	44	2	M	América	A	I	N	T	P
54	Anseriformes	<i>Anas platyrhynchos</i>	Pato de collar	C	C	195	2	M	América, Eurasia y África	PM	G	N	A	P
55	Passeriformes	<i>Bombycilla cedrorum</i>	Ampelis chinino	NA	NA	266	2	M	América	PM	F	N	T	P
56	Passeriformes	<i>Catharus minimus</i>	Zorzal Cara Gris	NA	NA	59	2	M	América	PM	I	N	T	P

C = Hospedero competente; NC. = Hospedero no Competente; P= Presencia en México; NP = No Presente; NA = No Analizada. **Estatus de residencia.** M = Migratorio, R = Residente. **Estatus de conservación.** PM = Preocupación Menor, A = Amenazado. **Dieta.** I= insectívoro, G = granívoro, F= frugívoro, H =herbívoro, C = carnívoro. **Hábitat.** U= Urbano, N = Natural. **Hábitat.** T= Terrestre, A= Acuático

Entre las características ecológicas comunes entre las especies que conforman el Cuartil 1 se encuentran: el hábitat, predominando el de las especies terrestres con un 93% (52). El estatus de residencia, destacando las aves que presentan algún comportamiento migratorio con un 73% (41), comparado con las residentes. Con respecto a la dieta predominaron las especies insectívoras con un 36% (20), granívoras 29% (16), omnívoros 23% (13) (Cuadro 6).

En cuanto a su estatus de conservación, ninguna especie afectada se encuentra bajo alguna categoría de riesgo (como consecuencia de la pérdida de hábitat, urbanización, aumento del sector agropecuario) con excepción del tordo tricolor (*Agelaius tricolor*) catalogado como una especie amenazada (IUCN 2013).

Virus del Oeste del Nilo en México

Con base en los resultados obtenidos en el estudio global, de las 527 especies de aves consideradas susceptibles a la infección por VON 311 especies (60%) se encuentran en México (Anexo II) y dentro del grupo, 41 especies (73%) son consideraras altamente susceptibles a la infección por VON (Cuadro 6).

Considerando la presencia de las especies altamente susceptibles a la infección por VON, los estados de la república que tienen una mayor riqueza se encuentran principalmente los ubicados al Norte de México como Baja California, Chihuahua, Coahuila, Nuevo León, Sonora y Tamaulipas y el centro del país como San Luis Potosí, Puebla y Michoacán (Figura 12).

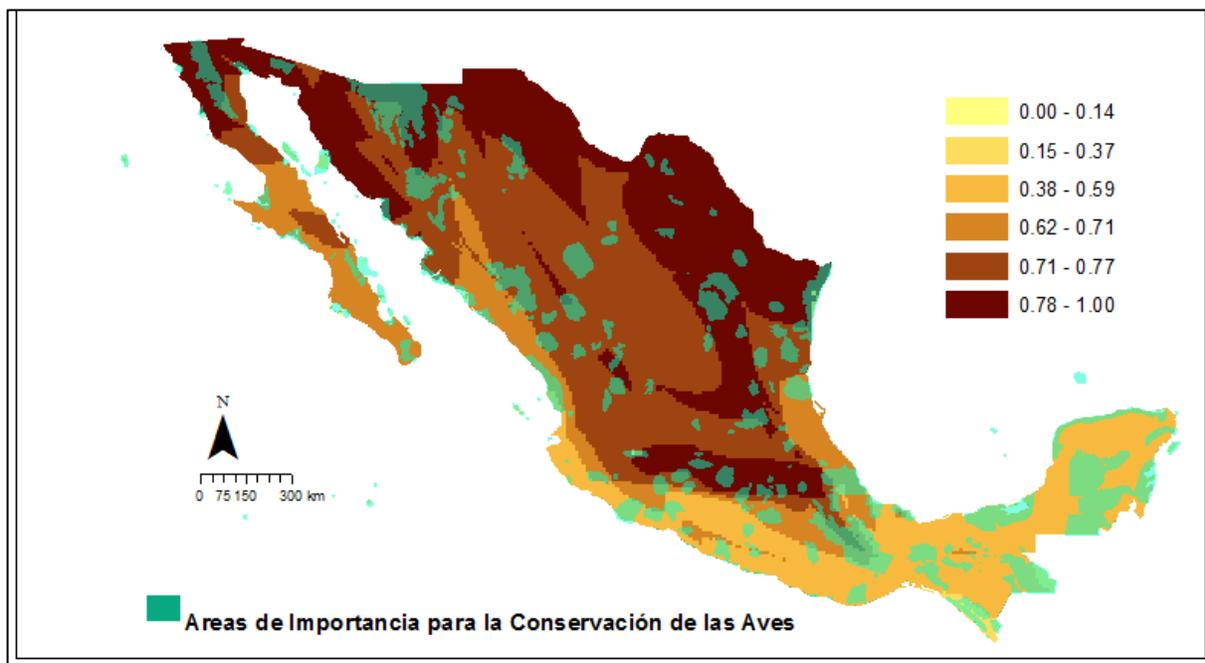


Figura 12. Predicción de susceptibilidad a la infección por VON en la avifauna de México, basado en el análisis comparativo global de susceptibilidad a la infección por VON y la riqueza de las especies consideradas altamente susceptibles. Autores: Gabriel E. García Peña y María José Tolsá y Gerardo Suzán. Datos de distribución brindados por Birdlife International (2013).

Nota. Mapa preliminar.

Análisis filogenético

En la prueba de Kappa (K) se obtuvieron valores similares de señal filogenética en la susceptibilidad para las dos hipótesis filogenéticas con una $K = 0.07$ (Figura 13); y en la prevalencia $K = 0.06$ igualmente para ambas hipótesis (Figura 14). En general la señal filogenética fue baja considerando que K tiene valores de 0-1, lo que significa que la susceptibilidad a la infección entre las especies es similar o cambia muy poco entre grupos. O bien es muy variable y la susceptibilidad no está asociada a algún linaje en particular.

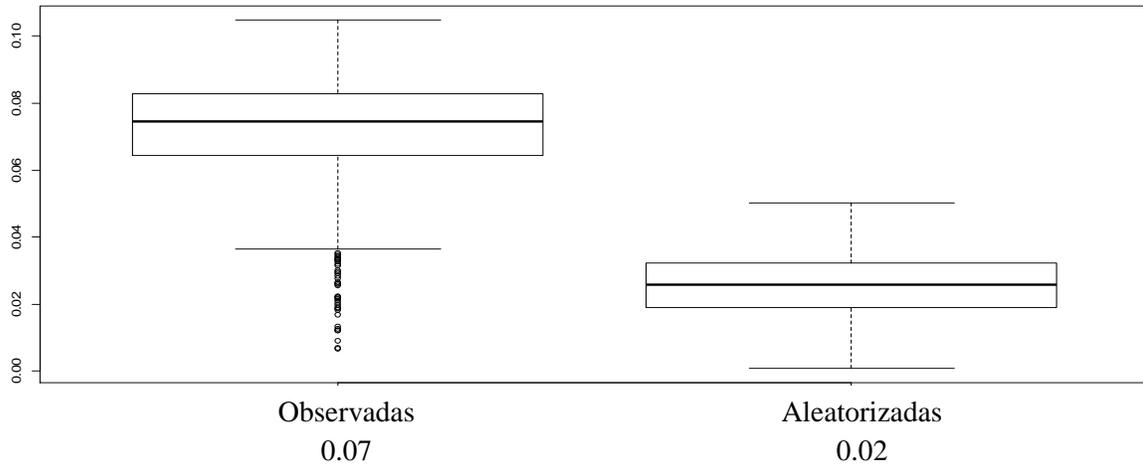


Figura 13. Valores de K para susceptibilidad (hipótesis filogenética de Ericson). $t = 79.9728$, $df = 1609.481$, $p < 2.2e-16$

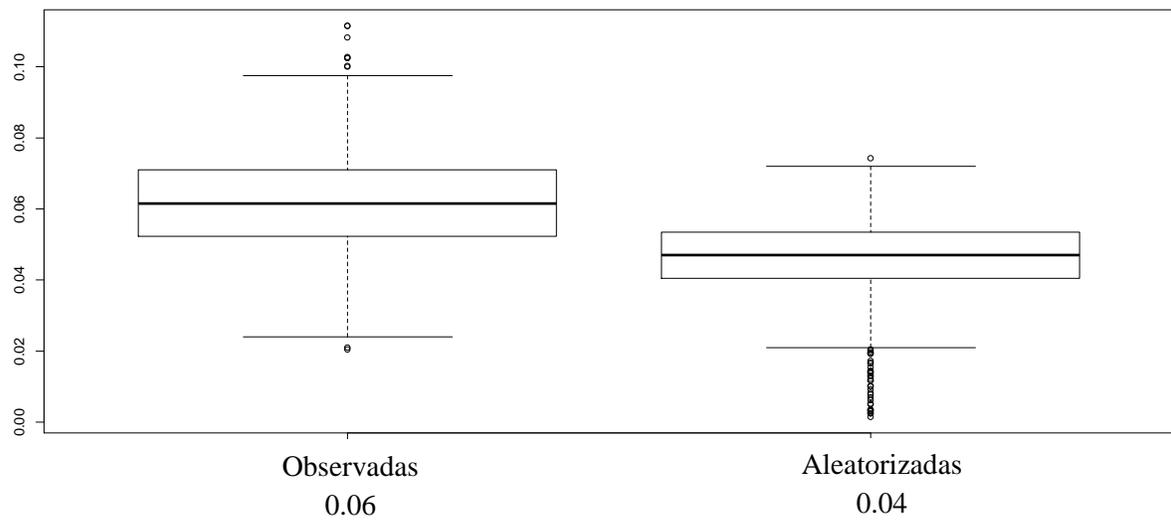


Figura 14. Valores de K para prevalencia (hipótesis filogenética de Ericson). $t = 27.6378$, $df = 1897.701$, $p\text{-value} < 2.2e-16$

DISCUSIÓN

Datos generales y aportaciones

El número de especies analizadas para VON en los estudio caso consultados (779) equivale al 7% del total de especies de aves reconocidas en el mundo (11, 217 especies; Birdlife International 2011), lo que indica que un porcentaje muy bajo de las especies de aves se ha analizado para este virus y el conocimiento de factores primordiales como susceptibilidad a la infección en las aves no ha sido ampliamente documentado y por lo tanto se desconocen los valores comunes de incidencia de la infección, entre otros factores.

La vigilancia epidemiológica en los países de África y Europa se ha realizado para propósitos de vigilancia en salud pública y por lo tanto los efectos del VON en poblaciones de aves generalmente no se han reportado (Komar 2003). No obstante, desde el primer aislamiento de VON (1937) a la fecha se ha detectado un aumento en el número de especies de aves susceptibles a la infección por VON, esto puede deberse al incremento en los reportes con métodos más eficientes de diagnóstico y una vigilancia epidemiológica más minuciosa (Jones *et al.* 2008).

En el presente estudio se realizó una actualización en el número de especies consideradas susceptibles a la infección por VON con 550 especies, lo que representa el 67% más de lo actualmente reportado por el Centro de Control de Enfermedades de Estados Unidos (CDC 2013) con 326 especies de aves positivas para VON, teniendo esta institución la cifra más completa en todo el mundo.

Además, se puede apreciar una escasa presencia de especies de aves neotropicales, los esfuerzos de muestreo se encuentran concentrados en especies neárticas y paleárticas correspondientes a países desarrollados; el 52% de las fuentes bibliográficas consultadas pertenecen a Estados Unidos cuyos esfuerzos de vigilancia epidemiológica han sido constantes desde su introducción en este país (1999), por los miles de casos de VON en humanos y aves (CDC 2013).

De las 3, 615 observaciones registradas inicialmente, se eliminaron 3, 037 (84%) ya que no cubrían la muestra mínima requerida para considerarlas confiables, quedando únicamente 230 especies bien representadas en el estudio para los análisis filogenéticos. Esto sugiere que los esfuerzos de muestreo de VON en aves a nivel mundial no son suficientes y se confirma que el conocimiento con respecto al VON es aún muy pobre. Es importante resaltar que gran parte de las observaciones consideradas como confiables en el estudio pertenecen a especies mundialmente reconocidas como susceptibles al VON como son los Passeriformes y al ser estudiados intensivamente es probable que pasaran por el número de muestra umbral mientras que las que son poco estudiadas por tener números de muestra bajos fueron eliminadas y no estuvieron representadas en el estudio.

Susceptibilidad y prevalencia

Las especies que mostraron registros de prevalencia más altos fueron las pertenecientes al orden Passeriformes. Lo cual es consistente con lo reportado en otros estudios tanto experimentales (Komar *et al.* 2003) como de campo (Ezenwa *et al.* 2006) y por ello se ha indicado que los miembros de este orden son reservorios competentes; es decir, amplifican eficientemente al virus y por lo tanto tiene una mayor probabilidad de infectar a los mosquitos (Figura 11).

Sin embargo, se debe considerar que los cuervos son relativamente grandes, tienden a ser abundantes en áreas urbanas y suburbanas por lo que es más fácil

que sus cadáveres sean vistos por las personas con respecto a especies más pequeñas cuyos cadáveres sean menos visibles o no se logren registrar porque son más fáciles de descomponerse o deteriorarse (Marra *et al.* 2004).

Una especie que destacó en el presente estudio por registrar una prevalencia alta y la cual no ha sido considerada anteriormente como altamente susceptible a la infección por VON fue el flamingo americano (*Phoenicopterus ruber*) con 16% ocupando el lugar decimocuarto en el análisis del Cuartil 1, por lo que esta especie debe de ser tomada en cuenta para futuras investigaciones de VON.

La alta variabilidad en los valores entre especies, además de las amplias diferencias en el número de individuos analizados por especie, también puede deberse a que en el estudio se trabajó con varias poblaciones correspondientes a diferentes localidades y se consideró que éstas son homogéneas con respecto a la susceptibilidad a la infección por VON. Lo que puede no ser real ya que se ha sugerido que muchas de las poblaciones hospederas son genéticamente heterogéneas en la manera en que interactúan con sus patógenos (Ostfeld y Keesing 2012). De tal manera que, la genética de los reservorios puede ser un factor muy importante en el amortiguamiento de las poblaciones contra la propagación de las epidemias (Altizer *et al.* 2003).

Quartil 1. Especies altamente susceptibles a la infección por Virus del Oeste del Nilo

De las 58 especies consideradas en el presente estudio como “altamente susceptibles” a la infección por VON solo 11 especies coinciden con lo reportado en dos estudios, el primero experimental realizado por Komar *et al.* (2003) y el segundo una revisión realizada por Kilpatrick *et al.* (2007). Ambos trabajos evalúan la competencia como hospederos de un grupo de aves de diferentes órdenes (Cuadro 7). Sin embargo, existen 33 especies que no fueron consideradas dentro de ambos estudios las cuales deben ser tomadas en cuenta en estudios futuros

para determinar su papel dentro de la transmisión del VON, entre las que se encuentran: el pato arcoíris (*Aix sponsa*), la urraca común (*Pica pica*), la urraca de Nuttall (*Pica nutalli*) y el cuervo grande (*Corvus corax*), entre otras.

Al realizar una breve exploración entre las especies altamente susceptibles a la infección con el fin de encontrar un común denominador entre ellas tomando en cuenta algunas características ecológicas se pudo observar que: el 30% (17) de las especies de aves presentes en el Cuartil 1 están asociadas a ambientes urbanos, lo cual representa una amenaza a la salud pública porque se puede propiciar un aumento en las tasas de contacto entre humanos y aves, algunas de las cuales ocurren en densidades altas. Además, el 70 % (41) de las especies presentes en el Cuartil 1 pertenecen al orden de los Passeriformes (importantes reservorios del VON) muchas de los cuales habitan en áreas altamente pobladas por humanos (Bradley y Altizer 2006).

Una especie común en las zonas urbanas y presente en esta categoría, es el gorrión inglés (*Passer domesticus*); el cual se ha sugerido que desempeña un papel particularmente importante en la transmisión primaria del ciclo del VON, es considerado un reservorio importante de VON en Norte América y Europa ya que desarrollan viremias altas y duraderas en estudios de laboratorio y su tasa de mortalidad por VON (16%) es relativamente baja (Blitvich *et al.* 2008).

Virus del Oeste del Nilo en México

México es un país que cuenta con los elementos necesarios para la presencia del VON, tiene 527 especies de aves susceptibles, 41 de las cuales consideradas altamente susceptibles. Además, cuenta con 21 especies de mosquitos vectores, 8 de las cuales son consideradas vectores competentes. Por lo tanto es necesario

un monitoreo constante y extensivo para examinar las causas de la baja actividad del VON en México.

Entre las áreas a estudiar se encuentran: áreas que posean una alta riqueza y abundancia de especies de aves consideradas reservorios competentes, zonas de arribo de aves migratorias y Áreas de Importancia para la Conservación de Aves (AICAS). Además, México es el hábitat de 22 especies de córvidos (Navarro y Gordillo *et al.* 2006), algunas de las cuales tienen distribuciones restringidas y catalogadas por la IUCN como vulnerables como la chara garganta blanca (*Cyanolyca mirabilis*), la chara enana (*Cyanolyca nana*), chara pinta (*Cyanocorax dickeyi*), chara de San Blas (*Cyanocorax sanblasianus*), chara de beecheyi (*Cyanocorax beecheyi*), cuervo tamaulipeco (*Corvus imparatus*) y el cuervo sinaloense (*Corvus sinaloae*) (Peterson *et al.* 2004). Las cuales podrían verse seriamente afectadas si un brote de VON se presentara en el país.

Señal filogenética

La baja señal filogenética en los valores de susceptibilidad y prevalencia al VON entre las especies de aves ($K = 0.07$ y 0.06 respectivamente) puede sugerir que: (a) el VON infecta a todas las especies de aves por igual, (b) que las diferencias en la infección entre las especies varían muy poco o (c) que la frecuencia de infección entre las especies varía mucho; por lo tanto, la infección al VON puede estar determinada por factores locales y no a una afinidad de los virus por algún linaje de aves.

Los resultados difieren con un estudio previo (Longdon *et al.* 2011) donde encontraron experimentalmente que la habilidad de tres virus para persistir y replicarse en 51 especies diferentes de moscas hospedadoras del género *Drosophila*

estuvo ampliamente explicado por la filogenia de las moscas. Lo cual es consistente con estudios previos realizados con 20 o más especies (con un poder estadístico razonablemente alto) más del 90% de las características examinadas (conductuales, fisiológicas, morfológicas, historias de vida y ecológicas y ambientales) exhibieron una señal filogenética significativa (Garland et al 2005). Sin embargo, los estudios se realizaron bajo condiciones experimentales y los datos analizados en el presente estudio provienen de muestras tomadas en campo en donde no se tiene control sobre la gran mayoría de las variables.

Existen varios factores por considerar para poder aceptar los resultados de este estudio, entre los que se encuentran:

1. Calidad en los datos.

- 1.1 Tamaño de muestra (número de especies). La señal filogenética es sensible al tamaño de muestra (Blomberg *et al.* 2003); para los análisis filogenéticos se consideraron 534 y 230 especies de aves para los datos de prevalencia mundial y prevalencia respectivamente, lo que corresponde al 4.7% y al 2% del total de aves en el mundo; lo cual pudo haber afectado los resultados de Kappa. Chamberlain *et al.* (2012) señalan que se debe maximizar el número de especies o géneros con el objetivo de aumentar el poder estadístico para detectar la señal filogenética.

- 1.2 Propiedades de los datos. En los datos recopilados, existe una heterogeneidad muy marcada ya que hay especies más estudiadas con respecto a otras y la señal filogenética se ve afectada por la calidad de los datos (Münkemüller *et al.* 2012). Así mismo, pudo apreciarse una subestimación de las especies consideradas “no susceptibles”, la mayoría de los estudios se enfocaron al orden Passeriformes

considerados como reservorios competentes del VON e ignoraron a otros órdenes sin saber con certeza cuál es su participación dentro del ciclo de transmisión del virus.

Además, gran parte de los estudios de caso analizados no reportan a las especies con registros negativos, lo cual para el presente análisis fue de suma importancia debido a que la ausencia de infección en las especies expuestas al VON podría sugerir que dichas especies son resistentes a la infección o que existen factores ecológicos que evitan que la infección se lleve a cabo como las tasas de contacto entre vectores y reservorios.

Otra opción que puede provocar una amplia variabilidad en los datos puede deberse a un problema de detección en los diferentes métodos; por ejemplo, en el estudio experimental desarrollado por Komar *et al.* (2003) encontraron que el periquito australiano (*Melopsittacus undulatus*) no es capaz de producir anticuerpos de VON detectables, concentrándose la infección en los tejidos del corazón, por lo que es importante considerar que la detección de anticuerpos no es un indicador absoluto. Además se ha descubierto que algunas especies de aves sobreviven a las infección por VON secuestrando al virus en un órgano en particular, más allá de la desaparición de la viremia en la sangre (Peterson *et al.* 2004).

2. Factores ecológicos.

2.1 Tipo de transmisión. Los datos de prevalencia pueden estar influenciados por el complejo ciclo de transmisión del VON, pues es un

patógeno transmitido por vector (mosquito) el cual puede o no estar presente en las localidades estudiadas, lo que sugiere que es necesario que se realicen más estudios donde se considere la presencia del vector en la localidad estudiada.

Además, las tasas de infección entre las especies de aves pueden variar por dos factores principalmente: a) las preferencias de alimentación de los mosquitos hacia determinadas especies de aves (Bradley *et al.* 2008) y b) la competencia del vector (mosquitos) para transmitir el VON, un componente crítico para la transmisión del patógeno (Kilpatrick *et al.* 2010).

2.2 Geografía. Las prevalencias de las especies analizadas en el estudio pudieron verse influenciadas por la proximidad geográfica entre los hospederos; la cual puede ser importante en las tasas de contacto y oportunidades para la transferencia de patógenos entre hospederos filogenéticamente distantes (Brault 2009; Klepac *et al.* 2013).

2.3 La composición de especies hospederas en la comunidad. En el estudio se tomaron en cuenta diversas comunidades, las cuales tenían diferentes composiciones de especies, lo que puede influenciar las prevalencias de las especies analizadas. Trabajos recientes indican que cambios en la composición de hospederos en la comunidad pueden influenciar los patrones de transmisión del virus, una alta diversidad de especies hospederas pueden tener una transmisión baja en algunas enfermedades transmitidas por vector, si hospederos incompetentes diluyen la transmisión del patógeno entre vectores y hospederos competentes (Bradley *et al.* 2008).

Este patrón de incidencia ha sido documentado en un estudio realizado por Ezenwa *et al.* (2006) en cuyos resultados mostraron una fuerte asociación entre la riqueza de especies no-paserinas (reservorios incompetentes, incapaces de mantener y transmitir la enfermedad); así como, las tasas de infección de VON en los mosquitos, la cual disminuyó con el incremento de la riqueza de aves no-paserinas.

En las comunidades estudiadas se puede sugerir que están conformadas con diferentes especies de vertebrados u otros organismos cuya presencia puede afectar el comportamiento de las aves y por lo tanto las tasas de contacto con los vectores (Keesing y Ostfeld 2006).

3. Características del parásito.

3.1 Tipo de virus. En el estudio se supuso que la patogenicidad del virus era homogénea para todos los estudios caso y para todas las observaciones. Sin embargo, es importante considerar que el VON es un virus de ARN, los cuales se caracterizan por tener altas tasas de mutación y cortos tiempos de generación, provocando alteraciones en la adecuación viral, patogénesis y amplitud de hospederos; de tal manera que pueden proveer el potencial evolutivo para cruzar barreras de hospedero distantes (Ciota 2012). Se ha sugerido que cambios genéticos observados en diferentes cadenas del VON se adapten a nuevas especies de aves, indicando que la genética viral desempeña un papel crucial en la susceptibilidad a la infección (Brault 2009).

Para los virus, la distancia filogenética es poco importante con respecto a otros factores como la geografía en la explicación de la similitud de

patógenos en la comunidad. Se ha demostrado un amplio número de hospederos en los virus, algunas veces abarcando múltiples órdenes taxonómicos. Los patógenos pueden extender su intervalo de hospederos infectando nuevas especies huésped, un término llamado “host shifts” (Davies y Pedersen 2008). Y aparentemente no existe una regla para poder predecir la susceptibilidad de nuevas especies reservorios (Longdon *et al.* 2011).

3.2 Filogenia del virus. En los análisis no se distinguieron entre linajes o cadenas las cuales han sido aisladas y separadas en tiempo y espacio desde 1937. Por lo que la coevolución parásito hospedero puede no estar correctamente representada en el estudio.

CONCLUSIONES

En el presente se investigó la ecología de las enfermedades infecciosas desde una perspectiva comparativa, filigenética y global, específicamente enfocado a la susceptibilidad a la infección por VON. La metodología propuesta podrá ser aplicada a una amplia variedad de enfermedades infecciosas, lo cual ayudará a tener una mejor perspectiva de ellas. Además, los resultados obtenidos podrán ser incorporados a estrategias de prevención y control de brotes epidemiológicos.

Los resultados obtenidos en el estudio sugieren que existen especies de aves más susceptibles a la infección por VON, sin embargo la susceptibilidad no está asociada a las relaciones filogenéticas de las especies, es decir no hay linajes más susceptibles que otros. No obstante, el estudio representa una primera aproximación y su posterior desarrollo y perfeccionamiento dependerá de varios factores entre los que se encuentran: generar mayor información y de mejor calidad, la cual estará condicionada a que se realicen más estudios de campo principalmente en países o localidades que no han sido muestreados con anterioridad, lo que aumentará el número de especies analizadas y por lo tanto el poder estadísticos de los análisis, ya que se ha sugerido que el número de especies para los análisis comparativos filogenéticos es sumamente importante.

Para generar información coherente sobre la ecología del VON, los estudios de campo deben considerar al menos tres aspectos: (1) Investigar a las especies que no han sido analizadas con anterioridad y por lo tanto se desconoce su papel dentro de la dinámica del VON; (2) tratar de uniformizar el trabajo en campo entre los estudios para que las comparaciones entre datos sean más confiables y eficientes y (3) reportar los casos negativos los cuales aportarán información. De igual modo se espera que con los avances en la biología molecular se podrán

identificar patógenos con un mayor grado de certeza. Así, estos avances en los estudios de campo podrán aportar información fundamental sobre la ecología y evolución del VON.

Es importante continuar con el análisis de aspectos que no se profundizaron en este estudio como los factores ecológicos asociados a la incidencia del VON entre los que se encuentran: la presencia de los mosquitos vectores, las condiciones ambientales de los sitios de estudio, la geografía y la diversidad de especies de las comunidades. Así como al virus, los cuales tienen una influencia sumamente importante en las dinámicas de infección y en la epidemiología general del VON.

México se encuentra en una situación de suma importancia e interés en cuanto a la epidemiología del VON se refiere, lo cual da la pauta y justifica que se realicen estudios de campo más amplios y continuos que se enfoquen en determinar la presencia de VON en aves mexicanas que no han sido analizadas previamente y por lo tanto se desconoce su susceptibilidad a la infección. Así mismo, es importante el muestreo de VON en mosquitos y la determinación de la presencia de otros Flavivirus en las aves u otros grupos de vertebrados.

El mapa preliminar presentado (el cual representa una primera aproximación) nos puede brindar un indicador de riesgo en la infección por VON en el país y en las AICAS tomado como base la riqueza de las aves susceptibles. Sin embargo, se deberá incorporar la presencia de mosquitos y las condiciones climáticas para una mayor certeza en sus predicciones. El conocer los posibles riesgos epidemiológicos del VON nos permitirá tener un mayor entendimiento de los efectos ecológicos (por ejemplo la composición de la comunidad) en las dinámicas de transmisión, así como una mayor capacidad de respuesta ante un brote en México.

LITERATURA CITADA

1. All about birds. <http://www.allaboutbirds.org/>
2. Altizer S. D. Harvell y F. Friedle. 2003. Rapid evolutionary dynamics and disease threats to biodiversity. *TRENDS in Ecology and Evolution* 18: 598-596.
3. Akov Y. y R. Goldwasser. 1966. Prevalence of antibodies to arboviruses in various animals in Israel. *Bull Wild Hlth Org.* 901-909.
4. Amberg P. 2001. An ecological law and its macroecological consequences as revealed by studies of relationships between host densities and parasite prevalence. *Ecography* 24:352–358.
5. Berrocal L., J. Peña, M. González y S. Mattar. 2006. Virus del Oeste del Nilo y epidemiología de un patógeno en Colombia. *Revista de Salud Pública* 8: 218-228.
6. BirdLife International. 2011. The BirdLife checklist of the birds of the world, with conservation status and taxonomic sources. Version 4. Downloaded from <http://www.birdlife.info/im/species/checklist.zip>
7. BirdLife International. 2013. <http://www.birdlife.org> 26/07/2013.
8. Blitvich B., I. Fernández-Salas, J. F. Contreras-Cordero, N. L. Marlenee, J. I. González-Rojas, N. Komar, D. J. Gubler, C. H. Calisher y B. J. Beaty. 2003. Serologic evidence of West Nile Virus infection in horses, Coahuila state Mexico. *Emerging Infectious Diseases* 9: 853-856.
9. Blitvich B. 2008. Transmission dynamics and changing epidemiology of West Nile Virus. *Animal Health Research Reviews* 9:71-86.
10. Blomberg S. P., T. Garland, Jr. y A. R. Ives. 2003. Testing for phylogenetic signal in comparative data: behavioral traits are more labile. *Evolution* 57:717-745.
11. Bosh I., F. Herrera, J. C. Navarro, M. Lentino, A. Dupuis, J. Maffei, M. Jones, E. Fernández, N. Pérez, J. Pérez-Emán, A. E. Guimarães, R. Barrera, N. Valero, J. Ruiz, G. Velásquez, J. Martinez, G. Comach, N. Komar, A. Spielman y L. Kramer. 2007. West Nile Virus, Venezuela. *Emerging Infectious Diseases* 13: 651-653.
12. Bradley C. A. y S. Altizer. 2006. Urbanization and the ecology of wildlife diseases. *TRENDS in Ecology and Evolution* 22:95-102.

13. Bradley C. A., S. E. J. Gibbs y S. Altizer. 2008. Urban land use predicts West Nile Virus exposure in songbirds. *Ecological Applications* 18:1083–1092.
14. Brault A. 2009. Changing patterns of West Nile virus transmission: altered vector competence and host susceptibility. *Veterinary Research* 40:43.
15. Cadotte M. W., J. Davies, J. Regetz, S. W. Kembel, E. Cleland y T. H. Oakley. 2010. Phylogenetic diversity metrics for ecological communities: integrating species richness, abundance and evolutionary history. *Ecology letters* 13:96-105.
16. Calistri P. A. Giovannini¹, G. Savini, F. Monaco, L. Bonfanti, C. Ceolin, C. Terregino, M. Tamba P. Cordioli and R. Lelli. 2010. West Nile Virus Transmission in 2008 in North-Eastern Italy. *Zoonoses and Public Health* 57:211–219.
17. (CENAVECE). Centro nacional de Vigilancia enfermedades transmitidas por vector. <http://www.cenavece.salud.gob.mx/>
18. (CDC) Centers for Disease Control and Prevention. (2012). <http://www.cdc.gov/ncidod/dvbid/westnile/index.htm>
19. Chamberlain, S. M. Hovick, C. J. Dibble, N. L. Rasmussen, B. G. Van Allen, B. S. Maitner, J. R. Ahern, L. P. Bell-Dereske, C. L. Roy, M. Meza L., J. Carrillo, E. Siemann, M. J. Lajeunesse y K. D. Whitney. 2012. Does phylogeny matter? Assessing the impact of phylogenetic information in ecological meta-analysis. *Ecology Letters* 15: 627–636.
20. Chisenhall D. M y C. N Mores. 2009. Diversification of West Nile virus in a subtropical region. *Virology Journal* 6:1-9.
21. Ciota A.T., D.J. Ehrbar, G.A.V. Slyke, G. G. Willsey y L. D. Kramer. 2012. Cooperative interactions in the West Nile Virus mutant swarm. *Evolutionary Biology* 12:58.
22. Ciuderis-Aponte K. A. 2009. Virus del Oeste del Nilo (VON): Enfermedad zoonótica emergente de posible importancia en Colombia. *Orinoquia* 13:46-58.
23. Cohen M. 2000. Changing patterns of infectious diseases. *Nature* 406:762-767.

24. Cooper N., W. Jetz y R. P. Freckleton. 2010. Phylogenetic comparative approaches for studying niche conservatism. *Journal of Evolutionary Biology* 23:2529-2539.
25. (CCWHC) Canadian Cooperative Wildlife Health Centre. http://www.ccwhc.ca/wnv_report_2012.php?language=en
26. Cruz L., V. M. Cárdenas, M. Abarca, T. Rodríguez, R. Flores Reyna,, M. V. Serpas, R. E. Fontaine, D. W. C. Beasley, A. P. A. Travassos Da Rosa, S. C. Weaver, R. B. Tesh, A. M. Powers y G. Suárez-Rangel. 2005. Short report: serological evidence of West Nile Virus activity in El Salvador. *Am. J. Trop. Med. Hyg.* 72: 612–615.
27. Davies T. J. y A. B. Pedersen. 2008. Phylogeny and geography predict pathogen community similarity in wild primates and humans. *Proc. R. Soc. B* 275:1695–1701.
28. DeGroot J. P., R. Sugumaran¹, S. M. Brend, B. J. Tucker y L. C. Bartholomay. 2008. Landscape, demographic, entomological, and climatic associations with human disease incidence of West Nile virus in the state of Iowa, USA. *International Journal of Health Geographics* 7:19.
29. Díaz J. A. 2001. El método comparativo en Biología evolutiva. *Etologia* 19: 37-72.
30. Diaz-Badillo A., B. G. Bolling, G. Perez-Ramirez, C. G. Moore, J.P. Martinez-Munoz, A.A. Padilla-Viveros, M. Camacho-Nuez, A. Diaz-Perez, B. J. Beaty and M.L. Munoz. 2011. The distribution of potential West Nile Virus vectors, *Culex pipiens pipiens* and *Culex pipiens quinquefasciatus* (Diptera: Culicidae), in Mexico City. *Parasites & Vectors* 4:70.
31. Diaz L., N. Komar, A. Visintin, M. J. Dantur, M. Stein, R. Lobo Allende, L. Spinsanti, B. Königheim, J. Aguilar, M. Laurito, W. Almirón and Marta Contigiani. 2008. West Nile Virus in Birds, Argentina. *Emerging Infectious Diseases* 14:689-691.
32. Dobson A., I. Cattadori, R. Holt, R. Ostfeld, F. Keesing, Krichbaum, J. R. Rohr. 2006. Sacred cows and sympathetic squirrels: The Importance of biological diversity to human health. *PLOS Medicine* 3:714-718.
33. Dupuis A., P. Marra y L. D. Kramer. 2003. Serologic evidence of West Nile Virus transmission, Jamaica, West Indies. *Emerging Infectious Diseases* 9:860-863.

34. Dupuis A., P. Marra, R. Reitsma, M. J. Jones, K. L. Louie y L. Kramer. 2005. Short report: serologic evidence for west nile virus transmission in Puerto Rico and Cuba. *Am. J. Trop. Med. Hyg.*, 73: 474–476.
35. Elizondo-Quiroga D., C. Todd D., I. Fernández-Salas, R. Escobar-López, D. Velasco O. L. C. Soto G., M. Elizondo-Quiroga, J. I. Gonzalez-Rojas, J. F. Contreras C., H. Guzman, A. Travassos R., B. J. Blitvich y R. B. Tesh. 2005. West Nile Virus isolation in human and mosquitoes, México. *Emerging Infectious Diseases* 11:1449- 1452.
36. ECDC. European Centre for Disease Prevention and Control. 2012. <http://www.ecdc.europa.eu/en/Pages/home.aspx>
37. Ezenwa V. O., M. S Godsey, R. J. King y S. C. Guptill. 2006. Avian diversity and West Nile virus: testing associations between biodiversity and infectious disease risk. *Proc. R. Soc. B.* 273: 109–117.
38. Farfán-Ale J. A., M. A. Loroño-Pino, J. E. Garcia-Rejon , E. Hovav , A. M. Powers, M. Lin, K. S. Dorman, K. B. Platt , L.C. Bartholomay , V. Soto , B. J. Beaty, R. S. Lanciotti and B. J. Blitvich. 2009. Detection of RNA from a Novel West Nile-like Virus and High Prevalence of an Insect-specific Flavivirus in Mosquitoes in the Yucatan Peninsula of Mexico. *Am. J. Trop. Med. Hyg.* 80: 85–95.
39. Farfán-Ale J. A., M. A. Loroño-Pino, J. E. Garcia-Rejon, V. Soto, Ming Lin, M. Staley, K. S. Dorman, L.C. Bartholomay, E. Hovav and B. J. Blitvich. 2010. Detection of Flaviviruses and Orthobunyaviruses in mosquitoes in the Yucatan Peninsula of Mexico in 2008. *Vector-Borne and Zoonotic Diseases* 10:777-783.
40. Felsenstein J. 1985. Phylogenies and the Comparative Method. *The American Naturalist* 125:1-15.
41. Fernández-Salas I., M. de L. Garza-Rodríguez, B. J Beaty, J. Ramos Jiménez, A. M. Rivas-Estilla. 2007. Presencia del virus del oeste del Nilo en el noreste de México. *Salud Pública de México* 49: 210-217.
42. Freckleton R. N. Cooper y W. Jetz. 2011. Comparative methods as a statistical fix: the dangers of ignoring an evolutionary model. *The American Naturalist* 178:10-17.
43. Garland T. y S. Adolph. 1994. Why not do two-species comparative studies: limitations on inferring adaptation. *Physiological Zoology* 67:797-828.

44. Garland T., A. F. Bennet y E. L. Rezendle. 2005. Phylogenetic approaches in comparative physiology. *The Journal of Experimental Biology* 208:3015-3035.
45. Garza R. M. 2010. Serologic surveillance for West Nile Virus and other Flaviviruses in febrile patients, encephalitic patients. And asymptomatic blood donors in northern Mexico. *Vector-Borne and Zoonotic Diseases* 10:151-157.
46. Gilbert G. S. y C. O. Webb. 2007. Phylogenetic signal in plant pathogen–host range. *PNAS* 104: 4979–4983.
47. Givnish T. J. 1987. Comparative studies of leaf form: Assessing the relative roles of selective pressures and phylogenetic constraints. *New Phytology* 106:131-160.
48. Glaser A. 2004. West Nile virus and North America: an unfolding story. *Rev. sci. Tech. Off. Int. Epiz.* 23: 557-568.
49. Gómez J. M., M. Verdú y F. Perfectti. 2010. Ecological interactions are evolutionarily conserved across the entire tree of life. *Nature* 465:918-922.
50. Harvey P. H. y D. Pagel 1991. *The Comparative Method in Evolutionary Biology*. Oxford Monographs in Ecology and Evolution edited by Harvey, P.H. and May, R.M.. Oxford University Press.
51. Heinemann S. J. y J. N. Belkin. 1977. Collection Records of the Project “Mosquitoes of Middle America”. *Mosquito systematics* 9:483-534.
52. Hidalgo-Martínez F., I. Puerto, J. A. Farfán-Ale, J. E. García-Rejón, E. P. Rosado-Paredes, J. Méndez-Galván, R. Figueroa-Ocampo, I. Takashima, C. Ramos. 2008. Prevalencia de infección por el virus del Nilo occidental en dos zoológicos del estado de Tabasco. *Salud Pública de México* 50:76-85.
53. Ibarra- Juárez L., L. Eisen, B. G. Bolling, B. J. Beaty, B. J. Blitvich, R. M. Sánchez -Casas, Y. O. Ayala-Sulcay I. Fernández–Salas. 2012. Detection of West Nile virus-specific antibodies and nucleic acid in horses and mosquitoes, respectively, in Nuevo Leon State, northern Mexico, 2006–2007. *Medical and Veterinary Entomology* 26: 351–354.
54. ISI Web. <http://ip-science.thomsonreuters.com/es/productos/wok/>
55. IUCN. 2012. IUCN Red List of Threatened Species. Version 2012.2. www.iucnredlist.org.

56. Jetz W. G.H. Thomas, J. B. Joy, K. Hartmann y A. O. Mooers. 2012. The global diversity of birds in space and time. *Nature* 491:444-4448.
57. Jones K., N. G. Patel, M. A. Levy, A. Storeygard, D. Balk, J. L. Gittleman y P. Daszak. 2008. Global trends in emerging infectious diseases. *Nature* 451:990-993.
58. Keesing F., R. D. Holt y R.S. Ostfeld. 2006. Effects of species diversity on disease risk. *Ecology Letters* 9:485-498.
59. Kembel S.W., P.D. Cowan, M.R. Helmus, W.K. Cornwell, H. Morlon, D.D. Ackerly, S.P. Blomberg, and C.O. Webb. 2010. Picante: R tools for integrating phylogenies and ecology. *Bioinformatics* 26:1463-1464.
60. Kim K, Dobson AP, Gulland FMD, Harvell CD. 2005. Diseases and the conservation of marine biodiversity. In: Norse EA, Soule´ ME (eds) *Marine conservation biology: the science of maintaining the sea’s biodiversity*. Island Press, Washington, DC, pp 149–166.
61. Kilpatrick A. M., S. L. LaDeau y P.P. Marra. 2007. Ecology of West Nile Virus transmission and its impact on birds in the western hemisphere. *The Auk* 124:1121-1136.
62. Kilpatrick A.M., D. M. Fonseca, G. D. Ebel, M. R. Reddy y L. Kramer. 2010. Spatial and temporal variation in vector competence of *Culex pipiens ans Cx. restuans* mosquitoes for West Nile Virus. *Am. J. Trop. Med. Hyg.* 83:607-613.
63. Klenk K., J. Snow, K. Morgan, R. Bowen y M. Stephens. 2004. Alligators as West Nile virus amplifiers. *Emerging Infectious Diseases* 10:2150- 2155.
64. Klepac P., C. J. Metcalf, A. McLean y K. Hampson. 2013. Towards the endgame and beyond: complexities and challenges for the elimination of infectious diseases. *Phil. Trans R Soc B.* 368:20120137.
65. Komar N. 2003. West Nile Virus: Epidemiology and Ecology in North America. *Advances in Virus Research* 61:185-234.
66. Komar N., S. Langevin, S. Hinten, N. Nemeth, E. Edwards, D. Hettler, B. Davis, R. Bowen y M. Bunning. 2003. Experimental infection of North America.n birds with the New York 1999 strain of West Nile Virus. *Emerging Infectious Diseases* 9:311-322.
67. Kramer L. D., L. M. Styer y G. D. Ebel. 2008. A global perspective on the epidemiology of West Nile Virus. *Annu. Rev. Entomol* 53:61-81.

68. LaDeau S. A. M. Kilpatrick y P. Marra. (2007). West Nile virus emergence and large-scale declines of North American bird populations. *Nature* 447:710-714.
69. Longdon B., J. D. Hadfield, C. L. Webster, D. J. Obbard y F. M. Jiggins. 2011. Host phylogeny determines viral persistence and replication in novel host. *PLOS pathogens* 7: e1002260.
70. Loroño-Pino M. A., B. J. Blitvich, J. A. Farfán-Ale, F. I. Puerto, J. M. Blanco, N. L. Marlenee, E. P. Rosado-Paredes, J. E. García-Rejón, D. J. Gubler, C. H. Calisher, B. J. Beaty. 2003. Serologic evidence of West Nile Virus infection in horses, Yucatan state México. *Rev Biomed* 14:159-161.
71. Loss S. R., G. I. L. Hamer, T. L. Goldberg, M. O. Ruiz, U. D. Kitron, E. D. Walker, and J. D. Brawn. 2009. Nestling Passerines Are Not Important Hosts for Amplification of West Nile Virus in Chicago, Illinois. *Vector-Borne and Zoonotic Diseases* 9: 13-17.
72. MacKenzie V. J. y N. E. Goulet. 2010. Bird community composition linked to human West Nile Virus cases along the Colorado Front Range. *EcoHealth* 7: 439–447.
73. Margolis L. G. W. Esch, J. C. Holmes, A. M. Kuris, G. A. Schad. 1982. The Use of Ecological Terms in Parasitology. *The Journal of Parasitology* 68:131-133.
74. Marra P. P., S. Griffing, C. Caffrey, A. M. Kilpatrick, R. McLean, C. Brand, E. Saito, A. P. Dupuis, L. Kramer y R. Novak. 2004. West Nile Virus and Wildlife. *BioScience* 54: 393-402.
75. Morales-Betoulle M., E. Morales-Betoulle, N. Komar, N. A. Panella, D. Alvarez, M. R. López, Jean-Luc Betoulle, S. M. Sosa, M. L. Müller, A. M. Kilpatrick, R. S. Lanciotti, B. W. Johnson, A. M. Powers, C. Cordón-Rosales, and the Arbovirus Ecology work group. 2013. West Nile Virus ecology in a tropical ecosystem in Guatemala. *Am. J. Trop. Med. Hyg.* 88: 116–126.
76. Mulatti P., L. Bonfanti, G. Capelli, K. Capello, M. Lorenzetto, C. Terregino, F. Monaco, G. Ferri y S. Marangon. 2012. West Nile Virus in North-Eastern Italy, 2011: Entomological and Equine IgM-Based Surveillance to Detect Active Virus circulation. *Zoonoses and Public Health*
77. Münkemüller T. , S. Lavergne, B. Bzeznik, S. Dray, T. Jombart, K. Schifffers and W. Thuiller. 2012. How to measure and test phylogenetic signal. *Methods in Ecology and Evolution* 3:743-756.

78. Murray K. O., C. Walker y E. Gould. 2011. The virology, epidemiology, and clinical impact of West Nile virus : a decade of advancements in research since its introduction into the Western Hemisphere. *Epidemiol. Infect.* 139: 807–817.
79. Naing L. T. Winn y B. N. Rusli. 2006. Practical issues in calculating the simple size for prevalence studies. *Archives of Orofacial Sciences* 1: 9-14.
80. Navarro S. A. y A. Gordillo. 2006. Catálogo de Autoridades Taxonómicas de las Aves de México. Facultad de Ciencias, UNAM. Base de datos del Sistema Nacional de Información sobre Biodiversidad. Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad. Proyecto CS010. México, D.F.
81. Nunn C. L. y R. A. Barton. 2001. Comparative methods for studying primate adaptation and allometry. *Evolutionary Anthropology* 10:77-116.
82. Nunn C. L., S. Altizer, K. E. Jones y W. Sechrest. 2003. Comparative test of parasite species richness in primates. *The American Naturalist* 162:597-614.
83. OIE (Organización Mundial de Sanidad Animal). 2010. Update on the epidemiological situation of West Nile Fever. *Bulletin OIE.* 4:49-52.
84. OMS. 2013. Organización Mundial de la Salud. <http://www.who.int/es/>
85. Ostfeld R. S. y F. Keesing. 2012. Effects of Host Diversity on Infectious Disease. *Annu. Rev. Ecol. Evol. Syst.* 43:157–82.
86. Owen J., F. Moore, N. Panella, E. Edwards, R. Bru, M. Hughes y N. Komar. 2006. Migrating birds as dispersal vehicles for West Nile Virus. *EcoHealth* 3:79-85.
87. Pesko K. N. y G. D. Ebel. 2012. West Nile virus population genetics and evolution. *Infection, Genetics and Evolution* 12:181–190.
88. Peterson A. T., D. A. Viegas y J. K. Andreasen. 2003. Migratory Birds Modeled as Critical Transport Agents for West Nile Virus in North America. *Vector-Borne and Zoonotic Diseases* 3:27-37.
89. Peterson A. T. , N. Komar, O. Komar, A. Navarro-Sigüenza, M. B. Robbins y E. Martínez-Meyer. 2004. Priority contribution West Nile virus in the New

- World: potential impacts on birds species. 2004. *Bird Conservation International* 14:215-232.
90. PubMed. <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed>
91. Rappole J. H., S. R. Derrickson y Z. Hubalek. 2000. Migratory birds and spread of West Nile Virus in the Western Hemisphere. *Emerging Infectious Diseases* 6:319-328.
92. Reed K. D., J. K. Meece, J. S. Henkel. 2003. Birds, Migration and Emerging Zoonoses: West Nile Virus, Lyme Disease, Influenza A and Enteropathogens. *Clinical Medicine & Research* 1:5-12.
93. Rohlf F. J. 2006 A comment on phylogenetic correction. *Evolution* 60:1509-1515.
94. Salkeld D.J., K. A. Padgett y J. Holland. 2013. A meta-analysis suggesting that the relationship between biodiversity and risk of zoonotic pathogen transmission is idiosyncratic. *Ecology Letters* 16:679-686.
95. Sambri V., M. Capobianchi, R. Charrel, M. Fyodorova, P. Gaibani, E. Gould, M. Niedring, A. Papa, A. Pierro, G. Rossini, S. Varani, C. Vocale y M. P. Landini. 2013. West Nile virus in Europe: emergence, epidemiology, diagnosis, treatment, prevention. *Clinical Microbiology and Infection* 19:699-704.
96. Serafeim C. C., A. Chaskopoulou, T. Chassalevris, P. G. Koehler. M. Papanastassopoulou y C. I. Dovas. 2013. West Nile Virus lineage 2 strain in Greece, 2012. *Emerging Infectious Diseases* 19:827-829.
97. Srivastava D., M. W. Cadotte, A. A. M MacDonald y R. G. Marushina y N. Mirotchnick. 2012. Phylogenetic diversity and the functioning of ecosystems. *Ecology Letters* 15:637-648.
98. Theodorsson-Norheim E. 1986. Kruskal-Wallis test: BASIC computer program to perform nonparametric one-way analysis of variance and multiple comparisons on ranks of several independent samples. *Computer methods and programs in biomedicine* 23:57-62.
99. Tsan-Yuk T., H. S. Ip., B. Ghedin, D. E. Wentworth, R. A. Halpin, T. B. Stockwell, D. J. Spiro, R. J. Dusek, J. B. Bortner, J. Hoskins, B. Bales, D. Yparraguirre y E. C. Holmes. 2012. Migratory flyway and geographical distance are barriers to gene flow of influenza virus among North American birds. *Ecology Letters* 15:24-33.

100. Ulloa A., H. Ferguson, J. D. Méndez-Sánchez, R. Danis-Lozano, M. Cassa-Martínez, J. G. Bond, J. C. García-Zebadúa, A. Orozco-Bonilla, J. A. Juárez-Ordaz, J. A. Farfan-Ale, J. E. García-Rejón, E. P. Rosado-Paredes, E. Edwards, N. Komar, H. K. Hassan, T. R. Unnasch, M. A. Rodríguez-Pérez. 2009. West Nile Virus activity in Mosquitoes and domestic animals in Chiapas, Mexico. *Vector-Borne and Zoonotic Diseases* 9:555-560.
101. Vamosi S. M., S. B. Heard, J. C. Vamosi, C. O. Webb. 2009. Emerging patterns in the comparative analysis of phylogenetic community structure. *Molecular Ecology* 18:572–592
102. Zheng Y. X. H., W. F. de Boer, F. van Langevelde, V. Olson, T. M. Blackburn, H. H. T. Prins. 2013. Species' Life-History traits explain interspecific variation in reservoir competence: A possible mechanism underlying the Dilution Effect. *PLOS ONE* 8: e54341.
103. Zeller H. G. y I. Schuffenecker. 2004. West Nile Virus: An overview of its spread in Europe and the Mediterranean Basin in contrast to its spread in the Americas. *Eur J Clin Microbiol Infect Dis* 23:147–156

ANEXO I. ESTUDIOS CASO

1. Albayrak H. y E. Ozan. 2010. Molecular detection of avian Influenza Virus but not West Nile Virus in wild birds in northern Turkey. *Zoonoses and Public Health* 57:71–75.
2. Akov Y. y R. Goldwasser. 1966. Prevalence of antibodies to arboviruses in various animals in Israel. *Bull Wild Hlth Org.* 34: 901-909.
3. Angelini P, M. Tamba, A. C. Finarelli, R. Bellini, A. Albieri, P. Bonilauri, F. Cavrini, M. Dottori, P. Gaibani, E. Martini, A. Mattivi, A. M. Pierro, G. Rugna, V. Sambri, G. Squintani, P. Macini. 2010. West Nile Virus circulation in Emilia-Romagna, Italy: the integrated surveillance system 2009. *Euro Surveillance* 15: 19547.
4. Balanca G., N. Gaidet, G.Savini, B. Vollot, A.Foucart, P. Reiter, A. Boutonnier, R. Lelli y F. Monicat. 2006. Low West Nile Virus Circulation in Wild Birds in an area of recurring outbreaks in southern France. *Vector-Borne and Zoonotic Diseases* 9:437-741.
5. Bell J. A., C. M. Brewer, N. J. Mickelson, G. W. Garman y J. A. Vaughan. 2006. West Nile Virus epizootiology, central Red River Valley, North Dakota and Minnesota, 2002–2005. *Emerging Infectious Diseases* 12: 1245-1247.
6. Bernard K. A., J. G. Maffei, S. A. Jones, E. B. Kauffman, G. D. Ebel, A. P. Dupuis, K. A. Ngo, D. C. Nicholas, D. M. Young, P. Y. Shi, V. L. Kulasekera, M. Eidson, D. J. White, W. B. Stone, NY State West Nile Virus Surveillance Team L. D. Kramer. 2001. West Nile Virus Infection in Birds and Mosquitoes, New York State, 2000. *Emerging Infectious Diseases* 7: 679-685.
7. Beverotht A., M. P. Ward, R. L. Lampman, A. Ringia y R. J. Novak. 2006. Changes in seroprevalence of West Nile Virus across Illinois in free-ranging birds from 2001 through 2004 *Am. J. Trop. Med. Hyg.* 74:174–179.
8. Bosh I., F. Herrera, J.C. Navarro, M. Lentino, A. Dupuis, J. Maffei, M. Jones, E. Fernández, N. Pérez, J. Pérez-Emán, A. Erico, R. Barrera, N. Valero, J. Ruiz, G. Velázquez, J. Martínez, G. Comach, N. Komar, A. Spielman y L.

- Kramer. 2007. West Nile Virus Venezuela. *Emerging Infectious Diseases* 13:651- 653.
9. Bradley C. A., S. E. J. Gibbs y S. Altizer. 2008. Urban land use predicts West Nile virus exposure in songbirds. *Ecological Applications* 18:1083–1092.
 10. Buckley A., A. Dawson, S. R. Moss, S. A. Hinsley, P. E. Bellamy and E. A. Gould. 2008. Serological evidence of West Nile Virus, Usutu virus and Sindbis virus infection of birds in the UK. *Journal of General Virology* 84:2807-2817.
 11. Calistri P., A. Giovannini, G. Savini, F. Monaco, L. Bonfati, C. Ceolin, C. Terregino, M. Tamba, P. Cordiolo y R. Lelli. 2010. West Nile Virus transmission in 2008 in North-Eastern Italy. *Zoonoses Public Health* 57:211-219.
 12. Calzolari M., P. Galbani, R. Bellini, et al. 2012. Mosquito, Bird and Human Surveillance of West Nile and Usutu Viruses in Emilia-Romagna Region (Italy) in 2010. *PLoS ONE* 7: e38058. doi:10.1371/journal.pone.0038058
 13. CCWHC Canada Cooperative Wildlife Health Centre. Dead birds for West Nile Virus 2009. http://www.ccwhc.ca/wnv_report_2009.ph
 14. CCWHC Canada Cooperative Wildlife Health Centre. Dead birds for West Nile Virus 2010. http://www.ccwhc.ca/wnv_report_2010.ph
 15. CCWHC Canada Cooperative Wildlife Health Centre. Dead birds for West Nile Virus 2011. http://www.ccwhc.ca/wnv_report_2011.ph
 16. CCWHC Canada Cooperative Wildlife Health Centre. Dead birds for West Nile Virus 2012. http://www.ccwhc.ca/wnv_report_2012.ph
 17. (CENAVECE). Centro nacional de Vigilancia enfermedades transmitidas por vector. <http://www.cenavece.salud.gob.mx/>

18. (CDC) Centers for Disease Control and Prevention. (2012). <http://www.cdc.gov/ncidod/dvbid/westnile/index.htm>
19. Chevalier V., P. Reynaud, T. Lefrançois, B. Durand, F. Baillon, G. Balança, N. Gaidet, B. Mondet, y R. Lancelot. 2009. Predicting West Nile Virus seroprevalence in wild birds in Senegal, Vector-borne and Zoonotic Diseases 9: 589-596.
20. Díaz L., N. Komar, A. Visintin, M. J. Dantur, M. Stein, R. Lobo, L. Spinsanti, B. Konigheim, J. Aguilar, M. Laurito, W. Almiron y M. Contigiani. 2008. West Nile Virus in birds, Argentina. Emerging Infectious Diseases 14:689-691.
21. Dubé M. C., D. M. Bird, A. Dibernardo, L. R. Lindsay, H. Charest. 2010. Prevalence of West Nile Virus in wild american kestrels. Journal of Wildlife Diseases 46:603–607.
22. Dupuis A. P., P. P. Marra y L. D. Kramer. 2003. Serologic evidence of West Nile Virus transmission, Jamaica, West Indies. Emerging Infectious Diseases 9:860-863.
23. Dupuis 2005 Short report: serologic evidence for West Nile virus transmission in Puerto Rico and Cuba. Am. J. Trop. Med. Hyg. 73: 474–476.
24. Dusek R. J., R. G. McLean, L. D. Kramer, S. R. Ubico, A. P. Dupuis, G. D. Ebel y S. C. Guptill. 2009. Prevalence of West Nile Virus in migratory birds during spring and fall migration. Am. J. Trop. Med. Hyg. 81:1151–1158.
25. Eidson M., N. Komar, F. Sorhage, R. Nelson, T. Talbot, F. Mostashari, R. McLean y West Nile Virus avian mortality surveillance group. 2001b. Crow Deaths as a sentinel surveillance system for West Nile Virus in the Northeastern United States, 1999. Emerging Infectious Diseases 7:615-620.

26. Farfán-Ale J. A., B. J. Blitvich, M. A. Loroño-Pino N. L. Marlenee, E. P. Rosado-Paredes, J. E. García-Rejón, L. Flores-Floes, L. Chulim-Perera, M. López-Urbe, G. Pérez-Mendoza, I. Sanchez-Herrera, W. Santamaría, J. Moo-Huchim, D. J. Gubler, B. C. Cropp, C. H. Calisher y B. J. Beaty. 2004. Longitudinal Studies of West Nile Virus infection in avians, Yucatán state, México. *Vector-Borne and Zoonotic Diseases* 4: 3- 13.
27. Farfán-Ale J. A., B. J. Blitvich, N. L. Marlenee, M. A. Loroño-Pino, F. Puerto-Manzano, J. E. García-Rejón, E. P. Rosado-Paredes, L. F. Flores-Flores, A. Ortega-Salazar, J. Chávez-Medina, J. C. Cremieux-Grimaldi, F. Correa-Morales, G. Hernández-Gaona, J. F. Méndez-Galván y B. J. Beaty. 2006. Antibodies to West Nile Virus in asymptomatic mammals, birds, and reptiles in the Yucatan peninsula of Mexico. *Am. J. Trop. Med. Hyg.* 74: 908–914.
28. Fernández-Salas I. M. L. Garza, B. J. Beaty, J. Ramos y A. M. Rivas-Estilla. 2003. Presencia del virus del Oeste del Nilo en el noreste de México. *Salud Pública de México* 49:210-217.
29. Figuerola J., M. A. Jiménez-Clavero, G. Rojo, C. Gómez-Tejedor y R. Soriguer. 2007. Prevalence of West Nile Virus neutralizing antibodies in colonial aquatic birds in southern Spain. *Avian Pathology* 36:209-212.
30. Figuerola J., R. Soriguer, G. Rojo, C. Gómez y M. A. Jiménez-Clavero. 2007. Seroconversion in wild birds and local circulation of West Nile Virus, Sapin. *Emerging Infectious Diseases* 13: 1915-1917.
31. Figuerola J., R. E. Baouab, R. Soriguer, O. Fassi-Fihri, F. Llorente, M. A. Jimenez-Clavero. 2009. West Nile Virus antibodies in wild birds, Morocco, 2008. *Emerging Infectious Diseases* 15:1651-1653.
32. Gancz A. Y., D. G. Campbell, I. K. Barker, R. Lindsay, B. Hunter. 2004. Detecting West Nile Virus in owls and raptors by an antigen-capture assay. *Emerging Infectious Diseases* 10:2204-2206.
33. Gibbs West Nile Virus antibodies in avian species of Georgia USA: 2000–2004. *Vector-Borne and Zoonotic Diseases* 6:57-72.

34. Gleiser R. M. A. J. Mackay, A. Roy, M. M. Yates, et al. 2007. West Nile Virus surveillance in East Baton Rouge Parish, Louisiana. *Journal of the American Mosquito Control Association* 23:29–36.
35. Godsey M., M. S. Blackmore, N. A. Panella, et al. 2005. West Nile Virus epizootiology in the southeastern United States, 2001. *Vector-Borne and Zoonotic Diseases* 5:82-89.
36. Hamer G., E. Walker, J. Brawn, S. Loss, M. Ruiz, T. Goldberg, A. Schotthoefer, W. M. Brown, E. Wheeler y U. D. Kitron. 2008 Rapid amplification of West Nile Virus: The Role of Hatch-Year Birds. *Vector-borne and Zoonotic Diseases* 8:57-67.
37. Hamer S.A., E. Lehrer and S.B.Magle. 2012. Wild Birds as Sentinels for Multiple Zoonotic Pathogens Along an Urban to Rural Gradient in Greater Chicago, Illinois. *Zoonoses and Public Health* 59: 355-364.
38. Hidalgo-Martínez F., I. Puerto, J. A. Farfán-Ale, J. E. García-Rejón, E. P. Rosado-Paredes, J. Méndez-Galván, R. Figueroa-Ocampo, I. Takashima, C. Ramos. 2008. Prevalencia de infección por el virus del Nilo occidental en dos zoológicos del estado de Tabasco. *Salud Pública de México* 50:76-85.
39. Hubálek Z., E. Wegner, J. Halouzka, P. Tryjanowski, L. Jerzak, S. Sikutová, I. Rudolf, A. Kruszewicz, Z. Jaworski y R. Włodarczyk. 2008. Serologic survey of potential vertebrate hosts for West Nile Virus in Poland. *Viral Immunology* 21: 247-253.
40. Hull J., A. Hull, W. Reisen, Y. Fang y H. Ernest. 2006. Variation of West Nile Virus antibody prevalence in migrating and wintering hawks in central California. *The Condor* 108:435-439.
41. Hunsperger E., K. McElroy, K. Bessoff, C. Colón, R. Barrera y J. L. Muñoz-Jordán. 2009. West Nile Virus from blood donors, vertebrates and mosquitoes, Puerto Rico, 2007. *Emerging Infectious Diseases* 15: 1298-1300.

42. Jourdain E., H. G. Zeller, P. Sabatier, S. Murri, Y. Kayser, T. Greenland, M. Lafaye y M. Gauthier-Clerc. 2008. Prevalence of West Nile Virus neutralizing antibodies in wild birds from the Camargue area, southern France. *Journal of Wildlife Diseases* 44: 766–771.
43. Jourdain E., B. Olsen, A. Lundkvist, Z. Hubálek, S. Sikutova, J. Waldenstrom, M. Karlsson, M. Wahlström, M. Jozan y K. I. Falk. 2011. Surveillance for West Nile Virus in wild birds from Northern Europe. *Vector-Borne and Zoonotic Diseases* 11: 77-79.
44. Joyner P. H., S. Kelly, A. A. Shreve, S. E. Snead, J. M. Sleeman y D. A. Pettit. 2006. West Nile Virus in raptors from Virginia during 2003: clinical, diagnostic, and epidemiologic findings. *Journal of Wildlife Diseases* 42: 335–344.
45. Jozan M., R. Evans, R. Mclean, R. Hall, B. Tangredi, L. Reed y J. Scott. 2003. Detection of West Nile Virus infection in birds in the United States by blocking ELISA and Immunohistochemistry. *Vector-Borne and Zoonotic Diseases* 3: 99-110.
46. Jung-Yong Y., K. Hyun-Ju, N. Jin-Ju, L. Hang, K. Young-Jun, M. Jin-San, C. In-Soo, C. In-Soo, S. Chang-Seon y L. Joong-Bok. 2011. Surveillance for West Nile Virus in dead wild birds, South Korea, 2005–2008. *Emerging Infectious Diseases* 17:299-301.
47. Juricová Z., Z. Hubálek, J. Halouzka, P. Macháček. 1993. Virologic detection of arboviruses in greater cormorants. *Vet Med Praha* 38:375-379.
48. Koenig W., L. Marcus, T. W. Scott, and J. L. Dickinson. 2007. West Nile Virus and California breeding bird declines. *Ecohealth* 4: 18-24.
49. Komar N., N. A. Panella, J. E. Burns, S. W. Dusza, T. M. Mascarenhas and T. O. Talbot. 2001. Serologic Evidence for West Nile Virus infection in birds in the New York city vicinity during an outbreak in 1999. *Emerging Infectious Diseases* 7:621-625.

50. Komar N., R. Lanciotti, R. Bowen, S. Langevin y M. Bunning. 2002. Detection of West Nile Virus in oral and cloacal swabs collected from birds carcasses. *Emerging Infectious Diseases* 8:741-742.
51. Komar O., M. Robbins, K. Klenk, B. J. Blitvich, N. L. Marlenee, K. L. Burkhalter, D. J. Gubler, G. González, C. J. Peña, A. Townsend y N. Komar. 2003. West Nile Virus transmission in resident birds, Dominican Republic. *Emerging Infectious Diseases* 9: 1299-1302.
52. Komar O. M. Robbins, G. Guzmán et al. 2005a. West Nile Virus Survey of Birds and Mosquitoes in the Dominican Republic. *Vector-Borne and Zoonotic Diseases* 5:120-126.
53. Komar N. N. A. Panella, S. A. Langevin, et al. 2005b. Avian host for West Nile Virus in ST. Tammany Parish Louisiana, 2002. *Am. J. Trop. Med. Hyg.* 73:1031-1037.
54. Kwan J., S. Kluh y W. K. Reisen. 2012. Antecedent avian immunity limits tangential transmission of West Nile Virus to Humans *PLoS ONE* 7: e34127. doi:10.1371/journal.pone.0034127.
55. Lillibridge K. M., R. Parsons, Y. Randle, A. Travassos, A. Bala, R. Pascua, T. Meyer, D. Vanlandingham y R. B. Tesh. 2004. The 2002 introduction of West Nile Virus into Harris County, Texas an area historically endemic for St. Louis encephalitis. *Am. J. Trop. Med. Hyg.* 70:676–681.
56. Linke S. M. Niedring, A. Kaiser, H. Ellerbrok, K. Müller, et al. 2007. Serologic Evidence of West Nile Virus infections in wild birds captured in Germany. *Am. J. Trop. Med. Hyg.* 77: 358–364.
57. López G., M. A. Jiménez-Clavero, C. Gómez-Tejedor, R. Soriguer, J. Figuerola. 2008. Prevalence of West Nile Virus neutralizing antibodies in Spain is related to the behavior of migratory birds. *Vector-Borne and Zoonotic Diseases* 8:1-7.

58. López G., M. A. Jiménez-Clavero, A. Vázquez, R. Soriguer, C. Gómez-Tejedor, A. Tenorio and J. Figuerola. 2011. Vector-Borne and Zoonotic Diseases 11:285-290.
59. Loss S. R., G.L. Hamer, T. L. Goldberg, M.O. Ruiz, U. D. Kitron, E. D. Walkern y J. D. Brawn. 2009a. Nestling passerines are not important hosts for amplification of West Nile Virus in Chicago, Illinois. Vector-Borne and Zoonotic Diseases 9:13-17.
60. Loss S. R., G. L. Hamer, E. D. Walker, M. O. Ruiz, T. L. Goldberg, U. D. Kitron and J. D. Brawn. 2009b. Avian host community structure and prevalence of West Nile Virus in Chicago, Illinois. *Oecologia* 159: 415-424.
61. Ludwig G.V., P.P. Calle, J.K. Mangiafico, B. L. Raphael, D. K. Danner, J. A. Hile, T. L. Clippinger, J. F. Smith, R. A. Cook y T. Mcnamara. 2002. An outbreak of West Nile Virus in a New York City captive wildlife population. *Am. J. Trop. Med. Hyg.* 67: 67–75.
62. Marfin A. A., L. R. Petersen, M. Eidson, J. Miller, J. Hadler, C. Farello, B. Werner, G. L. Campbell, M. Layton, P. Smith, E. Bresnitz, M. Cartter, J. Scaletta, G. Obiri, M. Bunning, R. C. Craven, J. T. Roehrig, K. G. Julian, S. R. Hinten, D. J. Gubler y ArboNET Cooperative Surveillance Group. 2001. Widespread West Nile Virus Activity, Eastern United States, 2000. *Emerging Infectious Diseases* 7: 730-735.
63. Malkinson M., C. Banet, Y. Weisman, S. Pokamunski, R. King, M. T. Drouet y V. Deubel. 2002. Introduction of West Nile Virus in the middle east by migrating White storks. *Emerging Infectious Diseases* 8:392-397.
64. Molaei G., R. F. Cummings , T. Su , P. M. Armstrong , G. A. Williams, M. L. Cheng , J. P. Webb y T. G. Andreadis. 2010. Vector-Host interactions governing epidemiology of West Nile Virus in Southern California. *Am. J. Trop. Med. Hyg.* 83(6):1269–1282.

65. Monaco F., R. Lelli, L. Teodori, C. Pinoni, A. Di Gennaro, A. Polci, P. Calistri y G. Savini. 2010. Re-Emergence of West Nile Virus in Italy. *Zoonoses and Public Health* 57: 476–486.
66. Murata R., K. Hashiguchi, K. Yoshii, H. Kariwa, K. Nakajima. 2011. Seroprevalence of west Nile Virus in wild birds in far eastern Russia using a focus Reduction Neutralization Test *Am. J. Trop. Med. Hyg* 84: 461–465.
67. Nemeth N. M., S. Beckett, E. Edwards, K. Klenk y N. Komar. 2007a. Avian mortality surveillance for West Nile Virus in Colorado. *Am. J. Trop. Med. Hyg.* 76:431–437.
68. Nemeth N., G. Kratz, E. Edwards, J. Scherpelz, R. Bowen and N. Komar. 2007b. Surveillance for West Nile Virus in clinic-admitted raptors, Colorado. *Emerging Infectious Diseases* 13: 305-307.
69. Nemeth N. M., G. R. Young, K. L. Burkhalter, A. C. Brault, W. K. Reisen, N. Komar. 2009. West Nile Virus detection in nonvascular feathers from avian carcasses. *J. Vet. Diagn. Invest.* 21:616-622.
70. Nemeth N., A. M. Bosco-Lauth, R. H. Sciulli, R. B. Gose, M. T. Nagata y R. A. Bowen. 2010. Serosurveillance for Japanese Encephalitis and West Nile Viruses in resident birds in Hawai'i. *Journal of Wildlife Disease* 46:659-664.
71. Niczyporuk J.S., E. Samorek-Salamonowicz, W. Kozdruń y Z. Mizak. 2011. The survey of wild birds for West Nile virus in Poland. *Polish Journal of Veterinary Sciences* 14:573-577.
72. O'brien V. A., C. U. Meteyer, W. K. Reisen, H. S. Ip. y C. R. Brown. 2010. Prevalence and pathology of West Nile Virus in naturally infected House Sparrows, Western Nebraska, 2008. *Am. J. Trop. Med. Hyg.* 82:937-944.
73. Reisen W. K., B. D. Carroll, R. Takahashi, Y. Fang, S. Garcia, Vincent M. Martinez y R. Quiring. 2009. Repeated West Nile Virus Epidemic Transmission in Kern County, California, 2004–2007. *J Med Entomol* 46: 139–157.

74. Reisen W.K., S. S. Wheeler, S. García and Y. Fang. 2010. Migratory birds and the dispersal of Arboviruses in California. *Am. J. Trop. Med. Hyg.* 83: 808–815.
75. Ringia A.M., B. J. Blitvich, H.Y. Koo, M. V. Wyngaerde, J. D. Brawn y R. J. Novak. 2004. Antibody prevalence of West Nile Virus in birds, Illinois, 2002. *Emerging Infectious Diseases* 10:1120-1124.
76. Saito E. K., L. Sileo, D. E. Green, C. U. Meteyer, G. S. McLaughlin, K. A. Converse, y D. E. Dochert. 2007. Raptor mortality due to West Nile virus in the United States, 2002. *Journal of Wildlife Diseases* 43:206–213.
77. Saito M., Y. Osa y M. Asakawa. 2009. Antibodies to Flaviviruses in wild ducks captured in Hokkaido, Japan: Risk assessment of invasive Flaviviruses. *Vector-Borne and Zoonotic Diseases* 9:253-258
78. Savini G., G. Capelli, F. Monaco, A. Polci, F. Russo, A. Di Gennaro, V. Marini, L. Teodori, F. Montarsi, C. Pinoni, M. Pisciella, C. Terregino, S. Marangon, I. Capua, R. Lelli. 2012. Evidence of West Nile virus lineage 2 circulation in Northern Italy. *Veterinary Microbiology* 158:267-273.
79. Seidowski West Nile Virus monitoring of migratory and resident birds in Germany *Vector-Borne and Zoonotic Diseases* 10:639-647.
80. Shelite T. R., C. M. Rogers, B. R. Litzner, R. R. Johnson y M. A. Schneegurt. 2008. West Nile Virus antibodies in permanent resident and overwintering migrant birds in South-Central Kansas. *Vector-Borne and Zoonotic Diseases* 8:321-329.
81. Soler-Tovar D. y V. Vera. 2011. Evaluación del Virus del Oeste del Nilo en aves silvestres de una isla del Caribe colombiano. *Ornitología Colombiana* 11:14-20.

82. Stone W. B., J. E. Therrien, R. Benson, L. Kramer, E. B. Kauffman, M. Eidson y S. Campbell. 2005. Assays to detect West Nile Virus in dead birds. *Emerging Infectious Diseases* 11:1770-1773.
83. Tamba M., P. Bonilauri, R. Bellini, M. Calzolari, A. Albieri, V. Sambri, M. Dottor y P. Angelini. 2011. Detection of Usutu Virus Within a West Nile Virus Surveillance Program in Northern Italy. *Vector-Borne and Zoonotic Diseases* 11:551-557.
84. Tesh R. B, R. Parsons, M. Siirin, Y. Randle, C. Sargent, H. Guzman, T. Wuithiranyagool, S. Higgs, D. L. Vanlandingham, A. A. Bala, K. Haas y B. Zerinque. 2004. Year-round West Nile Virus activity, Gulf Coast region, Texas and Louisiana. *Emerging Infectious Diseases* 10:1649-1652.
85. (USGS) U.S. Geological Survey. 2012. <http://www.usgs.gov/>
86. Valiakos G., A. Touloudi, L. Athanasiou, A. Giannakopoulos, C. Lacovakis, P. Birtsas, V. Spyrou, Z. Dalabiras, L. Petrovska, C. Billinis. 2012. Serological and molecular investigation into the role of wild birds in the epidemiology of West Nile virus in Greece. *Virology Journal* 9:2-6.
87. Wheeler S. S., C. M. Barker, Y. Fang, M. V. Armijos, B. D. Carroll, S. Husted, W. O. Johnson y W. K. Reisen. 2009. Differential impact of West Nile Virus on California birds. *Condor* 111:1–20.
88. Ziegler U., D. Seidowski, J. Angenvoort, M. Eiden, K. Müller, N. Nowotny, M. H. Groschup. 2012. Monitoring of West Nile Virus Infections in Germany. *Zoonoses and Public Health* 59:95-101.

Anexo 2. Especies de aves analizadas para Virus del Oeste del Nilo

	Orden	Familia	Especie	Susceptibilidad	Prevalencia	México
1	Anseriformes	Anatidae	Aix galericulata	ND	ND	NP
2			Aix sponsa	S	ND	P
3			Alopochen aegyptiaca	S	ND	NP
4			Anas acuta	S	ND	P
5			Anas clypeata	ND	ND	P
6			Anas crecca	S	ND	P
7			Anas cyanoptera	S	ND	P
8			Anas formosa	ND	ND	NP
9			Anas fulvigula	S	ND	P
10			Anas penelope	S	ND	P
11			Anas platyrhynchos	S	0.2	P
12			Anas poecilorhyncha	S	0	NP
13			Anas puna	S	ND	NP
14			Anas querquedula	ND	0	P
15			Anas strepera	ND	ND	P
16			Anas undulata	S	ND	NP
17			Anser albifrons	S	0	P
18			Anser anser	S	0	NP
19			Anser brachyrhynchus	ND	0	NP
20			Anser cygnoides	S	0	NP
21			Anser erythropus	ND	ND	NP
22			Anser fabalis	ND	ND	NP
23			Aythya affinis	S	ND	P
24			Aythya americana	ND	ND	88 ^P
25			Aythya collaris	ND	ND	P
26			Aythya ferina	ND	0	NP
27			Aythya fuligula	ND	ND	NP

28			<i>Aythya marila</i>	S	ND	P
29			<i>Aythya nyroca</i>	ND	ND	NP
30			<i>Aythya valisineria</i>	S	ND	P
31			<i>Branta canadensis</i>	S	1.25	P
32			<i>Branta hutchinsii</i>	S	ND	NP
33			<i>Branta leucopsis</i>	S	ND	NP
34			<i>Branta ruficollis</i>	S	ND	NP
35			<i>Branta sandvicensis</i>	S	ND	NP
36			<i>Bucephala albeola</i>	S	ND	P
37			<i>Bucephala clangula</i>	S	ND	P
38			<i>Cairina moschata</i>	S	ND	NP
39			<i>Chen caerulescens</i>	S	ND	P
40			<i>Chen canagica</i>	S	ND	NP
41			<i>Chloephaga melanoptera</i>	S	ND	NP
42			<i>Cyanochen cyanoptera</i>	S	ND	NP
43			<i>Cygnus atratus</i>	ND	ND	NP
44			<i>Cygnus buccinator</i>	S	ND	P
45			<i>Cygnus columbianus</i>	S	ND	P
46			<i>Cygnus cygnus</i>	S	ND	NP
47			<i>Cygnus olor</i>	S	0.33	NP
48			<i>Dendrocygna autumnalis</i>	S	ND	P
49			<i>Dendrocygna bicolor</i>	S	ND	P
50			<i>Histrionicus histrionicus</i>	S	ND	NP
51			<i>Lophodytes cucullatus</i>	S	ND	P
52			<i>Marmaronetta angustirostris</i>	ND	ND	NP
53			<i>Melanitta fusca</i>	ND	ND	P
54			<i>Mergellus albellus</i>	S	ND	P
55			<i>Mergus merganser</i>	S	ND	P
56			<i>Mergus serrator</i>	S	ND	P

57			Netta peposaca	S	ND	NP
58			Netta rufina	ND	ND	NP
59			Oxyura jamaicensis	S	ND	P
60			Somateria mollissima	ND	ND	NP
61			Speculanas specularis	S	ND	NP
62			Tadorna ferruginea	ND	ND	NP
63	Apodiformes	Apodidae	Apus apus	ND	0	NP
64			Chaetura pelagica	S	ND	P
65		Trochidae	Archilochus colubris	S	ND	P
66			Calypte anna	S	ND	P
67			Calypte costae	S	ND	P
68			Selasphorus platycercus	ND	ND	P
69			Selasphorus rufus	S	ND	P
70			Stellula calliope	ND	ND	P
71			Buceros bicornis	ND	ND	NP
72		Bucorvidae	Bucorvus abyssinicus	S	ND	NP
73	Caprimulgiformes	Caprimulgidae	Caprimulgus indicus	ND	ND	NP
74			Caprimulgus vociferus	S	ND	NP
75			Chordeiles acutipennis	S	ND	NP
76			Chordeiles minor	S	ND	P
77			Phalaenoptilus nuttallii	ND	ND	P
78	Casuariiformes	Dromaiidae	Dromaius novaehollandiae	S	ND	NP
79	Charadriiformes	Alcidae	Uria aalge	S	ND	NP
80		Burhinidae	Burhinus oedicephalus	S	ND	NP
81		Charadriidae	Charadrius hiaticula	ND	ND	NP
82			Charadrius melodus	S	ND	P
83			Charadrius vociferus	S	ND	P
84			Pluvialis apricaria	ND	ND	NP
85			Pluvialis fulva	ND	ND	P

86			Pluvialis squatarola	ND	ND	P
87			Vanellus spinosus	S	ND	NP
88			Vanellus vanellus	S	ND	NP
89		Laridae	Larosterna inca	S	ND	NP
90			Larus cirrocephalus	ND	ND	NP
91			Larus leucophthalmus	S	1	NP
92			Larus argentatus	S	0	P
93			Larus atricilla	S	2	NP
94			Larus cachinnans	S	ND	NP
95			Larus californicus	S	ND	P
96			Larus canus	ND	ND	P
97			Larus crassirostris	S	ND	NP
98			Larus delawarensis	S	1	P
99			Larus fuscus	S	0	P
100			Larus genei	S	ND	NP
101			Larus glaucescens	S	ND	P
102			Larus marinus	S	ND	NP
103			Larus michahellis	S	0	NP
104			Larus modestus	S	ND	NP
105			Larus ridibundus	S	ND	NP
106			Larus thayeri	S	ND	P
107			Rynchops niger	S	ND	P
108			Sterna antillarum	S	ND	P
109			Sterna caspia	S	ND	NP
110			Sterna hirundo	S	0	P
111			Sterna nilotica	ND	0	NP
112		Recurvirostridae	Himantopus himantopus	ND	ND	NP
113		Rostratulidae	Rostratula bengalensis	ND	ND	NP
114		Scolopacidae	Actitis hypoleucos	ND	ND	NP

115			<i>Arenaria interpres</i>	S	ND	P
116			<i>Calidris alpina</i>	S	0.5	P
117			<i>Calidris canutus</i>	ND	ND	P
118			<i>Calidris mauri</i>	S	ND	P
119			<i>Calidris minuta</i>	ND	ND	P
120			<i>Gallinago delicata</i>	ND	ND	P
121			<i>Gallinago gallinago</i>	ND	ND	P
122			<i>Limosa limosa</i>	ND	ND	P
123			<i>Lymnocyptes minimus</i>	ND	ND	NP
124			<i>Numenius phaeopus</i>	ND	ND	P
125			<i>Philomachus pugnax</i>	ND	ND	NP
126			<i>Scolopax minor</i>	ND	ND	P
127			<i>Scolopax rusticola</i>	ND	ND	NP
128			<i>Tringa flavipes</i>	ND	ND	P
129			<i>Tringa hypoleucos</i>	ND	ND	NP
130			<i>Tringa nebularia</i>	ND	ND	P
131			<i>Tringa ochropus</i>	ND	ND	NP
132			<i>Tringa totanus</i>	ND	0	NP
133		Stercorariidae	<i>Stercorarius pomarinus</i>	ND	ND	P
134	Ciconiiformes	Ardeidae	<i>Botaurus stellaris</i>	ND	ND	NP
135			<i>Bubulcus ibis</i>	S	1	P
136			<i>Butorides striata</i>	ND	ND	NP
137			<i>Butorides virescens</i>	S	ND	NP
138			<i>Egretta caerulea</i>	S	ND	P
139			<i>Egretta garzetta</i>	ND	ND	NP
140			<i>Egretta thula</i>	S	ND	P
141			<i>Egretta tricolor</i>	S	ND	P
142			<i>Ixobrychus exilis</i>	S	ND	P
143			<i>Mesophoyx intermedia</i>	ND	ND	NP

144			Nyctanassa violacea	S	ND	P
145			Nycticorax nycticorax	S	ND	P
146		Cathartidae	Cathartes aura	S	ND	P
147			Coragyps atratus	S	ND	P
148			Gymnogyps californianus	S	ND	P
149			Sarcoramphus papa	S	ND	P
150		Ciconiidae	Ciconia boyciana	ND	ND	NP
151			Ciconia ciconia	S	ND	NP
152			Ciconia nigra	ND	ND	NP
153			Ephippiorhynchus senegalensis	S	ND	NP
154			Leptoptilos crumeniferus	S	ND	NP
155			Leptoptilos javanicus	S	ND	NP
156		Threskiornithidae	Eudocimus ruber	S	ND	NP
157			Geronticus eremita	S	ND	NP
158			Platalea leucorodia	ND	ND	NP
159			Plegadis chihi	S	ND	P
160			Plegadis falcinellus	S	2	P
161	Coliiformes	Coliidae	Urocolius macrourus	S	ND	NP
162	Columbiformes	Columbidae	Caloenas nicobarica	ND	ND	NP
163			Columba guinea	S	ND	NP
164			Columba livia	S	3	P
165			Columba palumbus	S	0	NP
166			Columba rupestris	ND	0	NP
167			Columbina inca	S	ND	P
168			Columbina passerina	S	0	P
169			Columbina talpacoti	S	ND	P
170			Ducula bicolor	ND	ND	NP
171			Gallucolumba luzonica	S	ND	NP

172			<i>Geopelia striata</i>	ND	ND	NP
173			<i>Geotrygon montana</i>	S	ND	P
174			<i>Leptotila jamaicensis</i>	S	ND	P
175			<i>Leptotila verreauxi</i>	S	ND	P
176			<i>Nesoenas mayeri</i>	S	ND	NP
177			<i>Oena capensis</i>	S	ND	NP
178			<i>Otidiphaps nobilis</i>	ND	ND	NP
179			<i>Patagioenas fasciata</i>	S	ND	P
180			<i>Patagioenas leucocephala</i>	S	ND	P
181			<i>Ptilinopus porphyreus</i>	ND	ND	NP
182			<i>Stigmatopelia chinensis</i>	ND	ND	NP
183			<i>Stigmatopelia senegalensis</i>	S	0	NP
184			<i>Streptopelia decaocto</i>	S	0	NP
185			<i>Streptopelia orientalis</i>	S	0	NP
186			<i>Streptopelia roseogrisea</i>	S	ND	NP
187			<i>Streptopelia turtur</i>	S	4	NP
188			<i>Streptopelia vinacea</i>	S	ND	NP
189			<i>Turtur abyssinicus</i>	ND	ND	NP
190			<i>Zenaida asiatica</i>	S	ND	P
191			<i>Zenaida aurita</i>	S	ND	P
192			<i>Zenaida macroura</i>	S	6.14	P
193	Coraciiformes	Alcedinidae	<i>Alcedo atthis</i>	S	ND	NP
194			<i>Alcedo cristata</i>	ND	2.75	NP
195			<i>Chloroceryle aenea</i>	S	ND	NP
196			<i>Coracias abyssinicus</i>	ND	ND	NP
197			<i>Halcyon pileata</i>	ND	ND	NP
198			<i>Halcyon senegalensis</i>	S	ND	NP
199			<i>Megaceryle alcyon</i>	S	ND	P
200			<i>Megaceryle torquata</i>	ND	ND	P

201			Todiramphus cinnamominus	S	ND	NP
202		Bucerotidae	Aceros corrugatus	ND	ND	NP
203			Tockus erythrorhynchus	ND	ND	NP
204		Coraciidae	Eurystomus orientalis	ND	ND	NP
205		Meropidae	Merops apiaster	ND	ND	NP
206			Merops persicus	ND	0	NP
207			Merops pusillus	ND	ND	NP
208	Cuculiformes	Cuculidae	Clamator glandarius	S	ND	NP
209			Coccyzus americanus	S	ND	P
210			Coccyzus erythrophthalmus	ND	ND	P
211			Coccyzus longirostris	S	ND	NP
212			Coccyzus minor	S	ND	P
213			Cuculus canorus	ND	ND	NP
214			Cuculus saturatus	ND	ND	NP
215			Geococcyx californianus	S	ND	P
216		Opisthocomidae	Opisthocomus hoazin	ND	ND	NP
217	Falconiformes	Accipitridae	Accipiter cooperii	S	15	P
218			Accipiter gentilis	S	0	P
219			Accipiter nisus	S	0	NP
220			Accipiter striatus	S	ND	P*
221			Aegypius monachus	S	ND	NP
222			Aquila audax	S	ND	NP
223			Aquila chrysaetos	S	ND	NP
224			Aquila clanga	S	ND	NP
225			Aquila pomarina	ND	0	NP
226			Buteo albicaudatus	S	ND	P
227			Buteo buteo	S	0.25	NP
228			Buteo jamaicensis	S	5	P
229			Buteo lagopus	S	ND	P

230			Buteo lineatus	S	13	P
231			Buteo magnirostris	ND	ND	P
232			Buteo nitidus	ND	ND	NP
233			Buteo platypterus	S	ND	P
234			Buteo regalis	S	ND	P
235			Buteo swainsoni	S	ND	P
236			Buteogallus anthracinus	S	ND	P
237			Circus aeruginosus	ND	ND	NP
238			Circus cyaneus	S	ND	P
239			Circus pygargus	ND	ND	NP
240			Elanoides forficatus	S	ND	P
241			Elanus leucurus	S	ND	NP
242			Gyps fulvus	ND	0	NP
243			Haliaeetus albicilla	S	0.33	P
244			Haliaeetus leucocephalus	S	ND	P
245			Hieraaetus pennatus	ND	ND	NP
246			Ictinia mississippiensis	S	ND	P
247			Milvus migrans	S	ND	NP
248			Milvus milvus	ND	0	NP
249			Neophron percnopterus	S	ND	NP
250			Pandion haliaetus	S	ND	P
251			Parabuteo unicinctus	S	ND	P
252			Pernis apivorus	S	ND	NP
253	Falconiformes	Falconidae	Caracara cheriway	S	ND	P
254			Caracara plancus	S	ND	NP
255			Falco columbarius	S	ND	P
256			Falco mexicanus	S	ND	P
257			Falco naumanni	ND	ND	NP
258			Falco peregrinus	S	ND	P

259			Falco rusticolus	S	ND	P
260			Falco sparverius	S	0	P
261			Falco subbuteo	ND	ND	NP
262			Falco tinnunculus	S	0.5	NP
263	Galliformes	Cracidae	Crax rubra	S	ND	P
264			Ortalis vetula	S	ND	P
265			Penelope purpurascens	S	ND	P
266		Numididae	Acryllium vulturinum	ND	ND	NP
267			Guttera pucherani	S	ND	NP
268			Numida meleagris	ND	ND	NP
269		Odontophoridae	Callipepla californica	S	19.33	P
270			Callipepla gambelii	ND	0	P
271			Colinus virginianus	S	ND	NP
272			Oreortyx pictus	S	ND	P
273		Phasianidae	Afropavo congensis	ND	ND	NP
274			Alectoris chukar	S	ND	NP
275			Alectoris graeca	S	0	NP
276			Alectoris rufa	ND	ND	NP
277			Bonasa umbellus	S	ND	NP
278			Centrocercus urophasianus	S	ND	NP
279			Chrysolophus amherstiae	ND	ND	NP
280			Chrysolophus pictus	S	ND	NP
281			Coturnix japonica	ND	ND	NP
282			Crossoptilon auritum	S	ND	NP
283			Francolinus erckelii	ND	ND	NP
284			Gallus gallus	S	0	NP
285			Gallus varius	S	ND	NP
286			Gavia immer	S	ND	P
287			Gavia stellata	ND	ND	P

288			Lophophorus impejanus	S	ND	NP
289			Lophophorus lhuysii	S	ND	NP
290			Lophura bulweri	S	ND	NP
291			Lophura erythrophthalma	ND	ND	NP
292			Lophura nycthemera	ND	ND	NP
293			Meleagris gallopavo	S	ND	P
294			Pavo cristatus	S	0	NP
295			Perdix perdix	ND	0	NP
296			Phasianus colchicus	S	0	P
297			Polyplectron inopinatum	S	ND	NP
298			Polyplectron malacense	ND	ND	NP
299			Rollulus rouloul	S	ND	NP
300			Tetrao urogallus	ND	ND	NP
301			Tragopan blythii	S	ND	NP
302			Tragopan caboti	ND	ND	NP
303			Tragopan satyra	S	ND	NP
304			Tympanuchus cupido	S	ND	NP
305	Gruiformes	Aramidae	Aramus guarauna	S	ND	P
306		Gruidae	Balearica pavonina	S	ND	NP
307			Grus americana	S	ND	P
308			Grus canadensis	S	ND	P
309			Grus carunculatus	S	ND	NP
310			Grus grus	ND	ND	NP
311			Grus japonensis	S	ND	NP
312			Grus leucogeranus	S	ND	NP
313			Grus monacha	S	ND	NP
314			Grus nigricollis	S	ND	NP
315			Grus vipio	S	ND	NP
316			Grus virgo	S	ND	NP

317		Otididae	Otis tarda	ND	ND	NP
318		Rallidae	Fulica americana	S	4	P
319			Fulica atra	S	8.5	NP
320			Gallinula chloropus	ND	ND	P
321			Gallirallus owstoni	ND	ND	NP
322			Porphyrio martinica	S	ND	P
323			Porzana carolina	S	ND	P
324			Rallus aquaticus	ND	ND	NP
325			Rallus limicola	S	ND	P
326			Rallus longirostris	S	ND	P
327	Musophagiformes	Musophagidae	Musophaga rossae	S	ND	NP
328	Passeriformes	Aegithalidae	Aegithalos caudatus	ND	ND	NP
329			Psaltriparus minimus	S	ND	P
330		Alaudidae	Galerida cristata	ND	ND	NP
331		Cardinalidae	Cardinalis cardinalis	S	6	P
332			Cardinalis sinuatus	S	ND	P
333			Carduelis cannabina	S	ND	NP
334			Cyanocompsa parellina	ND	ND	p
335			Junco hyemalis	S	2	P
336			Passerina amoena	S	ND	P
337			Passerina caerulea	S	0	P
338			Passerina ciris	S	0	P
339			Passerina cyanea	S	1.33	P
340			Pheucticus ludovicianus	S	2	P
341			Pheucticus melanocephalus	S	3.66	P
342			Piranga ludoviciana	S	0	P
343			Piranga olivacea	S	ND	P
344			Piranga rubra	S	2	P
345			Spiza americana	S	ND	NP

346		Certhiinae	<i>Certhia americana</i>	ND	ND	P
347			<i>Certhia brachydactyla</i>	ND	ND	NP
348		Cinclidae	<i>Cinclus mexicanus</i>	S	ND	P
349		Cisticolidae	<i>Camaroptera brachyura</i>	ND	ND	NP
350		Coerebidae	<i>Coereba flaveola</i>	S	0	P
351		Corvidae	<i>Aphelocoma californica</i>	S	64.5	NP
352			<i>Aphelocoma ultramarina</i>	S	ND	P
353			<i>Corvus brachyrhynchos</i>	S	31.9	P
354			<i>Corvus caurinus</i>	ND	0	NP
355			<i>Corvus corax</i>	S	8.66	P
356			<i>Corvus corone</i>	S	1	NP
357			<i>Corvus cryptoleucus</i>	S	ND	P
358			<i>Corvus frugilegus</i>	ND	ND	NP
359			<i>Corvus macrorhynchos</i>	ND	ND	NP
360			<i>Corvus monedula</i>	ND	ND	NP
361			<i>Corvus ossifragus</i>	S	2	NP
362			<i>Cyanocitta cristata</i>	S	21.33	NP
363			<i>Cyanocitta stelleri</i>	S	ND	P
364			<i>Cyanopica cyanus</i>	ND	ND	NP
365			<i>Garrulus glandarius</i>	S	1.6	NP
366			<i>Gymnorhinus cyanocephalus</i>	S	ND	P
367			<i>Nucifraga columbiana</i>	S	ND	P
368			<i>Pica hudsonia</i>	S	ND	NP
369			<i>Pica nuttalli</i>	S	79	NP
370			<i>Pica pica</i>	S	2.37	NP
371		Emberezidae	<i>Aimophila ruficeps</i>	S	ND	P
372			<i>Ammodramus savannarum</i>	ND	ND	P
373			<i>Arremonops rufivirgatus</i>	S	0	P
374			<i>Calamospiza melanocorys</i>	ND	ND	P

375			<i>Chondestes grammacus</i>	S	0	P
376			<i>Emberiza citrinella</i>	ND	ND	NP
377			<i>Emberiza hortulana</i>	ND	ND	NP
378			<i>Emberiza rustica</i>	ND	ND	NP
379			<i>Emberiza schoeniclus</i>	S	0	NP
380			<i>Loxigilla violacea</i>	S	ND	NP
381			<i>Melospiza georgiana</i>	S	0.5	P
382			<i>Melospiza lincolni</i>	S	0.5	P
383			<i>Melospiza melodia</i>	S	0.87	P
384			<i>Miliaria calandra</i>	S	ND	NP
385			<i>Paroaria coronata</i>	S	ND	NP
386			<i>Passerculus sandwichensis</i>	S	0	NP
387			<i>Passerella iliaca</i>	S	ND	P
388			<i>Pipilo chlorurus</i>	ND	ND	P
389			<i>Pipilo crissalis</i>	S	6.5	P
390			<i>Pipilo erythrophthalmus</i>	S	1	P
391			<i>Pipilo maculatus</i>	S	0	P
392			<i>Sicalis flaveola</i>	ND	ND	NP
393			<i>Spizella arborea</i>	S	2	NP
394			<i>Spizella atrogularis</i>	S	ND	P
395			<i>Spizella breweri</i>	ND	ND	P
396			<i>Spizella pallida</i>	S	ND	P
397			<i>Spizella passerina</i>	S	0	P
398			<i>Spizella pusilla</i>	S	0	P
399			<i>Sporophila torqueola</i>	S	ND	P
400			<i>Tiaris bicolor</i>	S	0	NP
401			<i>Tiaris olivaceus</i>	S	ND	P
402			<i>Volatinia jacarina</i>	S	ND	P
403			<i>Zonotrichia albicollis</i>	S	1	P

404			Zonotrichia atricapilla	S	2.5	P
405			Zonotrichia leucophrys	S	1.4	P
406			Zonotrichia querula	ND	ND	NP
407		Estrildidae	Erythrura gouldiae	S	ND	NP
408			Lonchura punctulata	S	0.57	NP
409			Padda oryzivora	ND	ND	NP
410			Taeniopygia guttata	S	ND	NP
411		Fringillidae	Carduelis carduelis	S	ND	NP
412			Carduelis chloris	ND	0	NP
413			Carduelis pinus	S	ND	P
414			Carduelis psaltria	S	18	P
415			Carduelis sinica	ND	ND	NP
416			Carduelis spinus	S	ND	NP
417			Carduelis tristis	S	1.66	P
418			Carpodacus cassinii	S	ND	P
419			Carpodacus erythrinus	ND	ND	P
420			Carpodacus mexicanus	S	8.8	P
421			Carpodacus purpureus	S	ND	P
422			Coccothraustes coccothraustes	ND	ND	NP
423			Coccothraustes vespertinus	S	ND	P
424			Fringilla coelebs	S	0	NP
425			Loxia curvirostra	S	ND	P
426			Petrochelidon pyrrhonota	S	ND	P
427			Pyrrhula pyrrhula	ND	0	NP
428			Serinus canaria	S	ND	NP
429			Serinus serinus	ND	ND	NP
430		Hirundinidae	Delichon urbicum	S	0	NP
431			Hirundo rustica	S	0.5	P
432			Petrochelidon fulva	S	0	P

433			Progne subis	S	0	P
434			Riparia riparia	S	0	P
435			Stelgidopteryx serripennis	S	ND	P
436			Tachycineta bicolor	S	0.66	P
437			Tachycineta thalassina	ND	ND	P
438		Icteridae	Agelaius phoeniceus	S	0.4	P
439			Agelaius tricolor	S	2	P
440			Amblycercus holosericeus	S	ND	P
441			Dives dives	S	ND	P
442			Dolichonyx oryzivorus	S	2	P
443			Euphagus carolinus	S	ND	P
444			Euphagus cyanocephalus	S	6	P
445			Icterus bullockii	S	0	P
446			Icterus cucullatus	S	0	P
447			Icterus galbula	S	2	P
448			Icterus gularis	S	0	P
449			Icterus leucopteryx	S	ND	NP
450			Icterus spurius	S	0	P
451			Molothrus ater	S	1	P
452			Quiscalus major	S	2	NP
453			Quiscalus mexicanus	S	ND	P
454			Quiscalus quiscula	S	1.75	NP
455			Sturnella magna	ND	ND	P
456			Sturnella neglecta	S	ND	P
457			Irena puella	ND	ND	NP
458		Laniidae	Lanius collurio	S	1	NP
459			Lanius ludovicianus	S	0.33	P
460			Lanius senator	S	ND	NP
461		Malaconotidae	Laniarius barbarus	S	ND	NP

462		Mimidae	<i>Dumetella carolinensis</i>	S	1.12	P
463			<i>Mimus gilvus</i>	S	0	P
464			<i>Mimus polyglottos</i>	S	5.25	P
465			<i>Oreoscoptes montanus</i>	ND	ND	P
466			<i>Toxostoma lecontei</i>	S	ND	P
467			<i>Toxostoma longirostre</i>	S	ND	P
468			<i>Toxostoma redivivum</i>	S	ND	NP
469			<i>Toxostoma rufum</i>	S	4.75	P
470		Monarchidae	<i>Terpsiphone viridis</i>	ND	ND	NP
471		Motacillidae	<i>Anthus pratensis</i>	S	ND	NP
472			<i>Anthus trivialis</i>	S	0	NP
473			<i>Motacilla alba</i>	ND	ND	P
474			<i>Motacilla flava</i>	S	0.5	NP
475		Muscicapidae	<i>Cercotrichas galactotes</i>	S	ND	NP
476			<i>Cercotrichas podobe</i>	S	ND	NP
477			<i>Cyanoptila cyanomelana</i>	ND	ND	NP
478			<i>Erithacus rubecula</i>	S	0.75	NP
479			<i>Ficedula hypoleuca</i>	S	0	NP
480			<i>Luscinia luscinia</i>	S	ND	NP
481			<i>Luscinia megarhynchos</i>	S	0	NP
482			<i>Luscinia svecica</i>	ND	ND	NP
483			<i>Muscicapa striata</i>	ND	0	NP
484			<i>Phoenicurus ochruros</i>	S	0	NP
485			<i>Phoenicurus phoenicurus</i>	S	1.5	NP
486			<i>Saxicola rubetra</i>	ND	0	NP
487			<i>Saxicola torquatus</i>	ND	ND	NP
488		Oriolidae	<i>Oriolus chinensis</i>	ND	ND	NP
489			<i>Oriolus oriolus</i>	ND	ND	NP
490		Paradisaeidae	<i>Epimachus meyeri</i>	ND	ND	NP

491			Paradisaea rubra	S	ND	NP
492		Paridae	Baeolophus bicolor	S	0.33	P
493			Baeolophus inornatus	S	ND	P
494			Bombycilla cedrorum	S	2	P
495			Bombycilla garrulus	ND	1	NP
496			Parus ater	ND	0	NP
497			Parus atricapillus	S	0	NP
498			Parus caeruleus	S	0	NP
499			Parus carolinensis	S	0.5	NP
500			Parus cristatus	ND	ND	NP
501			Parus gambeli	S	ND	P
502			Parus major	S	0	NP
503			Parus montanus	ND	ND	NP
504			Parus palustris	ND	ND	NP
505			Parus rufescens	S	ND	NP
506			Parus varius	S	ND	NP
507		Parulidae	Cardellina rubrifrons	ND	ND	P
508			Dendroica caerulescens	S	3	P
509			Dendroica castanea	ND	ND	P
510			Dendroica coronata	S	1	P
511			Dendroica discolor	S	ND	P
512			Dendroica fusca	S	ND	P
513			Dendroica magnolia	S	0.5	P
514			Dendroica nigrescens	S	ND	P
515			Dendroica occidentalis	ND	ND	P
516			Dendroica palmarum	S	0.5	P
517			Dendroica pensylvanica	ND	0	P
518			Dendroica petechia	S	0	P
519			Dendroica pinus	ND	0	P

520			<i>Dendroica striata</i>	S	0	P
521			<i>Dendroica townsendi</i>	S	ND	P
522			<i>Dendroica virens</i>	ND	ND	P
523			<i>Geothlypis trichas</i>	S	1.6	P
524			<i>Helmitheros vermivorum</i>	ND	0	P
525			<i>Icteria virens</i>	S	ND	P
526			<i>Limnithlypis swainsonii</i>	ND	ND	P
527			<i>Mniotilta varia</i>	S	2	NP
528			<i>Oporornis agilis</i>	ND	ND	NP
529			<i>Oporornis formosus</i>	S	ND	P
530			<i>Oporornis philadelphia</i>	S	ND	P
531			<i>Oporornis tolmiei</i>	S	0	P
532			<i>Parula americana</i>	S	0	P
533			<i>Protonotaria citrea</i>	S	ND	P
534			<i>Prunella modularis</i>	ND	0	NP
535			<i>Seiurus aurocapilla</i>	S	1	P
536			<i>Seiurus motacilla</i>	ND	ND	P
537			<i>Seiurus noveboracensis</i>	S	1	P
538			<i>Setophaga ruticilla</i>	S	1	P
539			<i>Vermivora celata</i>	S	0	P
540			<i>Vermivora chrysoptera</i>	S	ND	NP
541			<i>Vermivora peregrina</i>	S	ND	P
542			<i>Vermivora pinus</i>	ND	0	P
543			<i>Vermivora ruficapilla</i>	S	0	P
544			<i>Wilsonia canadensis</i>	S	ND	P
545			<i>Wilsonia citrina</i>	S	1	P
546			<i>Wilsonia pusilla</i>	S	0	P
547		Passeridae	<i>Passer domesticus</i>	S	5.1	P
548			<i>Passer montanus</i>	ND	0	P

549		Ploceidae	<i>Ploceus cucullatus</i>	S	1	NP
550			<i>Ploceus luteolus</i>	ND	ND	NP
551			<i>Ploceus melanocephalus</i>	ND	0	NP
552			<i>Ploceus velatus</i>	S	ND	NP
553		Poliopitilidae	<i>Poliopitila albiloris</i>	S	ND	NP
554			<i>Poliopitila caerulea</i>	ND	ND	P
555			<i>Poliopitila melanura</i>	ND	ND	P
556		Pycnonotidae	<i>Ixos amaurotis</i>	ND	ND	P
557			<i>Pycnonotus barbatus</i>	ND	ND	NP
558			<i>Pycnonotus capensis</i>	ND	ND	NP
559		Regulidae	<i>Recurvirostra avosetta</i>	ND	ND	NP
560			<i>Regulus calendula</i>	ND	0	P
561			<i>Regulus ignicapilla</i>	ND	ND	NP
562			<i>Regulus regulus</i>	ND	ND	NP
563			<i>Regulus satrapa</i>	ND	ND	P
564		Remizidae	<i>Auriparus flaviceps</i>	S	ND	P
565		Sittidae	<i>Sitta canadensis</i>	S	ND	P
566			<i>Sitta carolinensis</i>	S	ND	NP
567			<i>Sitta europaea</i>	ND	ND	NP
568			<i>Sitta pusilla</i>	ND	ND	NP
569			<i>Sitta pygmaea</i>	S	ND	P
570		Sturnidae	<i>Acridotheres tristis</i>	ND	ND	NP
571			<i>Lamprotornis caudatus</i>	ND	ND	NP
572			<i>Lamprotornis pulcher</i>	ND	ND	NP
573			<i>Lamprotornis superbus</i>	ND	ND	NP
574			<i>Leucopsar rothschildi</i>	ND	ND	NP
575			<i>Sturnus cineraceus</i>	ND	ND	NP
576			<i>Sturnus unicolor</i>	ND	ND	NP
577			<i>Sturnus vulgaris</i>	S	2.9	P

578		Sylviidae	Acrocephalus arundinaceus	ND	0	NP
579			Acrocephalus palustris	S	ND	NP
580			Acrocephalus schoenobaenus	S	ND	NP
581			Acrocephalus scirpaceus	S	ND	NP
582			Acrocephalus melanopogon	ND	0	NP
583			Acrocephalus paludicola	ND	ND	NP
584			Cettia cetti	ND	0	NP
585			Hippolais icterina	ND	0	NP
586			Hippolais opaca	S	1	NP
587			Hippolais pallida	ND	0	NP
588			Hippolais polyglotta	ND	ND	NP
589			Locustella naevia	ND	ND	NP
590			Phylloscopus collybita	ND	0	NP
591			Phylloscopus sibilatrix	ND	ND	NP
592			Phylloscopus trochilus	S	1.6	NP
593			Sylvia atricapilla	S	2.25	NP
594			Sylvia borin	S	2.25	NP
595			Sylvia cantillans	ND	0	NP
596			Sylvia communis	S	0	NP
597			Sylvia curruca	ND	0	NP
598			Sylvia hortensis	ND	ND	NP
599			Sylvia melanocephala	ND	0	NP
600			Sylvia nisoria	ND	ND	NP
601		Thraupidae	Eucometis penicillata	S	ND	P
602			Euphonia affinis	S	ND	P
603			Habia fuscicauda	S	ND	P
604			Phaenicophilus palmarum	S	ND	NP
605			Thraupis palmarum	S	ND	NP
606		Timaliidae	Garrulax leucolophus	S	ND	NP

607			Panurus biarmicus	ND	ND	NP
608			Paradoxornis webbianus	ND	ND	NP
609		Troglodytidae	Campylorhynchus brunneicapillus	S	ND	P
610			Campylorhynchus yucatanicus	S	ND	P
611			Caprimulgus climacurus	ND	ND	NP
612			Caprimulgus europaeus	ND	ND	NP
613			Cistothorus palustris	S	0	NP
614			Thryomanes bewickii	S	0	NP
615			Thryothorus ludovicianus	S	1.5	P
616			Thryothorus maculipectus	S	ND	P
617			Troglodytes aedon	S	0.5	P
618			Troglodytes troglodytes	S	ND	P
619		Turdidae	Catharus bicknelli	ND	ND	NP
620			Catharus fuscescens	S	0	P
621			Catharus guttatus	S	2	P
622			Hylocichla mustelina	S	2	P
623			Sialia currucoides	S	ND	P
624			Sialia mexicana	S	ND	P
625			Sialia sialis	S	ND	P
626			Turdus aurantius	S	ND	NP
627			Turdus grayi	S	0	P
628			Turdus hortulorum	ND	ND	NP
629			Turdus iliacus	ND	ND	NP
630			Turdus jamaicensis	S	ND	NP
631			Turdus leucomelas	ND	ND	NP
632			Turdus merula	S	1.66	NP
633			Turdus migratorius	S	4.09	P
634			Turdus philomelos	S	0	NP

635			<i>Turdus pilaris</i>	ND	ND	NP
636			<i>Turdus plumbeus</i>	S	ND	NP
637			<i>Zoothera dauma</i>	ND	ND	NP
638			<i>Zoothera naevia</i>	S	ND	NP
639		Turidae	<i>Catharus minimus</i>	S	2	P
640			<i>Catharus ustulatus</i>	S	3	P
641		Tyrannidae	<i>Contopus cooperi</i>	S	ND	NP
642			<i>Contopus sordidulus</i>	ND	ND	P
643			<i>Contopus virens</i>	S	0	P
644			<i>Cyclarhis gujanensis</i>	S	ND	P
645			<i>Elaenia martinica</i>	ND	ND	P
646			<i>Empidonax difficilis</i>	S	0	P
647			<i>Empidonax flaviventris</i>	ND	0	P
648			<i>Empidonax hammondii</i>	S	ND	P
649			<i>Empidonax minimus</i>	S	0	P
650			<i>Empidonax oberholseri</i>	ND	ND	P
651			<i>Empidonax traillii</i>	S	ND	P
652			<i>Empidonax virescens</i>	ND	0	P
653			<i>Myiarchus cinerascens</i>	S	ND	P
654			<i>Myiarchus crinitus</i>	S	2	P
655			<i>Myiarchus tuberculifer</i>	S	0	P
656			<i>Myiarchus tyrannulus</i>	S	1	P
657			<i>Myiopagis cotta</i>	S	ND	NP
658			<i>Pitangus sulphuratus</i>	S	ND	P
659			<i>Pyrocephalus rubinus</i>	S	ND	P
660			<i>Sayornis nigricans</i>	S	0	P
661			<i>Sayornis phoebe</i>	S	2	P
662			<i>Tyrannus caudifasciatus</i>	S	ND	NP
663			<i>Tyrannus forficatus</i>	S	ND	P

664			Tyrannus melancholicus	S	ND	P
665			Tyrannus tyrannus	S	ND	P
666			Tyrannus verticalis	S	0	P
667		Vireonidae	Vireo altiloquus	S	ND	P
668			Vireo caribaeus	ND	ND	NP
669			Vireo cassinii	ND	ND	P
670			Vireo flavifrons	ND	ND	P
671			Vireo flavoviridis	S	ND	P
672			Vireo gilvus	S	0	P
673			Vireo griseus	S	0	P
674			Vireo modestus	S	ND	NP
675			Vireo olivaceus	S	1	P
676			Vireo pallens	S	0	P
677			Vireo philadelphicus	ND	ND	P
678			Vireo solitarius	ND	ND	P
679		Zosteropidae	Zosterops japonicus	ND	ND	NP
680	Pelecaniformes	Ardeidae	Ardea cinerea	ND	0	NP
681			Ardea herodias	S	ND	P
682			Ardea purpurea	ND	ND	NP
683			Ardeola ralloides	ND	ND	NP
684			Casmerodius albus	S	ND	P
685	Pelecaniformes	Pelecanidae	Pelecanus erythrorhynchos	S	ND	P
686			Pelecanus occidentalis	S	ND	P
687		Phalacrocoracidae	Phalacrocorax auritus	S	ND	P
688			Phalacrocorax bougainvillii	S	ND	NP
689			Phalacrocorax carbo	S	0	NP
690			Phalacrocorax pelagicus	S	ND	P
691	Phoenicopteriformes	Phoenicopteridae	Phoenicopus chilensis	S	ND	NP
692			Phoenicopus ruber	S	16	P

693	Piciformes	Picidae	Colaptes auratus	S	3.5	P
694			Dendrocopos kizuki	ND	ND	NP
695			Dendrocopos major	ND	ND	NP
696			Dryocopus martius	ND	ND	NP
697			Dryocopus pileatus	ND	ND	NP
698			Jynx torquilla	ND	ND	NP
699			Melanerpes aurifrons	S	ND	P
700			Melanerpes carolinus	S	2	NP
701			Melanerpes erythrocephalus	S	ND	NP
702			Melanerpes formicivorus	S	ND	P
703			Melanerpes lewis	S	ND	P
704			Melanerpes pygmaeus	S	ND	P
705			Melanerpes uropygialis	S	ND	P
706			Mesopicos goertae	ND	ND	NP
707			Picoides nuttallii	S	ND	P
708			Picoides pubescens	S	0	NP
709			Picoides villosus	S	ND	P
710			Picus viridis	ND	ND	NP
711			Sphyrapicus nuchalis	S	ND	P
712			Sphyrapicus ruber	S	ND	P
713			Sphyrapicus varius	S	ND	P
714		Ramphastidae	Pteroglossus aracari	ND	ND	NP
715			Ramphastos sulfuratus	ND	ND	P
716	Podicipediformes	Podicipedidae	Aechmophorus clarkii	S	ND	P
717			Podiceps cristatus	ND	ND	NP
718			Podilymbus podiceps	S	ND	P
719			Tachybaptus ruficollis	ND	ND	NP
720	Procellariiformes	Procellariidae	Calonectris leucomelas	ND	ND	P
721	Psittaciformes	Psittacidae	Amazona albifrons	S	ND	P

722			<i>Amazona autumnalis</i>	S	ND	P
723			<i>Amazona farinosa</i>	S	ND	P
724			<i>Amazona viridigenalis</i>	S	ND	P
725			<i>Ara macao</i>	ND	ND	P
726			<i>Ara militaris</i>	S	ND	P
727			<i>Aratinga acuticaudata</i>	S	ND	NP
728			<i>Aratinga nana</i>	S	ND	P*
729			<i>Brotogeris versicolurus</i>	S	ND	NP
730			<i>Chalcopsitta cardinalis</i>	ND	ND	NP
731			<i>Eos bornea</i>	S	ND	NP
732			<i>Eos reticulata</i>	S	ND	NP
733			<i>Eos squamata</i>	S	ND	NP
734			<i>Forpus coelestis</i>	S	ND	NP
735			<i>Lorius domicella</i>	ND	ND	NP
736			<i>Lorius hypoinochrous</i>	ND	ND	NP
737			<i>Lorius lory</i>	S	ND	NP
738			<i>Melopsittacus undulatus</i>	S	0	NP
739			<i>Myiopsitta monachus</i>	ND	ND	NP
740			<i>Nymphicus hollandicus</i>	S	ND	NP
741			<i>Pionus senilis</i>	S	ND	P
742			<i>Platycercus adscitus</i>	S	ND	NP
743			<i>Platycercus elegans</i>	S	ND	NP
744			<i>Pseudeos fuscata</i>	S	ND	NP
745			<i>Psittacus erithacus</i>	S	ND	NP
746			<i>Psitteuteles iris</i>	ND	ND	NP
747			<i>Rhynchopsitta pachyrhyncha</i>	S	ND	P
748			<i>Trichoglossus haematodus</i>	S	ND	NP
749	Pteroclidiformes	Pteroclididae	<i>Pterocles decoratus</i>	ND	ND	NP
750	Sphenisciformes	Spheniscidae	<i>Spheniscus demersus</i>	S	ND	NP

751			Spheniscus humboldti	S	ND	NP
752			Spheniscus magellanicus	S	ND	NP
753	Strigiformes	Strigidae	Aegolius acadicus	S	ND	P
754			Aegolius funereus	S	ND	NP
755			Asio flammeus	S	ND	P
756			Asio otus	S	ND	P
757			Athene cunicularia	S	ND	P
758			Athene noctua	S	0	NP
759			Bubo bubo	ND	0	NP
760			Bubo lacteus	S	ND	NP
761			Bubo scandiaca	S	ND	NP
762			Glaucidium brasilianum	S	ND	P
763			Glaucidium gnoma	S	ND	P
764			Megascops asio	S	ND	P
765			Megascops kennicottii	S	ND	P
766			Micrathene whitneyi	S	ND	P
767			Ninox scutulata	ND	0	NP
768			Otus flammeolus	S	ND	P
769			Otus lempiji	ND	ND	NP
770			Otus scops	ND	0	P
771			Strix aluco	S	ND	NP
772			Strix nebulosa	S	ND	NP
773			Strix occidentalis	S	ND	P
774			Strix varia	S	ND	P
775			Sumia ulula	S	ND	NP
776		Tytonidae	Tyto alba	S	4.33	P
777	Struthioniformes	Struthionidae	Struthio camelus	S	ND	NP
778	Tinamiformes	Timaliidae	Eudromia elegans	S	ND	NP
779	Upupiformes	Upupidae	Upupa epops	S	ND	NP

