



**Centro de Investigación en Alimentación y
Desarrollo, A. C.**

**INFLUENCIA DE FACTORES BIÓTICOS Y ABIÓTICOS EN LA
OCURRENCIA DEL VIRUS DE LA INFLUENZA AVIAR EN
AVES SILVESTRES DE INTERÉS CINEGÉTICO EN SONORA**

Por:

Karen Guadalupe García Reséndiz

TESIS APROBADA POR LA

COORDINACIÓN DE NUTRICIÓN

Como requisito parcial para obtener el grado de

MAESTRA EN CIENCIAS

APROBACIÓN

Los miembros del comité designado para la revisión de la tesis de Karen Guadalupe García Reséndiz, la han encontrado satisfactoria y recomiendan que sea aceptada como requisito parcial para obtener el grado de Maestra en Ciencias.

Maricela Montalvo Corral

Dra. Maricela Montalvo Corral
Directora de tesis

Juan Martín Preciado Rodríguez

Dr. Juan Martín Preciado Rodríguez
Integrante de comité de tesis

Jaqueline García Hernández

Dra. Jaqueline García Hernández
Integrante de comité de tesis

Alexel J. Burgara Estrella

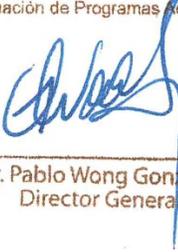
Dr. Alexel Jesús Burgara Estrella
Integrante de comité de tesis

DECLARACIÓN INSTITUCIONAL

La información generada en la tesis “Influencia de Factores Bióticos y Abióticos en la Ocurrencia del Virus de la Influenza Aviar en Aves Silvestres de Interés Cinegético en Sonora” es propiedad intelectual del Centro de Investigación en Alimentación y Desarrollo, A.C. (CIAD). Se permiten y agradecen las citas breves del material contenido en esta tesis sin permiso especial de la autora Karen Guadalupe García Reséndiz, siempre y cuando se dé crédito correspondiente. Para la reproducción parcial o total de la tesis con fines académicos, se deberá contar con la autorización escrita de quien ocupe la titularidad de la Dirección General del CIAD.

La publicación en comunicaciones científicas o de divulgación popular de los datos contenidos en esta tesis, deberá dar los créditos al CIAD, previa autorización escrita del manuscrito en cuestión del director(a) de tesis.

**CENTRO DE INVESTIGACIÓN EN
ALIMENTACIÓN Y DESARROLLO, A.C.**
Coordinación de Programas Académicos



Dr. Pablo Wong González
Director General

AGRADECIMIENTOS

Al Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACYT) por el apoyo directa e indirectamente para realizar este trabajo, mediante la beca otorgada a partir de la Convocatoria de Becas Nacionales 2017 segundo periodo.

Al Centro de Investigación en Alimentación y Desarrollo, A.C. (CIAD) por brindarme sus instalaciones desde antes de iniciar la maestría, y permitirme integrarme a la investigación científica. Así como por todas las atenciones de quienes forman parte de esta institución.

A la Asociación de Organizaciones Cinegéticas del Estado de Sonora, MEX-BASS y Gabino's Outdoors por las facilidades otorgadas para la colecta de material biológico de aves acuáticas migratorias y terrestres.

A la Red de Estaciones Meteorológicas Automáticas de Sonora, por el acceso a las bases de datos para la utilización de la información meteorológica de las estaciones presentes en el Valle del Yaqui.

A los miembros de mi comité, comenzando por a la Dra. Maricela Montalvo, por el entusiasmo puesto en este proyecto, siempre estar al pendiente, sus consejos, apoyo y conocimientos transmitidos a lo largo de este proceso. A los Doctores Alexel Burgara y Jaqueline García, por su disposición, sugerencias y enseñanzas que contribuyeron en gran medida en mi trabajo de tesis. Al Dr. Martín Preciado por su apoyo en el análisis estadístico y demás aportaciones hacia este proyecto.

Al M. en C. Germán Leyva, por su gran disposición y colaboración para los muestreos y censos, por todo el conocimiento transmitido y su pasión al realizar el trabajo de campo. Al M. en C. Javier Ojeda, por sus atenciones y colaboración en las salidas de campo.

A mis compañeras, Osmara Burgara, Andrea Paredes y Kassandra Durazo, por brindarme su amistad y apoyo en el laboratorio, en el trabajo de campo y en lo personal.

A mis biólogos, Kathya Campos, Édgar Ácedo y Diana Villegas, por siempre estar presentes cuando los necesito, sus ocurrencias, consejos y compañía hasta este momento.

A Nilza Córdova, compañera y amiga desde la preparatoria, por tu disposición en la realización de los censos y soportar las desveladas del trabajo de muestreo. Gracias por escucharme, aconsejarme y ayudarme a sobrellevar múltiples situaciones mostrando tu apoyo absoluto. Iniciamos y

concluimos una nueva etapa juntas. También agradezco a tus padres, por su amabilidad y el transporte al CIAD en los primeros semestres.

A Gloria Hernández y Yesica Cabrera, por todo el apoyo y palabras de ánimo, les agradezco tantos años de amistad.

A Martín Jauregui, gracias por estar al pendiente de mí, soportar mi humor, escucharme y alentarme a seguir adelante.

A mi familia, mis padres Trinidad García y Minerva Reséndiz, por siempre escucharme, creer en mí y brindarme su apoyo incondicional en cada paso que doy. A mis hermanos, Saúl y Carolina por siempre estar para mí y complementarme, sin ustedes nada sería posible. A mis abuelos Yolanda Sandoval, Ricardo Reséndiz y Celia García, por todas las enseñanzas, ánimos y apoyo que me brindan. A mis tíos, empezando por mi tía Mónica Reséndiz, por todo el aprendizaje y consejos tanto en lo personal como en el laboratorio, a mis tíos Isaac Reséndiz y Noé Reséndiz por siempre estar presentes y apoyarme.

DEDICATORIA

*A mi familia,
especialmente mis abuelos,
padres y hermanos.*

CONTENIDO

APROBACIÓN	2
DECLARACIÓN INSTITUCIONAL	3
AGRADECIMIENTOS	4
DEDICATORIA	6
CONTENIDO	7
LISTA DE FIGURAS	9
LISTA DE CUADROS	10
RESUMEN	11
ABSTRACT	12
1. INTRODUCCIÓN	13
2. ANTECEDENTES	14
2.1. Biología del Virus Influenza A.....	14
2.1.1. Taxonomía	14
2.1.2. Características Genéticas y Estructura del Virión	14
2.1.3. Ciclo de Infección y Evolución	15
2.1.4. Patogenicidad.....	16
2.2. Epidemiología del Virus Influenza A	17
2.2.1. Historia.....	17
2.2.2. Hospederos Naturales	18
2.2.3. Ocurrencia de la Influenza Aviar A en Norteamérica	19
2.2.4. Ocurrencia de la Influenza Aviar A en México y América del Sur.....	19
2.2.4.1. Brotes en granjas avícolas.....	19
2.2.4.2. Casos en avifauna silvestre	20
2.3. Ecología del Virus Influenza A	21
2.3.1. Transmisión	21
2.3.2. Efectos de los Patrones Espaciales y Temporales en la Ocurrencia de VIA	22
2.3.3. Parámetros Bióticos	22
2.3.4. Parámetros Abióticos.....	24
2.3.5. El Rol de las Aves Intermediarias.....	25
2.3.6. Importancia de los Humedales en la Interfase Silvestre Agrícola.....	27
3. HIPÓTESIS	29
4. OBJETIVOS	30
4.1. General.....	30
4.2. Específicos.....	30
5. MATERIALES Y MÉTODOS	31
5.1. Descripción del Valle del Yaqui.....	31

CONTENIDO (continuación)

5.1.1. Localización del Área de Estudio	31
5.1.2. Climatología.....	31
5.1.3. Vegetación	32
5.1.3.1. Vegetación silvestre.....	32
5.1.3.2. Suelo cultivable	33
5.2. Diseño de Estudio y Muestreo.....	33
5.3. Análisis de Laboratorio	34
5.3.1. Extracción de ARN.....	34
5.3.2. Cuantificación de ARN.....	35
5.3.3. Determinación de la Presencia de Virus Influenza Aviar A	35
5.4. Información Meteorológica	36
5.5. Información Poblacional.....	37
5.5.1. Estructura Poblacional	37
5.5.2. Abundancia y diversidad de Especies.....	38
5.5.2.1. Censos.....	38
5.5.2.2. Selección de las rutas.....	38
5.5.2.3. Índices de Diversidad	39
5.6. Análisis Estadístico	42
6. RESULTADOS Y DISCUSIÓN.....	43
6.1. Características Meteorológicas.....	43
6.2. Presencia del Virus Influenza A	45
6.3. Estructura Poblacional.....	50
6.4. Características Ecológicas de la Avifauna en el Valle del Yaqui.....	55
7. CONCLUSIONES.....	61
8. LIMITACIONES Y RECOMENDACIONES	62
9. REFERENCIAS	63

LISTA DE FIGURAS

Figura		Página
1	Proteínas que conforman el virión de la influenza aviar	15
2	Protuberancia de la cloaca según las etapas de desarrollo de un ave	37
3	Topografía del plumaje de una paloma	38
4	Mapa del Valle del Yaqui.....	41
5	Variables meteorológicas de la temporada de muestreo de aves terrestres (2018-2019) por mes	44
6	Variables meteorológicas de la temporada de muestreo de aves acuáticas (2018-2019) por mes	44

LISTA DE CUADROS

Cuadros		Página
1	Secuencias de oligonucleótidos para el análisis de la presencia del virus de la influenza A en aves por RT-qPCR.....	36
2	Detección del gen M (<i>Influenzavirus A</i>) por RT-qPCR en palomas (n=1,201).....	47
3	Detección del gen M (<i>Influenzavirus A</i>) por RT-qPCR en patos (n=103).....	48
4	Proporción de muestras probadas para <i>Influenzavirus A</i> y análisis de dependencia por sexo, edad y mes	50
5	Registro de sexo y edad de las especies de paloma muestreadas (n=1,201).....	52
6	Registros de sexo y edad de las especies acuáticas muestreadas (n=103)	54
7	Características ecológicas de la avifauna presente en el Valle del Yaqui.....	56
8	Listado de avifauna presente en el Valle del Yaqui por orden taxonómico.....	59

RESUMEN

La influenza aviar, es una enfermedad causada por el virus de la influenza aviar (VIA), afecta principalmente a las aves, y puede tener potencial pandémico. Diversos factores ambientales podrían incrementar el riesgo de transmisión de los VIA hacia otras poblaciones. El objetivo del estudio fue analizar la ocurrencia del VIA en aves silvestres de interés cinegético y su asociación con factores bióticos y abióticos en un agroecosistema de Sonora. Se realizó un estudio analítico transversal con muestreo por conveniencia en una Unidad de Manejo para aprovechamiento cinegético al sur de Sonora (temporada 2018-2019). Se colectaron 1,201 hisopados cloacales de palomas Alas Blancas (*Zenaida asiatica*) (n=597), HUILOTA Común (*Zenaida macroura*) (n=592) y de Collar Turca (*Streptopelia decaocto*) (n=12), y 103 hisopados de 8 especies de patos, de los géneros *Anas* sp. (n=56), *Mareca* sp. (n=34), *Spatula* sp. (n=9) y *Aythya* sp. (n=4). La detección del VIA tipo A se realizó mediante la amplificación del gen de Matriz y Hemaglutinina subtipos H5 linaje euroasiático y norteamericano por RT-qPCR. Para la determinación de la abundancia relativa y diversidad de especies, se realizaron censos en 15 rutas del Valle del Yaqui durante el otoño-2018, invierno-2019. Las palomas fueron negativas a influenza. La prevalencia de influenza aviar en patos fue del 12.6%, donde la mayoría de las muestras positivas (76.9%), fueron de la especie *Anas crecca*. Dos muestras resultaron positivas para H5 linaje norteamericano (*Aythya marila* y *Anas crecca*). La variación estacional de la abundancia y diversidad de especies, encontró que el índice de Simpson fue de 0.91 en otoño y 0.77 en invierno, y el de Shannon-Wiener en otoño fue de 2.84 e invierno de 2.45. Se encontraron 74 especies en otoño, donde las más abundantes fueron: *Columba livia* (17.94%) y *Zenaida asiatica* (12.87%); mientras que en invierno se observó la presencia de 87 especies, con dominancia del *Xanthocephalus xanthocephalus* (44.91%) y *Agelaius phoeniceus* (12.10%). Los resultados confirman la ocurrencia del VIA con alta prevalencia en especies acuáticas migratorias. La prevalencia cero en muestras de paloma de esta región árida indica que no hay suficiente evidencia para concluir que son especies puente de VIA al entorno doméstico en este agroecosistema. Los factores ambientales y los de estructura poblacional, no pudieron asociarse a la ocurrencia del VIA en las poblaciones estudiadas.

Palabras clave: influenza aviar, palomas, patos, factores bióticos y abióticos, agroecosistema.

ABSTRACT

Avian influenza, is a disease produced by the avian influenza virus (AIV), mainly affects birds and may have pandemic potential. Some environmental factors could increase the risk of transmission of AIV to other populations. The objective of the study was to analyze the occurrence of AIV in wild birds of hunting interest and its association with biotic and abiotic factors in a Sonoran agroecosystem. A transversal analytical study with convenience sampling in a Management Unit for hunting use of birds south of Sonora (2018-2019 season) was done. 1,201 cloacal swabs were collected from White-winged Dove (*Zenaida asiatica*) (n = 597), Mourning Dove (*Zenaida macroura*) (n = 592) and from Eurasian Collared-Dove (*Streptopelia decaocto*) (n = 12), and 103 swabs from 8 ducks species, of the genus *Anas* sp. (n = 56), *Mareca* sp. (n = 34), *Spatula* sp. (n = 9) and *Aythya* sp. (n = 4). The detection of VIA type A was performed by amplification of the matrix gene and Eurasian and North American lineage hemagglutinin subtypes H5 by RT-qPCR. Bird population structure were determined by censuses conducted on 15 routes in the Valle del Yaqui during autumn-2018 and winter-2019. Dove species were negative to influenza. Avian influenza prevalence in waterfowl species was 12.6%, and most of the positive samples (76.9%) were from *Anas crecca*. Two samples were positive for H5 North American lineage (*Aythya marila* and *Anas crecca*). The seasonal variation of abundance and diversity of species found that the Simpson index was 0.91 in autumn and 0.77 in winter, and Shannon-Wiener index in autumn was 2.84 and winter of 2.45. 74 species were found in autumn, where the most abundant were: *Columba livia* (17.94%) and *Zenaida asiatica* (12.87%); while in winter the presence of 87 species was observed, with a dominance of the *Xanthocephalus xanthocephalus* (44.91%) and *Agelaius phoeniceus* (12.10%). The results confirm the occurrence of VIA with high prevalence in migratory aquatic species. The zero prevalence in dove's samples in this arid region indicate that there is not enough evidence to conclude these bird participate as bridge species for VIA to the domestic environment. Environmental factors and population structure were not able to be associated with AIV occurrence.

Keywords: avian influenza, biotic and abiotic factors, pigeons, waterfowl, agroecosystem.

1. INTRODUCCIÓN

En el año 2003 ocurrió un brote de influenza aviar (IA) H5N1. Desde entonces, más de 400 millones de aves han muerto o han sido sacrificadas al intentar detener su propagación. Este brote se generalizó causando enormes pérdidas económicas para cientos de miles de pequeños productores de aves de corral, principalmente en varios países de Asia, pero también África y partes de Europa (FAO, 2012). Además, la epidemia ocurrida en México en 2012 (H7N3), trajo consigo la pérdida de 28 millones de aves y aproximadamente 600 millones de dólares (Quesada-Macías et al., 2013). Otro brote importante, fue el ocurrido en 2014 en Estados Unidos (H5), que ocasionó la muerte o sacrificio de 48 millones de aves y gastos en recuperación de alrededor de 1000 millones de dólares (Decision Innovation Solutions, 2015). La relevancia de estos brotes ha hecho resurgir la investigación científica enfocada al estudio de los virus de IA (VIA).

La IA, es una enfermedad viral muy contagiosa que afecta a aves de corral, aves silvestres y otras especies, incluido el humano. En aves, dependiendo de la patogenicidad de la cepa, puede atacar diversos órganos y provocar una elevada tasa de mortalidad (TCFS&PH e IICAB, 2010). Todos los subtipos conocidos del VIA tipo A, se han aislado de aves acuáticas, consideradas hospederos naturales. No obstante, la transmisión a otros hospederos es transitoria. Por consiguiente, las especies puente o intermediarias, juegan un papel importante en la eco-epidemiología de los VIA. Éstas son consideradas mediadores potenciales del flujo de infección, entre hábitats en los que se congregan aves migratorias y zonas de intensa actividad pecuaria, como granjas avícolas o aves de traspatio (Beldomenico y Uhart, 2008).

Se ha propuesto que el mantenimiento del virus en las poblaciones de aves acuáticas podría estar influenciado por factores bióticos y abióticos. Estos influyen en la persistencia, infectividad y el comportamiento de los virus, por lo tanto, en su transmisión (Dalziel et al., 2016). Con base a lo anterior, creemos que el virus influenza aviar se presenta en aves silvestres de interés cinegético, varía estacionalmente y su ocurrencia se asocia con cambios en los factores bióticos y abióticos que determinan su persistencia en un agroecosistema del sur de Sonora.

2. ANTECEDENTES

2.1. Biología del Virus Influenza A

La influenza aviar (IA), también conocida como peste o gripe aviar, causa enfermedades respiratorias e intestinales. En aves, es causada por el virus del género *Influenzavirus A* (también denominado de tipo A). Las variaciones de sus antígenos determinarán su caracterización y la presencia en distintas especies. En estas últimas, los VIA realizarán su ciclo de infección, dependiendo de la patogenicidad del virus.

2.1.1. Taxonomía

El *Influenzavirus A* junto con los *Influenzavirus B*, *Influenzavirus C*, *Influenzavirus D*, *Thogotovirus* e *Isavirus*, conforman la familia *Orthomyxoviridae* (Webster et al., 1992; Strauss y Strauss, 2008; Su et al., 2017). Los virus tipo A difieren de los B y C en las variaciones de antígenos de proteínas internas, principalmente, la nucleoproteína (NP) y las proteínas de matriz, utilizadas para su caracterización, ya que son específicas para cada género (Wright y Webster, 2001). Además, los *Influenzavirus B* e *Influenzavirus C*, se presentan en humanos y raramente en focas y cerdos, pero nunca han sido aislados de aves (Swayne y Halvorson, 2008). Por su parte los *Influenzavirus D*, solo han sido detectados en ganado bovino y cerdos (Su et al., 2017).

2.1.2. Características Genéticas y Estructura del Virión

El genoma del VIA A consiste en ocho segmentos únicos de RNA monocatenario con polaridad negativa encapsulados en múltiples moléculas de NP (Webster et al., 1992). Los tres segmentos

más largos codifican para tres proteínas polimerasas virales dependientes de RNA: proteína polimerasa ácida (PA), proteína polimerasa básica 1 (PB1) y proteína polimerasa básica 2 (PB2) (Chen et al., 2001; Ryu, 2017). Los tres segmentos de tamaño intermedio codifican para hemaglutinina (HA), neuraminidasa (NA) y la NP. De los segmentos restantes, uno codifica para la proteína de matriz M1 y la proteína del canal iónico M2 y el más pequeño para dos proteínas no estructurales (PNE), NS1A y NS2/NEP (Das et al., 2010). En la Figura 1, se muestra un esquema de la estructura del virión.

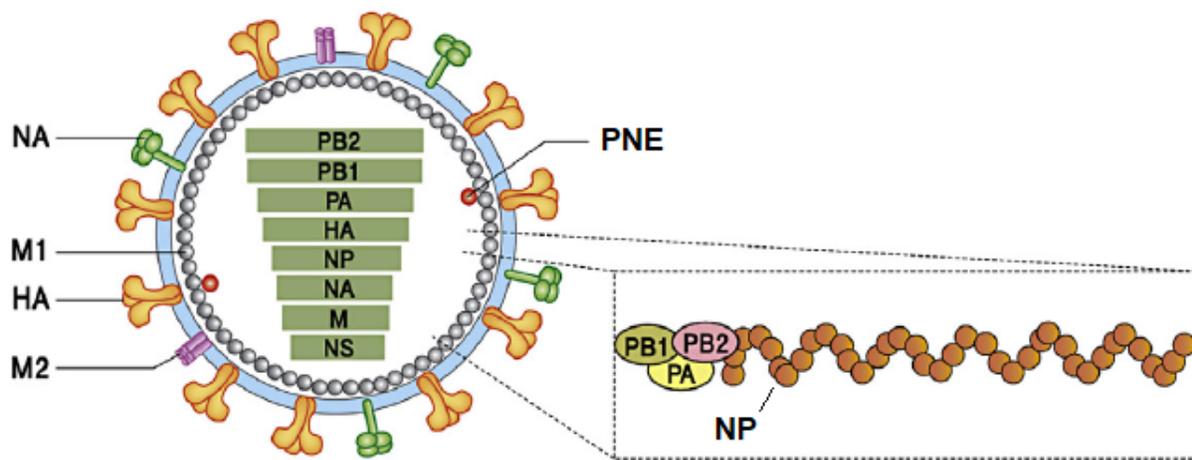


Figura 1. Proteínas que conforman el virión de la influenza aviar. Fuente: Ryu (2017).

2.1.3. Ciclo de Infección y Evolución

La HA tiene dos zonas bien diferenciadas, el lugar de unión al receptor y el de escisión proteolítica necesaria para su activación (García-de Lomas, 2006). En los VIA de baja patogenicidad (IABP) el corte proteolítico de la HA, requerido para la infección de la célula, es por proteasas similares a tripsina. Estas enzimas, están en células epiteliales respiratorias e intestinales o dentro de secreciones del lumen respiratorio, que determina su tropismo local (Swayne y Halvorson, 2008). En los VIA de alta patogenicidad (IAAP), la HA tiene un sitio de escisión proteolítica con un mayor número de aminoácidos básicos Lisina (L) y Arginina (R). Estos aminoácidos además de ser reconocidos por otras proteasas similares a tripsina, son reconocidos y escindidos por las proteasas

ubicuas llamadas furinas, en células de varios órganos viscerales, el sistema nervioso y el cardiovascular (Stieneke-Grober et al., 1992).

El VIA se une a los receptores de las células huésped, es endocitado e internalizado en una vesícula endosómica. Posteriormente, el RNA viral se libera, va al núcleo para la replicación semiconservativa de vRNA y produce la nueva progenie de viriones. Además, a partir del genoma viral se produce RNA mensajero, que es traducido en los ribosomas de la célula huésped, para sintetizar proteínas víricas. Estas proteínas se glucosilan y dirigen a la membrana citoplasmática de la célula hospedadora, se insertan y se recubren por las proteínas de matriz (M1 y M2). Las proteínas estructurales y no estructurales se ensamblan con los segmentos de RNA replicados en el núcleo y se unen a lugares internos de la membrana. Posteriormente, se ensambla el virus y se produce la liberación de los viriones, por la formación de “yemas” desde la célula donde se ha replicado (García-de Lomas, 2006).

Por otra parte, la evolución del VIA se da por mutaciones puntuales y el reordenamiento de segmentos. La deriva antigénica, afecta principalmente a la HA y es el resultado de mutaciones puntuales espontáneas en los genes que codifican para esta proteína. Por su parte, el salto antigénico, implica un cambio total en la matrícula antigénica del virus, afectando a la HA, la NA, o ambas. De este modo, da origen a un nuevo subtipo del VIA A, mediante la recombinación y reordenamiento. La diversidad genética dentro de las poblaciones del VIA, se guía principalmente por el reordenamiento de los segmentos de RNA viral que codifican para las diferentes proteínas del virus (Goñi, 2011). La variabilidad genética es también observable por barreras biogeográficas y hospederos. Se ha descrito una división en diferentes linajes del virus, uno euroasiático y uno americano separados geográficamente (Olsen et al., 2006). Según el hospedero, la variabilidad se da entre linajes aviar, porcino, equino y humano (TCFS&PH e IICAB, 2010).

2.1.4. Patogenicidad

De las proteínas que integran el VIA tipo A, las que principalmente le confieren patogenicidad, son las proteínas integrales de membrana HA y la NA. Para los VIA A, se conocen 18 subtipos de HA (16 en aves y 2 en murciélagos) y 11 de NA (9 en aves y 2 en murciélagos), que van de H1 hasta

H18 y de N1 hasta N11, respectivamente. En cada VIA se encuentra en cualquier combinación, solo un subtipo de HA y solo uno de NA (Wright y Webster, 2001; Wright et al., 2006; Tong et al., 2013).

La infección con la mayoría de las cepas del VIA es completamente asintomática. Pero algunas cepas IAAP producen infección sistémica, acompañada de la afectación del sistema nervioso central, donde la muerte ocurre al cabo de una semana (Wright y Webster, 2001; Sánchez et al., 2009). Los virus de IAAP conocidos, son de los subtipos H5 y H7.

2.2. Epidemiología del Virus Influenza A

Los órdenes en los cuales se presentan los VIA con mayor frecuencia son Anseriformes (patos, gansos y cisnes) y Charadriiformes (aves playeras y gaviotas). Los virus de IABP se han aislado con poca frecuencia de otras aves acuáticas en Europa y EE. UU, de los órdenes Ciconiiformes, Coraciiformes, Columbiformes, Galliformes, Gaviformes, Gruiformes, Passeriformes, Pelecaniformes, Piciformes, Podicipediformes Procellariiformes y Tinamiformes (Montalvo-Corral et al., 2010; Stallknecht y Brown, 2016; Influenza Research Database, 2018). Por su parte, los virus de IAAP H5 se encuentran en algunos órdenes de aves silvestres. Estos son: Anseriformes, Falconiformes, Phoenicopteriformes, Strigiformes y un amplio rango de Passeriformes (Bui et al., 2016; Stallknecht y Brown, 2016).

2.2.1. Historia

El primer informe que se tiene de la IA se dio en Italia y fue un evento de mortalidad en aves de corral, descrito por Perroncito en 1878. Esta enfermedad se designó como “peste aviar”, y fue ocasionada por un agente altamente patógeno. Sin embargo, el agente etiológico no fue identificado hasta 1955, cuando Schafer lo aisló y clasificó como virus de influenza (Schafer, 1955). En cuanto

a aves silvestres, el primer aislamiento del VIA fue en 1961 a partir de charranes comunes (*Sterna hirundo*) en Sudáfrica (Becker, 1966).

Los brotes de IAAP ocurridos entre 1901 y 1961 fueron producidos por virus H5 y H7 (Swayne y Suárez, 2000). Debido a las grandes pérdidas que generaron, se colocó a estos subtipos como altamente patógenos. Sin embargo, se han descrito otros brotes ocasionados por virus de IABP H5 y H7 en aves de corral, causando enfermedades leves (Easterday et al., 1997).

2.2.2. Hospederos Naturales

Las aves acuáticas silvestres de los órdenes Anseriformes y Charadriiformes, son las especies hospedantes naturales y reservorios del VIA. Es a partir de ellas que el virus puede transmitirse a otras especies de diferentes taxa. Estas aves son portadoras de las 16 HA conocidas para aves (Stallknecht y Brown, 2016). Una revisión llevada a cabo por Montalvo-Corral et al. (2010), describió que los subtipos más prevalentes en aves acuáticas silvestres eran H1, H3, H4, H6, H9, H11 y H13 (Olsen et al., 2006; Montalvo-Corral et al., 2010). No obstante, estos eran los subtipos considerados más frecuentes en aves silvestres, estudios de monitoreo intensivo a partir del 2006 en Norteamérica, particularmente en Estados Unidos y Canadá, describieron una prevalencia mayor a la documentada en trabajos previos del subtipo H5, llegándose a encontrar virus de IAAP en aves silvestres (McLean et al., 2007; Lee et al., 2016; Hill et al., 2017).

Recientemente, se ha explorado el papel del orden Charadriiformes en la dinámica de los VIA. Un estudio llevado a cabo por Caron et al. (2017), encontró que los órdenes Phoenicopteriformes, Podicipediformes, Coraciiformes, Passeriformes, Columbiformes, Pelecaniformes, Gruiformes y Piciformes, tienen una tasa de infección mundial mayor o igual que los Charadriiformes. De los antes mencionados, el orden Passeriformes, ha tenido especial atención. Se ha demostrado que las aves de este orden son capaces de replicar y dispersar el VIA en hábitats asociados a aves de corral (Slusher et al., 2014; Jones et al., 2015). Pese a ello, no existe suficiente evidencia que respalde su participación como reservorios naturales del virus.

2.2.3. Ocurrencia de la Influenza Aviar A en Norteamérica

Los VIA se han aislado en 20 de las 42 especies de patos, gansos y cisnes nativos de Norteamérica (Montalvo-Corral et al., 2010). En la Bahía de Delaware hasta el 2008, los 16 subtipos de HA y 9 de NA conocidos para aves (excepto H14 y H15), se aislaron de aves playera y gaviotas, con prevalencias entre 2.8 y 37.5%. Por su parte, en Canadá, se han aislado todos los subtipos de HA y NA conocidos para aves, excepto H13, H14, H15 y H16, con prevalencias que van del 5.1 al 45.5% (Krauss y Webster, 2010).

Por su parte, para Estados Unidos varían entre el 2 y el 60% en el orden Anseriformes (Fouchier y Munster, 2009). A finales de 2014, se aisló un virus de IAAP H5N2 de un pato silvestre norteno (*Anas acuta*) y un halcón gerifalte (*Falco rusticolus*) en EE.UU. Adicionalmente, en Alaska durante el 2016 fue confirmado un caso de IAAP H5N2 en un pato real (Gerlach, 2016; Ramey et al., 2018).

2.2.4. Ocurrencia de la Influenza Aviar A en México y América del Sur

El sector avícola es muy importante para la economía latinoamericana. Además, año tras año esta región recibe una gran variedad de aves silvestres portadoras del VIA. Lo anterior, representa un problema potencial para la entrada de infecciones y pone en riesgo al sector avícola (Afanador-Villamizar et al., 2017).

2.2.4.1. Brotes en granjas avícolas. Algunos países de Latinoamérica han sido afectados por epizootias a causa del virus de IAAP. Estos son México por H5N2 (1994) y H7N3 (2012) y Chile por H7N3 (2002). Por otro lado, los afectados por virus de IABP H5N2, son Guatemala (2000) y El Salvador (2001), República Dominicana y Haití (2008) (Márquez, 2010; Swayne et al., 2013). Hacia el 2017, se encontró que de todos los países de Latinoamérica, México tiene mayor número de estudios y casos reportados, seguido por Chile y Argentina (Afanador-Villamizar et al., 2017).

Si bien se han identificado múltiples subtipos IAAP e IABP, la información sobre este virus y la epidemiología en Latinoamérica es escasa.

En el brote ocurrido en México en 1994, el virus de IABP H5N2 fue aislado de pollos. Al no haberse erradicado el virus al momento del brote, éste mutó y a los meses se convirtió en una cepa altamente patógena (Horimoto et al., 1995). Su propagación se evitó gracias a la implementación de un programa de vacunación posterior a la aparición del virus IAAP. Sin embargo, el virus de IABP H5N2 y otros genéticamente relacionados, continuaron circulando en países como El Salvador y Guatemala (Lupiani y Reddy, 2009).

El siguiente brote masivo de IAAP, ocurrió en Los Altos de Jalisco en 2012, con su posterior reemergencia en Aguascalientes, Guanajuato, Tlaxcala y Puebla, durante el 2013 (Unión Nacional de Avicultores, 2013). Esta epizootia por el virus H7N3, afectó a las aves de corral domésticas (pollos de engorda, gallinas ponedoras, reproductoras, gallos de pelea y codornices) (Navarro-López et al., 2014).

2.2.4.2. Casos en avifauna silvestre. De los estudios reportados en poblaciones de aves afectadas por la IA en Latinoamérica, el 28.1% pertenece a aves silvestres (Afanador-Villamizar et al., 2017). En México se aisló el serotipo H5N2 de un loro (*Psitácido*) y el H7N3 de un pato (*Anas cyanoptera*). Este subtipo, también se aisló del zanate mexicano (*Quiscalus mexicanus*) y del tordo bronceado (CONABIO, 2008; Navarro-López et al., 2014). Además, estudios llevados a cabo en humedales costeros de Sonora, encontraron una ocurrencia del 3.64% del VIA A en el orden Anseriformes (Montalvo-Corral et al., 2011).

En una revisión por Hurtado et al. (2016), sobre IA en aves silvestres de América del Sur, se publicaron prevalencias de cepas aisladas por país. El país con la mayor prevalencia fue Chile, con 6.32% (Charadriiformes), seguido por Perú (0.45% en Anseriformes, Charadriiformes y Pelecaniformes) y Brasil (0.23% en Charadriiformes). Las menores prevalencias encontradas fueron 0.07% en Bolivia (especies sin identificar), 0.09% en Colombia (Anseriformes) y 0.13% en Argentina (Anseriformes, Charadriiformes y Tinamiformes). Los órdenes con mayor prevalencia para el sur de América son Anseriformes (0.21%) y Charadriiformes (0.32%). Recientemente, Jiménez-Bluhm et al. (2018), encontraron para Chile una prevalencia que va de 0.46 a 4.3% entre 2012 y 2015, para los órdenes Anseriformes, Gruiformes y Charadriiformes, mayores a la reportada por Hurtado et al. (2016).

2.3. Ecología del Virus Influenza A

Las especies de aves silvestres y domésticas son susceptibles a la IA. La población de aves acuáticas silvestres (reservorio natural de los VIA), se encargan de transportarlos (Buscaglia, 2004). La transmisión efectiva del VIA desde los hospederos naturales se ve influenciada por diversos factores que se abordan a continuación.

2.3.1. Transmisión

En aves, los virus de IABP infectan y se replican en las células que cubren el tracto gastrointestinal o el epitelio respiratorio de los hospederos naturales y son excretados en altas concentraciones en las heces y secreciones respiratorias (Webster et al., 1992; Gaidet et al., 2011). Estas excreciones son depositadas en el agua y suelo de lagos o canales. Asimismo, los sitios contaminados son visitados por otras aves, en busca de agua y alimento, con riesgo de contaminación (García-García y Ramos, 2006; Webster, 1998). Sin embargo, el grado de infección dependerá de la concentración del virus, su persistencia en el medio ambiente, el grado de consumo del ave y la estación en que un cuerpo de agua se contamina (Gaidet et al., 2011; Hénaux et al., 2012; Vittecoq et al., 2017). Pese a ello, un ambiente acuático contaminado parece ser el método más eficiente para la transmisión del virus por la ruta fecal-oral.

Aunque en menor proporción, no debe descartarse que la transmisión también puede ser antropogénica, mediante equipos, vehículos, calzado y ropa contaminados, venta de aves comerciales y en exhibición o de traspatio (Buscaglia, 2004; Senne et al., 1992). Esto es particularmente importante en los brotes en granjas comerciales de aves. Un estudio llevado a cabo por Thompson y Bennett (2017), resalta el papel de los fomites en la transmisión del virus; se encontró que la viabilidad de los VIA es de hasta dos semanas en acero inoxidable y una semana en algodón y microfibrá.

2.3.2. Efectos de los Patrones Espaciales y Temporales en la Ocurrencia de VIA

Las variables espaciales y temporales son de gran importancia para explicar los cambios en la ocurrencia y diversidad genética de los VIA. Esto se pudiera deber a que el medio ambiente y el paisaje tienen un rol crítico en la introducción y la diseminación inicial de la IA (Ward et al., 2009). Cabe señalar, que las aves de América del Norte no son totalmente distintas de las Euroasiáticas. Algunas aves playeras y patos, principalmente de los órdenes Charadriiformes y Anseriformes, comunican a Norte América con Eurasia durante su migración (Munster et al., 2007). No obstante, el riesgo de intercambio del VIA entre estos dos continentes es bajo (Beldomenico y Uhart, 2008). Las principales rutas migratorias en América son la del Pacífico, la Central y la Atlántica (Petracci et al., 2005). En América del Norte, se ha demostrado que las mayores prevalencias del VIA en patos, tienen un aumento a principios de otoño, antes de la migración hacia el sur, lo que posiblemente se deba al aumento de juveniles (sin previa exposición inmunológica) (Beldoménico y Uhart, 2008). Adicionalmente, Pérez-Ramírez et al. (2012), encontraron altas prevalencias del virus en heces frescas a finales del verano, otoño e invierno. En África, la prevalencia del VIA aumenta gradualmente desde el momento en que los migrantes euroasiáticos llegan a las regiones afro-tropicales hasta el final de su invernada y disminuye después de su partida (Gaidet et al., 2011).

2.3.3. Parámetros Bióticos

Cuando se trata de las características del huésped, los factores que influyen en la presencia del VIA, son variados. La migración es uno de los parámetros más estudiados, asociado a la ocurrencia de IA. Se ha encontrado que, durante la máxima migración en otoño, el reemplazo de aves migratorias es el principal mecanismo que impulsa la variación en los patrones de infección por el VIA (Lisovski et al., 2018).

Las aves migratorias podrían ser más susceptibles a la infección por IABP, ya que el vuelo limita los recursos disponibles para el sistema inmunitario al compensar las altas demandas fisiológicas

de la migración (Bauer y Hoye, 2014). Por ejemplo, aves migratorias en cautiverio han mostrado cambios en las respuestas inmunes innatas (linfocitos y leucocitos totales) asociados al período de migración (Buehler et al., 2008). Asimismo, van Dijk et al. (2014) y Gaidet et al. (2011), concluyen que el mayor pico de infección por el VIA durante el otoño coincide con la llegada de patos reales portadores del virus. Por lo tanto, la presencia de aves migratorias y el patrón de migración son factores importantes en la dinámica de la infección por el VIA.

La migración (búsqueda de lugares de invernada en otoño) y la muda de plumaje de las aves juveniles, promueven el contacto entre un gran número de individuos. La prevalencia y los brotes de IA incrementan cuando la densidad de aves es mayor (Gaidet et al., 2011; Pérez-Ramírez et al., 2012). Aunado a ello, la producción aviar y su comercio, tienen un efecto positivo en los brotes de IA (Gaidet et al., 2011; Waziri et al., 2017). Asimismo, las variaciones estacionales y geográficas en la prevalencia del VIA, se encuentran relacionadas positivamente con la densidad local de aves migratorias de Eurasia en África (Gaidet et al., 2011). Sin embargo, no son necesarias altas densidades para la circulación de los virus IABP (Hénaux et al., 2012). Por lo tanto, será necesario considerar diversos factores bióticos al realizar una vigilancia epidemiológica, para conocer el comportamiento del virus.

Otro de los aspectos que puede influir en la infección por VIA, es el método de alimentación. Por ejemplo, en un estudio llevado a cabo por Hoye et al. (2012), donde se tuvo como modelo de estudio a los cisnes de Bewick (*Cygnus columbianus bewickii*), se evaluó la variación de la infección por VIA entre aves terrestres y acuáticas en función de los isótopos estables de carbono ($\delta^{13}\text{C}$) presentes en sangre (concentración mayor en plantas acuáticas que en terrestres), y se encontró que las aves infectadas tienen mayor presencia de $\delta^{13}\text{C}$ que las no infectadas (-25.3 contra -26.3), infiriendo que tienen menor riesgo de infección las especies que se alimentan de plantas terrestres que las que se alimentan con plantas acuáticas. Además, Hill et al. (2010), señalan que existe una asociación entre la densidad de lamelas (placas orales de filtrado), la prevalencia del VIA y la diversidad de subtipos diseminados por patos chapoteadores.

La estructura poblacional es otro factor preponderante en la presencia del VIA. En los cisnes de Bewick, las aves juveniles se infectan con mayor frecuencia con IABP (30.8%) que los machos y hembras adultos (11.3%) (Hoye et al., 2012). Esto pudiera deberse a que no tienen inmunidad contra los VIA y aunque la existiera, los virus tienen la capacidad de evadir la respuesta inmune innata de los huéspedes mediante recombinación o reordenamiento genético (Brown et al., 2007).

2.3.4. Parámetros Abióticos

Las aves silvestres toman los virus de IABP del ambiente por la ruta fecal-oral, a partir del agua y alimentos contaminados. Siendo esta forma de transmisión la más importante para la diseminación del virus y que es asociada a factores abióticos. Sin embargo, Brown et al. (2006), concluyen que los virus de IAAP se diseminan principalmente por vía respiratoria (aerosoles). Esto sugiere que la transmisión de los virus de IAAP es principalmente por contacto directo, por lo tanto, están más relacionados con los factores bióticos y la diseminación ambiental pasa a segundo plano.

Las temperaturas que resisten los virus son cruciales, ya sea en el ambiente o dentro del huésped (Rothschild y Mancinelli, 2001). Incluso se propone que se ha llegado a una compensación, en la que los VIA sobreviven largos periodos a bajas temperaturas ambientales y soportan temperaturas más altas en los hospederos. Dalziel et al. (2016), encontraron que los VIA persisten en promedio 692 días en agua a temperaturas frías (<4°C). De este modo, es posible que los VIA se conserven en agua congelada durante el invierno (cuando no hay patos) y que al regreso del sur (primavera), los patos se infecten con los VIA (Ito et al., 1995).

En el agua, la salinidad tiene un efecto negativo y el pH un efecto positivo sobre la persistencia del virus. Los virus son más estables entre 0 (agua dulce) y 15,000 partes por millón (ppm) que a 30,000 ppm de cloruro de sodio (Stallknecht et al., 2010). Experimentalmente se encontró que la persistencia del VIA es de hasta 100 días en 17 °C/0 ppm NaCl/pH8.2 (Stallknecht y Shane, 1988). Por otro lado, se ha observado que la combinación entre pH alto y salinidad baja, o viceversa, incrementan la estabilidad de los virus (Stallknecht et al., 2010). Sin embargo, se ha propuesto que valores bajos de pH permiten la entrada de los VIA a la célula huésped, ya que en estas condiciones la HA experimenta un cambio conformacional (van Dijk et al., 2018).

Por otro lado, las partículas virales en agua pueden ser degradadas por microbios y ya no ser infecciosas (Nazir et al., 2010). Además, los virus pueden unirse a estructuras orgánicas como lipopolisacáridos (LPS) bacterianos presentes en agua, causando su inactivación (van Dijk et al., 2018). Adicionalmente, se ha demostrado que los bivalvos, como las almejas asiáticas de agua dulce (*Corbicula fluminea*), reducen las concentraciones virales del agua. De esta manera eliminan de manera eficaz los VIA y reducen la infectividad de cepas IAAP del agua (Faust et al., 2009; Huyvaert et al., 2012).

Los factores meteorológicos pueden alterar la sobrevivencia de los VIA. Condiciones de temperaturas bajas y humedad relativa alta, tienen un efecto positivo en la persistencia y estabilidad de los VIA en Australia y España (OMS, 2006; Pérez-Ramírez et al., 2012). Mu et al. (2011), mediante un modelo estadístico de predicción, demostraron que la probabilidad de brotes disminuye 0.22% conforme la temperatura ambiental aumenta 1°C.

Con respecto a la precipitación, Fang et al. (2008), concluyen que niveles altos de precipitación anual (100 mm/km²) tienen un efecto inverso en el riesgo de brotes (OR=0.93). Esto se puede deber a que la precipitación incrementa el volumen de fuentes de agua que abastecen a especies aviares y son sitio de depósito de virus. Vittecoq et al. (2017), estiman que aquellos sitios con mayor volumen de agua serán menos afectados por los VIA que las lagunas poco profundas. No obstante, un aumento de las precipitaciones por el cambio climático en América del Norte, podría conducir a una expansión de los humedales, y por lo tanto a una mayor abundancia de patos migratorios (Vandegrift et al., 2010).

En relación a la influenza estacional en humanos, diversos estudios que utilizan modelos estadísticos de predicción, han asociado la actividad de la influenza con parámetros meteorológicos. Se ha encontrado una asociación con humedad relativa y absoluta, temperatura mínima, precipitación, radiación solar y flujo de aire (Soebiyanto et al., 2014 y 2015; Pica y Bouvier, 2012; Gomez-Barroso et al., 2017).

2.3.5. El Rol de las Aves Intermediarias

Los VIA de las aves acuáticas silvestres pueden transmitirse a especies de mamíferos y aves domésticas. Las aves consideradas “especies puente” o “intermediarias” pueden ser participantes importantes en la transmisión de los VIA a las aves domésticas y su característica principal es que se movilizan en el contexto silvestre y peridoméstico, a diferencia de aquellas que residen solo en uno de esos ambientes. Estas aves potencialmente median el flujo de infección entre hábitats donde se congregan aves migratorias y granjas avícolas o aves de traspatio. Las especies de aves no migratorias, especialmente passeriformes, garzas o palomas, son de especial interés ya que visitan zonas cercanas a sitios de producción avícola y patios de casas (Beldomenico y Uhart, 2008). Sin

embargo, pese a su importancia, son pocas las investigaciones que se enfocan al estudio de estas aves, en relación con la movilización de los virus.

La transmisión más común de los VIA es intra-especies por ejemplo de pato a pato (Selmons et al., 1991). Sin embargo, también se da la transmisión inter-especies, por ejemplo, de patos silvestres a aves domésticas y de porcinos a humanos (Mohan et al., 1981). Respecto a esta última Campitelli et al. (2004), posterior a un brote en Italia durante el año 2002 por el virus H7N3 en granjas de pavos, se llevó a cabo un muestreo en aves silvestres y en pavos infectados durante el brote y encontraron que las cepas aviarias silvestres y domésticas de IA H7N3 estaban relacionadas en un 99% tanto a nivel fenotípico como genético. Esto sugiere que los virus H7N3 presentes en aves de corral, también circulan en aves acuáticas silvestres. Aunado a ello, Zhang et al. (2019), al comparar la diversidad genética de genes internos de los VIA en aves silvestres y de corral, no se encontraron diferencias significativas, lo que habla de una frecuente transmisión y flujo de los VIA entre aves silvestres y de corral.

Se ha encontrado que al ocurrir brotes por VIA en animales domésticos, aves silvestres peridomésticas han estado presentes en sitios cercanos a los brotes (Ellis et al., 2009; Siengsanon et al., 2009; Slusher et al., 2014). Además, en poblaciones de aves de corral en Chile, se encontró HA H12 que se había identificado anteriormente en un pato real de Moscovia (*Cairina moschata*) (Jiménez-Bluhm et al., 2018). También en Chile, en 2016 ocurrió un brote en granjas de pavos por un virus de IABP subtipo H7N6, al realizarse análisis de similitud genética, se encontró que el virus causante de este brote compartía una estrecha relación genética con virus colectados de aves acuáticas chilenas (*Anas georgica*) y según la mayoría de las filogenias de genes internos, también se encontraban estrechamente relacionados con virus que causó un brote por IAAP en el año 2002 (Mathieu et al., 2019). Adicionalmente, posterior a un brote por IAAP en Estados Unidos y Canadá, Shriner et al. (2016) encontraron un Estornino europeo (*Sturnus vulgaris*) peridoméstico, positivo para ARN viral H5 y anticuerpos euroasiáticos. Lo anterior sugiere una posible dispersión de los VIA, por aves peridomésticas como especies puente de aves silvestres hacia aves de corral.

En un esfuerzo por explicar el papel de las aves intermediarias en la transmisión de la IA, las especies de los órdenes Passeriformes (aves de percha) y Columbiformes (palomas) son de las más estudiadas. Así, aves pertenecientes a estos órdenes probablemente sirvan como vectores para la diseminación del VIA a las aves domésticas. Al respecto, Jones et al. (2015), demostraron que experimentalmente el virus H7N9 es fácilmente transmisible de los pinzones silvestres a las

codornices de Virginia domésticas. Asimismo, Alquttory e Ibrahim (2016), encontraron que los virus H5N1 de paloma, son IAAP para codornices domésticas, llevándolas a la muerte a los dos días de inoculación experimental.

Mediante la técnica molecular de transcripción reversa acoplada a la reacción en cadena de la polimerasa en tiempo real (RT-qPCR), se ha detectado positividad en aves paseriformes en un sitio con estanques, pantanos y humedales, asociados a aves de vida silvestre y en cuativerio (Urig et al., 2017). Por lo tanto, se requiere información adicional para determinar si las poblaciones de aves peridomésticas están interactuando con especies reservorios. Así se proporcionará evidencia de que las especies terrestres son verdaderamente un huésped de propagación de virus de las aves acuáticas a las aves domésticas.

En relación con los factores que influyen en la presencia del VIA en aves intermediarias, una investigación llevada a cabo en Nigeria por Waziri et al. (2017), brindó algunos aportes. Se encontró una asociación de la altitud, temperatura y precipitación con la seroprevalencia de IAAP H5N1 de aves de corral domésticas, intermediarias y silvestres. Además, demostraron que tanto aves domésticas como silvestres aparentemente sanas, fueron expuestas a los VIA H5. Además, La Sala et al. (2019), en Argentina, realizaron un estudio para evaluar el riesgo de transmisión del VIA del entorno silvestre al doméstico y encontraron que las granjas avícolas comerciales cercanas a humedales, en ponderación del peso de las variables, tenían un mayor riesgo de infección con respecto a tener aves de corral domésticas, cercanía a los arrozales y presencia de aves silvestres.

2.3.6. Importancia de los Humedales en la Interfase Silvestre Agrícola

Los humedales son terrenos con suelos inundados, en ambientes con agua dulce o con algún grado de salinidad. Estos se encuentran en tierras de transición entre sistemas acuáticos y terrestres (López-Portillo et al., 2010). Dado que las aves acuáticas migratorias tienden a utilizar a los humedales como sitios de escala, estos sitios tendrán un papel muy importante en la eco-epidemiología de los VIA. Los humedales crean un ambiente que promueve altas densidades de aves que aseguran una alta tasa de contacto entre susceptibles e infectados. Aunado a ello, los virus

son capaces de persistir en agua dulce y ser transmitidos por la ruta fecal-oral (Beldomenico y Uhart, 2008).

México cuenta con 142 humedales de importancia internacional contabilizados hasta febrero de 2014, de los cuales 12 se encuentran en Sonora (CONANP, 2014). La región sur del estado cuenta con algunos de los humedales más importantes dentro de la ruta migratoria del Pacífico en México. Tan solo el humedal Moroncarit (ubicado al sur de Sonora), es visitado por más de 50,000 individuos cada año y es el lugar de invernada para 47,000 aves (Villa-Andrade, 2015). Pronatura (2018), conforme al Plan de conservación de aves de Joint Venture de Sonora, durante el periodo 2015-2017 se realizó una estimación de las poblaciones de aves playeras en las costas de Sonora en los sistemas Tóbari y Moroncarit encontrando una densidad de 270,000 aves.

Por ello se considera que son sitios con una alta concentración de individuos en la estación migratoria y que representan zonas de interés para el estudio de patógenos en aves por su cercanía al Valle agrícola del Yaqui. En un estudio previo llevado a cabo por Montalvo-Corral y Hernández (2010), en aves migratorias acuáticas de los esteros Moroncarit y Tóbari (Región del Valle del Yaqui y del Mayo) se detectaron los subtipos H6, H9 y H5. El subtipo H6 se identificó en *Anas crecca*, el H9 en *Anas americana* y el H5 en *Aythya americana* y *Anas clypeata*. Un estudio publicado año después por los mismos autores, mostró una prevalencia bianual de 3.6% para VIA en aves acuáticas de la misma región (Montalvo-Corral et al., 2011). Esto demostró la introducción de virus de influenza a los humedales de Sonora a través de la migración.

El estatus sanitario de la avicultura en el estado es muy bueno, según el Diario oficial de la Federación (2017), en el artículo primero del acuerdo por el que se da a conocer la campaña y las medidas zoonosanitarias que deberán aplicarse para el diagnóstico, prevención control y erradicación de la Influenza Aviar Notificable, en las zonas del territorio de los Estados Unidos Mexicanos en las que se encuentre presente esa enfermedad, Sonora es declarado libre del virus de la Influenza Aviar en aves comerciales y de traspatio. Por lo que es importante conocer la ocurrencia de estos virus en las aves silvestres acuáticas y peridomésticas terrestres, en el contexto de una región con gran diversidad de avifauna, humedales y extensiones de uso de suelo con actividad agrícola y pecuaria importante como es la zona de interfase Tóbari-Valle del Yaqui un sitio idóneo para realizar este estudio dadas sus características agroecológicas.

3. HIPÓTESIS

El virus influenza aviar se presenta en aves silvestres de interés cinegético, varía estacionalmente y su ocurrencia se asocia con cambios en los factores bióticos y abióticos que determinan su persistencia en un agroecosistema del sur de Sonora.

4. OBJETIVOS

4.1. General

Analizar la ocurrencia del virus influenza aviar en aves silvestres terrestres y acuáticas de interés cinegético y su asociación con factores bióticos y abióticos en un agroecosistema de Sonora.

4.2. Específicos

- Analizar la prevalencia de influenza aviar en muestras de avifauna terrestres y acuáticas migratorias de interés en el estudio.
- Registrar estructura, abundancia relativa e índices de abundancia de las especies de interés cinegético muestreadas en el Valle del Yaqui durante octubre de 2018 y febrero de 2019.
- Evaluar la asociación entre la estructura poblacional, abundancia relativa, índices de diversidad, temperatura, precipitación y humedad ambiental con la ocurrencia de influenza aviar.

5. MATERIALES Y MÉTODOS

5.1. Descripción del Valle del Yaqui

5.1.1. Localización del Área de Estudio

El Valle del Yaqui es una región ubicada en la parte sur del Estado de Sonora dentro del municipio Cajeme, cuenta con una extensión de 450,000 hectáreas. Colinda al este con la cuenca del Río Mayo, al oeste con las Colonias Yaquis y el Mar de Cortés, al norte con la sierra El Bacatete y al sur con el Mar de Cortés. Se encuentra entre los paralelos 27°00' y 27°40' de latitud Norte y entre los meridianos 109°40' y 110° de longitud Oeste, con una altitud de 36 msnm (INEGI, 2017).

Por su parte, el sistema Tóbari (26°59'52'' Norte y 109°49'52'' Oeste) se encuentra en la costa del Golfo de California al noroeste de México en el municipio Benito Juárez, Sonora. Esta bahía se compone de una superficie de 16,700 hectáreas, dentro de las cuáles se encuentra la Isla Huivulai (isla ubicada en el centro de la bahía que funge como isla de barrera). Este sitio es considerado de importancia internacional por la Red Hemisférica de Reservas para Aves Playeras (RHRAP) y se encuentra bajo el manejo de la Comisión Nacional para Áreas Naturales Protegidas (CONANP) (RHRAP, 2019). La geología del sitio está dentro de la placa tectónica norteamericana, compuesto por rocas de tipo sedimentarias, las estructuras con las que cuenta son acantilados e islas. Además, la oceanografía muestra que se tiene la presencia de masas de agua superficial tropical y subtropical (CONABIO-CONANP-TNC-Pronatura, 2007).

5.1.2. Climatología

El Valle del Yaqui forma parte de la subprovincia Llanura Costera y Deltas de Sonora y Sinaloa, cuya litología es principalmente suelo. El tipo de clima que prevalece en la región es muy seco

muy cálido y cálido (INEGI, 2017). La temperatura promedio anual es de 23.46 °C. Siendo los meses más fríos diciembre y enero, con promedios de 16.75°C y 15.70°C respectivamente. La temperatura media mensual mayor se da en los meses de julio con 30.53°C y agosto con 30.15°C (CESAVE-SIAFESON, 2019). La variación pluvial es de 100-200 milímetros en las zonas que colindan con el Mar de Cortés y entre 200-400 milímetros hacia el este (INEGI, 2017). Con un promedio anual de 266.22 milímetros para la región. Por su parte la velocidad del viento anual es de 1.95 Km/h; con mayor velocidad del viento promedio durante el mes de mayo (3.71 Km/h). Además, la humedad relativa anual promedio es de 66.64 %. Siendo los meses más húmedos en promedio agosto con 72.84% y septiembre con 73.83%; y los menos húmedos abril y mayo, con 60.23% y 53.59%, respectivamente (CESAVE-SIAFESON, 2019).

La Bahía Tóbari cuenta con un tipo de marea semidiurna y un oleaje medio. La temperatura media anual esta entre los 18-22 °C, con una salinidad de entre 34.6-35% y una profundidad entre los 0 y 500 m. En ocasiones se ve afectado por tormentas tropicales, huracanes y el fenómeno “El Niño”. Además, cuenta con aportes de agua dulce de ríos y esteros. (CONABIO-CONANP-TNC-Pronatura, 2007). Lo anterior, brinda las condiciones ideales para la llegada de miles de individuos cada invernada, con lo que se incrementa la posibilidad de contaminación por el VIA.

5.1.3. Vegetación

5.1.3.1. Vegetación silvestre. En el Valle del Yaqui, la vegetación de la región es propia de regiones con poca precipitación y alta evaporación. Este consta de matorral principalmente y algunas de las especies que se pueden encontrar son huizache, mezquite, choya, palo verde, palo fierro, sagnera y pitahaya (Grijalva-Montoya, 2016; INEGI, 2017).

Por su parte, la bahía del Tóbari, cuenta un total de 9,146 hectáreas con vegetación de manglar principalmente (Acosta-Velázquez y Vázquez-Lule, 2009). Además, aquí se encuentran especies dentro de la categoría sujeta a protección especial. Estas son: Mangle botoncillo o prieto, mangle blanco, mangle rojo, mangle negro y árbol santo (CONABIO-CONANP-TNC-Pronatura, 2007).

5.1.3.2. Suelo cultivable. El Valle del Yaqui se caracteriza por llevar a cabo actividades agrícolas. Según las estadísticas agrícolas de los distritos de riego en los años 2015-2016 se tuvieron un total de 292,637 Ha sembradas y 292,571 Ha cosechadas con una producción de 2,300 toneladas (valor de cosecha \$10,363,187.96) en las Colonias Yaquis y el Río Yaqui (CONAGUA, 2017). Está estadística antes citada también menciona los principales cultivos que se desarrollan en la región según la temporalidad del cultivo. Para Otoño-Invierno se tienen: el cártamo, higuera, y trigo (mayor superficie cultivada con 165,677 hectáreas), ajo, apio, avena, berenjena, brócoli, calabaza, cebolla, chícharo, chile verde, col de Bruselas, coliflor, ejote, frijol, garbanzo, girasol, hortalizas de invernadero, jitomate, lechuga, maíz, melón, papa, pepino, rábano, sandía, tomatillo y zanahoria; para primavera-verano: algodón, cacahuate, calabaza, cebolla, chile verde, frijol, hortalizas de invernadero, jitomate, maíz, melón, pepino, sandía, sorgo y tomatillo; para perennes: alfalfa, zacate verde, durazno, espárrago, limón, mandarina, mango, naranja, nuez, nopal, toronja y vid de mesa. Adicionalmente se cuenta con el desarrollo de praderas cultivadas para actividad pecuaria de ganado bovino, caprino y equino (INEGI, 2017).

5.2. Diseño de Estudio y Muestreo

Se trató de un estudio de tipo eco-epidemiológico observacional, donde se tomaron muestras cloacales con hisopos estériles de aves silvestres terrestres de las especies Paloma Alas Blancas (*Zenaida asiatica*), Paloma de Collar Turca (*Streptopelia decaocto*), Huilota Común (*Zenaida macroura*), y de especies migratorias acuáticas como Cerceta Alas Verdes (*Anas crecca*), Cerceta Alas Azules (*Spatula discors*), Cerceta Canela (*Spatula cyanoptera*), Pato Cabeza Roja (*Aythya americana*), Pato Boludo Mayor (*Aythya marila*), Pato Friso (*Mareca strepera*), Pato Chalcúan (*Mareca americana*) y Pato Golondrino (*Anas acuta*). Se realizó un muestreo oportunista, producto de la cacería por parte de los ranchos cinegéticos Mex-Bass y Gabino's Outdoor Adventures en unidades de manejo ubicadas en el Valle del Yaqui y sitios de cacería en lagunas y esteros del sistema Tóbari en el municipio de Cajeme, Sonora. La colecta se llevó a cabo durante los meses de octubre de 2018 a febrero de 2019. El tamaño de muestra fue de 1,201 palomas y 103 patos, considerando un intervalo de confianza al 95% y una prevalencia esperada del 0.25% (en

palomas) y 3.60% (en patos). Al momento del muestreo, se registró la fecha de recolección, sitio, especie, edad y sexo de las aves. Las muestras se colocaron en crioviales de 2 mL con medio de transporte de sales Hank's con glicerol al 10% suplementado con Penicilina-estreptomicina (100 u/mL) y Anfotericina B (0.02 mg/mL). Las muestras fueron transportadas y almacenadas a -80°C hasta su uso en el laboratorio de inmunología del Centro de Investigación en Alimentación y Desarrollo, A.C. Los hisopados fueron procesados agrupando cinco muestras, de la misma especie y fecha de recolección. Los grupos de muestras positivas para VIA se separaron y reanalizaron individualmente. El personal a cargo del muestreo de aves, usó procedimientos estándar y equipo de protección personal para la manipulación de las aves, observando medidas básicas de bioseguridad.

5.3. Análisis de Laboratorio

5.3.1. Extracción de ARN

Las muestras fueron procesadas en campana de bioseguridad clase II (LABCONCO, Kansas City, Missouri), se descongelaron (agrupadas o individuales) y se les dio vórtex (15 s), para la extracción manual con el sistema RNEasy mini kit (Cat N°. 74106 QIAGEN, Inc., Valencia, CA, EE.UU.), siguiendo las instrucciones del fabricante. Se tomaron 500 µL de la suspensión de heces en medio Hank's en un tubo de 1.5 mL y se añadieron 500 µL de Buffer RLT (incluido en el kit) con β-mercaptoetanol (10 µl/ mL de Buffer RLT) a cada muestra, se agitó en vórtex por 30 s o hasta que la muestra se homogenizara. Se centrifugó a 8,000 rpm durante 5 min en una centrífuga Eppendorf 5417 C para precipitar los restos sólidos de las heces, conservando el sobrenadante. Este último, se pasó a un nuevo tubo de microcentrífuga de 1.5 mL al que se agregaron 500 µL de etanol al 75% y se mezcló por inversión.

En una columna de centrifugación del kit RNEasy se agregaron 750 µL del lisado y se centrifugó a 10,000 rpm durante 1 min, descartando el filtrado (este paso se repitió para procesar el total del volumen del lisado). A continuación, se adicionaron 700 µL de Buffer RW1 (incluido en el kit) a

la columna y se centrifugó a 10,000 rpm durante 1 min, retirando el filtrado. Posteriormente, fueron agregados 500 μ L de Buffer RPE (incluido en el kit), con una posterior centrifugación de la columna durante 2 min para descartar restos del buffer. Por último, se eluyó el ARN adsorbido en la membrana colocando la columna en un nuevo tubo eppendorf de 1.5 mL y se adicionaron de 35 μ L de agua libre de ARN directamente sobre la columna, se incubó durante 1 min a temperatura ambiente y se centrifugó durante 1 min a 10,000 rpm (esta acción se repitió con el eluido para incrementar la concentración de ARN obtenido).

5.3.2. Cuantificación de ARN

El ARN extraído se cuantificó mediante espectrofotometría (por la medición de la absorbancia 260 nm) utilizando el sistema NanoDropTM ONE^C Microvolume UV-Vis Spectrophotometer (Thermo Fisher Scientific, USA) se cuantificó mediante espectrofotometría el ARN extraído (por la medición de la absorbancia 260 nm). Las concentraciones esperadas según el kit utilizado son de 30 ng/ μ L. Se determinó la pureza del ARN utilizando la proporción de absorbancias 260/280 con el mismo sistema, considerándose ARN de pureza óptima en el rango de 2.0-2.2. Las muestras de ARN obtenidas se almacenaron a -80°C hasta su análisis.

5.3.3. Determinación de la Presencia de Virus Influenza Aviar A

Para determinar la presencia del VIA se aplicó la técnica de RT-qPCR, en la que se utilizaron secuencias de oligonucleótidos (Cuadro 1), publicados para el gen de Matriz del VIA con el sistema One Step Ahead RT-PCR Kit (Cat N°. 220213 QIAGEN, Inc.). Por su parte para la presencia del subtipo H5, se probó un juego de oligonucleótidos para la amplificación del gen de la Hemaglutinina 5, específico del linaje norteamericano con el mismo sistema. La mezcla de reacción a la que se agrega el ARN consistió en: el buffer de RT-PCR de un solo paso, mezcla enzimática RT-PCR de un solo paso, oligonucleótidos sentido y antisentido [500 nM] para

Influenzavirus A (gen de matriz) y sonda TaqMan [300 nM]. Las condiciones de corrida usadas fueron las siguientes: un ciclo de 50°C durante 10 min, un ciclo de 95°C durante 10 min, 40 ciclos a 95°C durante 10 s y 60°C durante 20 s, con una extensión final a 72°C por 2 min (Montalvo-Corral et al., 2009). La anterior amplificación se llevó a cabo en el termociclador StepOne™ (Applied BioSystems).

Cuadro 1. Secuencias de oligonucleótidos para el análisis de la presencia del virus de la influenza A en aves por RT-qPCR.

Especificidad	Iniciador	Secuencia (5'-3')	Referencia
Virus de la Influenza A (Matriz)	M +25	AGA TGA GTC TTC TAA CCG AGG TCG	Spackman et al. (2002)
	M -124	TGC AAA AAC ATC TTC AAG TCT CTG	
	M +64	FAM-TCA GGC CCC CTC AAA GCC GA-TAMRA	
H5 (Hemaglutinina)	H5+1456 NA ¹	ACG TAT GAC TAT CCA CAA TAC TCA A	
	H5+1456 EA ²	ACG TAT GAC TAC CCG CAG TAT TCA	
	H5 -1685	AGA CCA GCT ACC ATG ATT GC	
	H5 +1637	FAM- TCA ACA GTG GCG AGT TCC CTA GCA-BHQ1	

¹ NA: linaje norteamericano

² EA: linaje euroasiático

5.4. Información Meteorológica

Los datos diarios de temperatura promedio, temperatura máxima, temperatura mínima, humedad relativa, velocidad del viento y precipitación se obtuvieron de las REMAS, Red de Estaciones Meteorológicas Automáticas Sonora (CESAVE-SIAFESON, 2019) para el periodo considerado en el estudio (octubre de 2018-febrero de 2019). Además, se tomó la información de las variables antes mencionadas para los meses de diciembre de 2018 y enero de 2019 de dos de las estaciones seleccionadas por su cercanía al humedal Tóbari: EMA-26071-02 y EMA-26018-03.

5.5. Información Poblacional

5.5.1. Estructura Poblacional

La estructura poblacional se estimó con la recopilación de la información individual de cada ave (especie, sexo y edad). La especie se determinó con el apoyo de personal entrenado y guías de campo (Kaufman, 2005). La clasificación de los especímenes con base al sexo (macho/hembra) y la edad (adulto/juvenil) fue realizada con ayuda de un experto (M. en C. German Leyva, técnico académico CIAD Guaymas), mediante las características físicas de las aves. Para este fin, se llevó a cabo la observación de características de la cloaca (Figura 2) como: pronunciación, forma, coloración, densidad de pequeñas plumas alrededor y abultamiento. Además, se visualizaba la coloración y abundancia del plumaje en nuca, lomo y alas (plumas primarias y cobertoras primarias) (Figura 3).

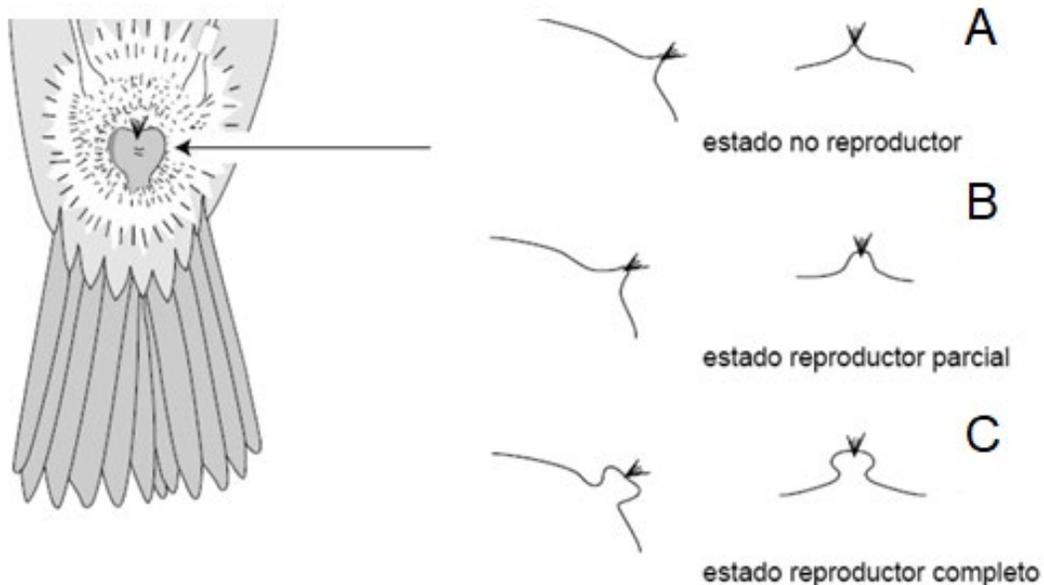


Figura 2. Protuberancia de la cloaca según las etapas de desarrollo de un ave. Clasificación de edad de las aves en juveniles o adultos por medio de las protuberancias cloacales. A) juveniles; B y C) adultos. Fuente: Ralph et al., 1996

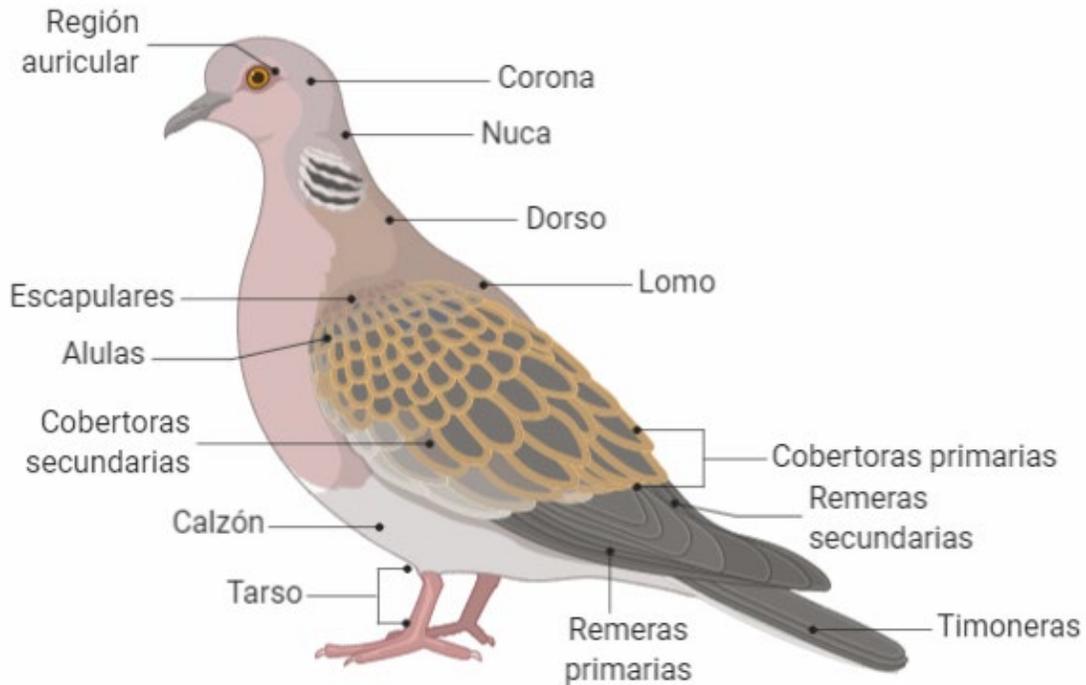


Figura 3. Topografía del plumaje de una paloma. Elaborada en BioRender con información de Valenzuela-Aceval (2007)

5.5.2. Abundancia y diversidad de Especies

5.5.2.1. Censos. Se realizaron 2 censos (uno en otoño y otro en invierno) en rutas a lo largo del Valle del Yaqui. Los horarios fueron por la mañana a la salida del sol (5:50 AM) hasta el mediodía y por la tarde 2 horas después de mediodía hasta la puesta del sol (3:30 PM). El monitoreo consistió en el recorrido en auto de las rutas de 8 Km seleccionadas, con paradas cada dos Km (un total de 5 paradas por rutas). Los censos se realizaron por un operador con entrenamiento y dos auxiliares. Se contabilizaron el número de individuos por especie de aves silvestres en cada parada mediante observación directa (con o sin binoculares) y detección de cantos en compañía de un experto.

5.5.2.2. Selección de las rutas. Se seleccionaron 15 rutas de 8 Km de longitud. Las rutas son la combinación aleatoria de las calles del Valle del Yaqui, donde las calles paralelas a la calle Meridiano al Oeste, son impares y de la Meridiano al Este son Pares; mientras que la numeración

de la calle Base al sur va de cien en cien. Se obtuvo la coordenada de la combinación (Este -Oeste, Norte-Sur) y de allí se determinó la dirección de la ruta: norte, sur, este y oeste, como se muestra en la Figura 4.

5.5.2.3. Índices de Diversidad. Se calculó la abundancia relativa de cada especie para el total de individuos (1) y por kilómetro recorrido (2), esto por cada ruta y temporada.

$$p_i = n_i/N \quad (1)$$

donde p_i es la abundancia relativa, n_i denota número de individuos por especie y N el total de individuos.

$$Ar = n_i/Km \quad (2)$$

donde Ar es la abundancia relativa por kilómetro recorrido, n_i el número de individuos por especie y Km el total de kilómetros recorridos.

Se calculó el índice Simpson (Simpson, 1949) (3) y el correlacionado positivamente (4) que muestra la probabilidad que hay de encontrar dos individuos de distintas especies en dos puntos sucesivos al azar. Los valores que arroja este índice van de 0 (o diversidad baja) hasta $1-1/S$ (mayor diversidad). También se calculó el índice de Shannon-Weaver (Shannon y Weaver, 1949) (5), el cual se basa en el número de especies y su abundancia relativa. En este índice valores menores a 2 son considerados como bajos en diversidad y superiores a 3 se consideran que cuentan con alto nivel de diversidad de especies.

$$D_{si} = \sum_{i=1}^s p_i^2 \quad (3)$$

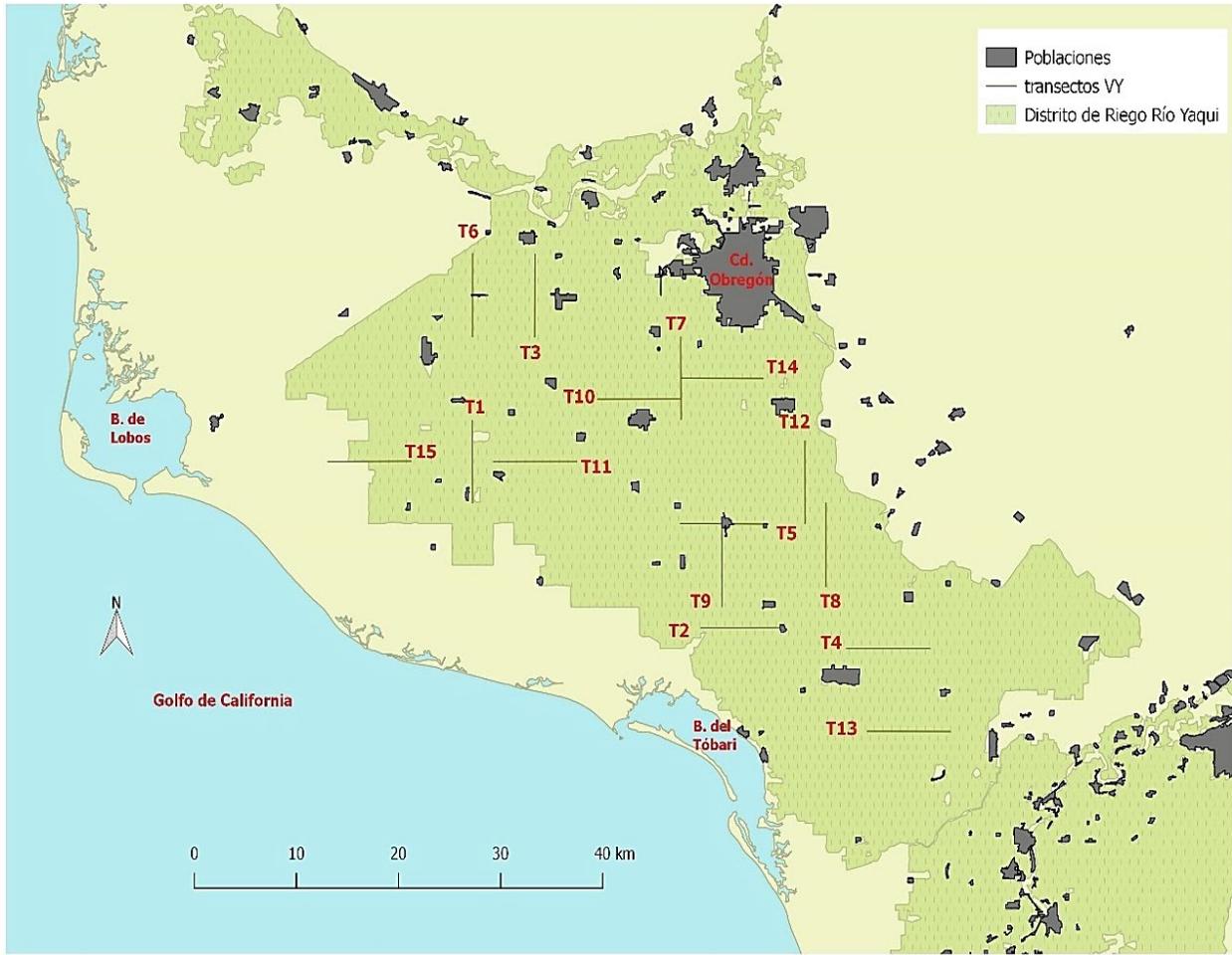
donde D_{si} es el índice de diversidad de Simpson p_i es la abundancia relativa de la i ésima especie y s representa el total de especies.

$$Si_D = 1 - D_{si} \quad (4)$$

donde Si_D denota el índice de diversidad de Simpson correlacionado positivamente y D_{si} es el índice de diversidad de Simpson

$$H' = \sum_{i=1}^s (p_i \times \log_2 p_i) \quad (5)$$

donde H' es el índice de Shannon-Wiener, S el total de especies, p_i la abundancia relativa de la i ésima especie y s el total de especies



Ruta: Calle de Este a Oeste -- Calle de Norte a Sur – Dirección (N: Norte, S: Sur, E: Este, O: Oeste)

1: 900-17-S 2: 1900-4-E 3: 2200-18-E 4: 500-11-N 5: 1400-10-O 6: 100-17-S 7: 500-2-S 8: 1700-16-N

9: 1800-6-N 10: 800-5-E 11: 1100-7-O 12: 1000-14-S 13: 2400-20-E 14: 700-12-O 15: 1100-23-O

Figura 4. Mapa del Valle del Yaqui. En rojo se observan la localización y numeración de rutas para censo de aves silvestres. Fuente: Elaborado por Germán Leyva

5.6. Análisis Estadístico

La estadística descriptiva fue utilizada para los datos normales, donde se calcularon promedio y desviación de los datos ambientales y de la población. Se calculó la prevalencia del VIA en el total de muestras. Además, se obtuvo el promedio, error estándar e intervalos de confianza al 95% para las variables meteorológicas. El análisis anterior de los datos se realizó en el programa STATA versión 12. Para la evaluación de la dependencia de las variables con la presencia del VIA se realizó la prueba de χ^2 de Pearson y para las asociaciones del sexo con la carga viral en cercetas se llevó a cabo un Análisis de Varianza (ANOVA) (P 0.05). Esto último en el programa RStudio (IDE) 2019.

6. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

6.1. Características Meteorológicas

Se obtuvieron los datos de las variables meteorológicas de interés a partir de los registros de las estaciones REMAS en 21 puntos del Valle del Yaqui, dos de estos puntos cercanos a las inmediaciones del Tóbari. En la Figura 5 se muestran las medias de las variables meteorológicas en los meses que abarcó el muestreo de las especies terrestres (octubre-2018 a febrero-2019). Mientras que, en la Figura 6 se muestran las medias de las variables meteorológicas de las dos estaciones aledañas al Tóbari en los meses diciembre y enero. Al comparar la variación de la temperatura promedio [IC 95%: diciembre: 15.62, 16.88; enero: 14.78, 15.72], temperatura máxima [IC 95%: diciembre: 24.45, 25.98; enero: 24.25, 25.60], temperatura mínima [IC 95%: diciembre: 8.05, 9.83; enero: 6.75, 8.50], humedad relativa [IC 95%: diciembre: 70.72, 75.37; enero: 74.00, 79.86], velocidad del viento [IC 95%: diciembre: 2.64, 3.66; enero: 3.07, 4.32] y precipitación [IC 95%: diciembre: -0.18-1.45; enero: -0.06, 0.50], no se encontraron diferencias entre el valor promedio obtenido para el mes de diciembre de 2018 y enero de 2019 (meses de muestreo de especies acuáticas). Es decir, las características atmosféricas del entorno se mantuvieron similares en ambos periodos de tiempo.

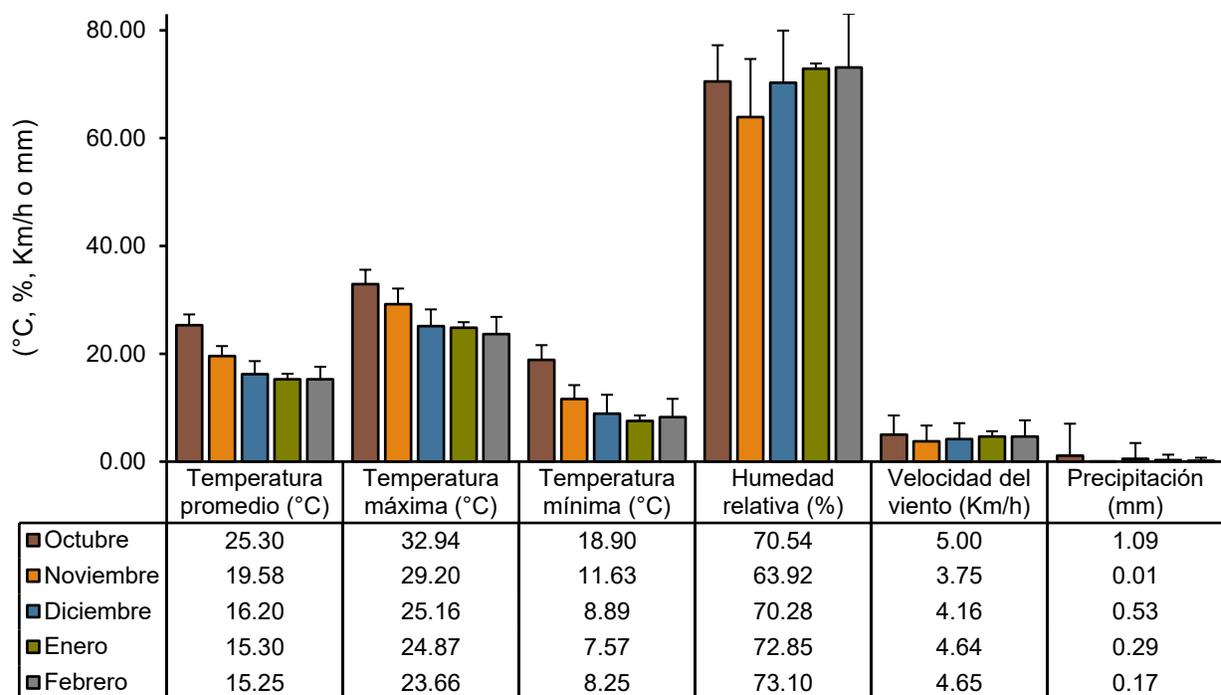


Figura 5. Variables meteorológicas de la temporada de muestreo de aves terrestres (2018-2019) por mes. Los meses de octubre-diciembre pertenecen al año 2018 y los meses de enero-febrero al año 2019. La información corresponde a 21 estaciones meteorológicas presentes en el Valle del Yaqui. Las líneas sobre las barras muestran la desviación estándar.

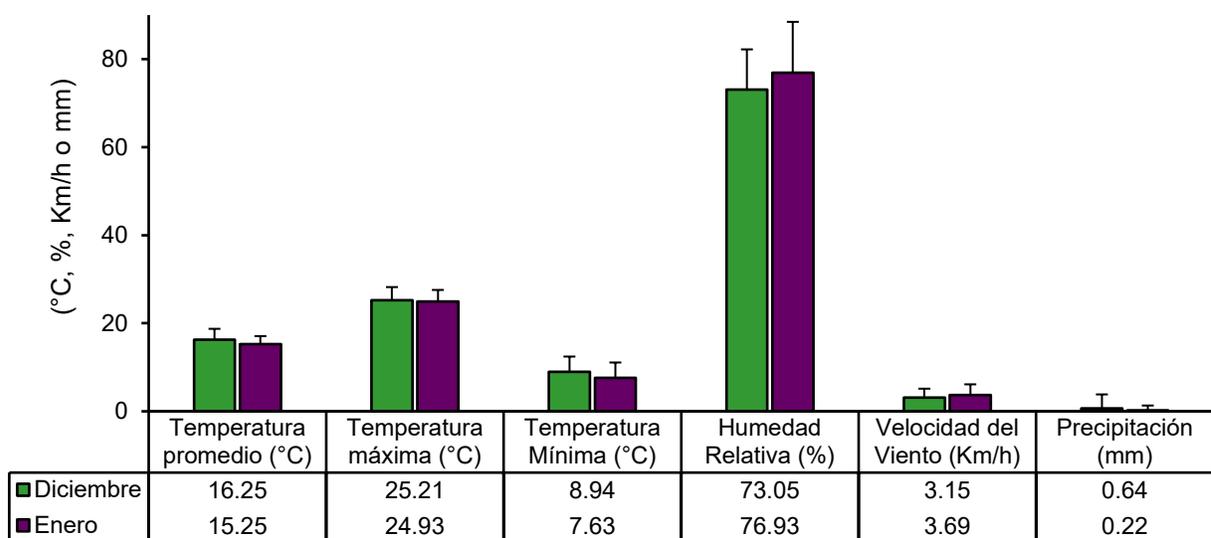


Figura 6. Variables meteorológicas de la temporada de muestreo de aves acuáticas (2018-2019) por mes. La información corresponde a las estaciones meteorológicas cercanas al Tóbari en diciembre de 2018 y enero de 2019. Las líneas sobre las barras muestran la desviación estándar.

6.2. Presencia del Virus Influenza A

El análisis molecular de muestras de hisopados cloacales de aves terrestres peridomésticas y acuáticas migratorias, nos permitió identificar algunos aspectos de la ocurrencia de *Influenzavirus* A en poblaciones silvestres del agroecosistema del Valle del Yaqui. Para el caso de las tres especies de palomas estudiadas, no se encontró evidencia de la presencia del VIA en la muestra de 1,201 individuos analizados (Cuadro 2). La muestra de aves estuvo compuesta mayoritariamente por dos especies, Paloma Alas Blancas y Huilota Común y solo algunos organismos de Paloma de Collar Turca pudieron ser muestreados. Al respecto, Abolnik (2014), reportó que el análisis de influenza aviar en 24 países de 4 continentes mostró una prevalencia de anticuerpos del 8.01% en palomas y pichones (Orden Columbiformes), mientras que la identificación del VIA fue positiva en el 1.1% de 6,155 muestras analizadas. Asimismo, al inocular especies terrestres (entre las que se incluye la Paloma Doméstica), con los virus del clado 2.3.4.4 H5N8 y H5N2 de alta patogenicidad, se encontró que la mayoría de las palomas mostraron una fuerte seroconversión (74%) y el 17% títulos con sospechosa seroconversión (Bosco-Lauth et al., 2019).

Se ha evaluado la presencia de influenza en las especies *Streptopelia decaocto* y *Zenaida macroura* en estudios de vigilancia sin encontrarse muestras positivas (Nettles et al., 1985; Kulak et al., 2010; Lefrancois et al., 2010). Sin embargo, no se descarta la probabilidad de la exposición al virus en otro momento en las especies de palomas incluidas en el estudio, ya que aves de la especie *Streptopelia decaocto* se han encontrado positivas para virus de alta patogenicidad en territorios afectados por brotes en aves de corral; Capua et al. (2000), examinaron aves silvestres muertas o cercanas a granjas infectadas y encontraron una muestra positiva en 19 probadas, que además al lograr el aislamiento del virus, este se catalogó como un virus de influenza aviar de alta patogenicidad subtipo H7N1. En nuestro estudio se determinó la presencia del VIA A por diagnóstico molecular, pero no se evaluaron anticuerpos anti-influenza para detectar una infección (exposición) pasada.

Pese a la falta de estudios, la literatura muestra que la avifauna terrestre tiene participación en la ocurrencia del virus de la influenza. En un monitoreo de influenza en aves terrestres y acuáticas de Eslovaquia se encontró una ocurrencia de 29% para el mes de mayo y 58% en el mes de octubre; del total de muestras positivas en mayo, 11% estaba representado por especies terrestres, mientras

que, en el mes de octubre un 54.5% lo representaban especies terrestres del orden Passeriformes (Mizakova et al., 2008). Aunado a ello, en un estudio llevado a cabo por Iqbal et al. (2013), se infectaron aves de corral y especies terrestres silvestres (aves de selva, gorriones y cuervos) con el virus de la influenza H9N2, aquí encontraron al virus se dio en todas las aves infectadas (siendo asintomático y sin evidencia de transmisión en cuervos y con signos clínicos muy severos en codornices). Conjuntamente, Boon et al. (2007), infectaron especies terrestres (gorriones comunes, estorninos europeos y palomas de carneux) con el virus H5N1 de alta patogenicidad y encontraron que entre el 66 y 100% de los gorriones murieron entre los 4 y 7 días; mientras que, en estorninos y palomas la infección no provocó la muerte de las aves, pero si altos niveles del virus en hisopados orofaríngeos con la prueba de inhibición de la hemaglutinación.

El no encontrar la presencia del VIA en palomas, se pudiera deber a los posibles mecanismos de resistencia innata, dado que para que la infección por virus, inicialmente se debe dar el reconocimiento del virus con los receptores específicos de la superficie celular del huésped. En los VIA, es necesaria la unión de moléculas de ácido siálico de las células epiteliales con la hemaglutinina mediante un enlace con galactosidasa. Por tanto, la distribución del ácido siálico en vías respiratorias y tracto intestinal de los animales son determinantes para la susceptibilidad hacia los VIA. Los VIA tienen preferencia por receptores SA2,3 Gal, lo que hace más susceptibles a la infección a las especies que los portan en vías respiratorias y gastrointestinales. En un estudio llevado a cabo por Liu et al. (2009), mediante tinción con lectina encontraron que las superficies epiteliales de bronquios, bronquiolos, tráquea y faringe contenían principalmente SA2,6 Gal; y poco SA2,3 Gal en el tracto respiratorio. A diferencia del recto, que contaba con SA2,3 Gal predominantemente. Además, no se transmitieron de manera eficiente los VIA desde palomas hacia pollos infectados de manera experimental. Adicionalmente, se ha demostrado que cultivos de órganos traqueales de palomas infectadas con virus de IABP arrojaron títulos de los virus significativamente menores al resto de las aves infectadas (pato, pavo y pollo) (Petersen et al., 2012).

Cuadro 2. Detección del gen M (*Influenzavirus A*) por RT-qPCR en palomas (n=1,201).

Nombre común	Nombre científico	Número de muestras	M ¹ positivas	Subtipo H5NA ² positivas
Paloma Alas Blancas	<i>Zenaida asiatica</i>	597	0	0
Huilota común	<i>Zenaida macroura</i>	592	0	0
Paloma de Collar Turca	<i>Streptopelia decaocto</i>	12	0	0
Total analizado		1,201	0	0

¹M: Gen de matriz del virus de la influenza aviar; (%) porcentaje de aves positivas para la especie

²H5NA: Subtipo H5 Norteamericano

La prevalencia registrada para el VIA en aves acuáticas en la temporada de migración 2018-2019 fue de 12.62% (Cuadro 3). Del total de aves que resultaron positivas, la especie que aportó el mayor número de muestras fue la Cerceta Alas Verdes (76.92%), seguido de Pato Chalcúan (15.38%) y Pato Boludo Mayor (7.70%). En un estudio previo realizado en esta misma región, se encontró que la especie Cerceta Alas Verdes se encontraba entre las principales portadoras del VIA (Montalvo-Corral et al., 2011). Sin embargo, en el estudio de Montalvo-Corral et al., la especie con mayor número de muestras positivas fue *Anas clypeata*, que en el presente estudio (2018-2019), no fue muestreada. De las 13 muestras que resultaron positivas, 9 eran adultos (69.23%), 1 juvenil (7.69%) y en 3 individuos no fue posible clasificar la edad (23.08%). No se encontraron diferencias significativas entre la edad con respecto a la ocurrencia del VIA (Cuadro 4). En otros estudios en latitudes más norteñas, se ha observado el efecto de la edad en la susceptibilidad a la infección. Hoye et al. (2012), mencionan que los juveniles (30.8%) tienen mayor probabilidad de ser infectados por el VIA que los adultos (11.3%) en la especie *Cygnus columbianus bewickii*.

El análisis particular de las cercetas positivas, arrojó que no existe asociación entre la carga viral y el sexo de las Cercetas Alas Verdes (Cuadro 4). Con respecto al sexo de las aves, en la muestra analizada en este estudio (total de aves acuáticas), se observó una proporción de 4 (30.77%) machos y 9 (69.23%) hembras, en las muestras positivas a influenza, sin mostrar una asociación estadísticamente significativa con la ocurrencia del VIA ($P>0.05$). Se ha documentado que en la especie *Anser brachyrhynchus*, la seroprevalencia en hembras adultas es numéricamente más alta, con un RR=1.2, respecto a machos adultos (Hoye et al., 2011).

Posterior a la identificación de los VIA A, las trece muestras positivas a influenza se analizaron para la determinación del subtipo con oligonucleótidos específicos para H5 de linaje euroasiático

y norteamericano. Ninguna muestra fue positiva al subtipo euroasiático, pero dos individuos resultaron positivos a H5 linaje norteamericano, una Cerceta Alas Verdes y un Pato Boludo Mayor. Las aves que migran a humedales de Sonora vienen de sitios en América del Norte donde se ha documentado la presencia de este subtipo, que antes del 2006 se creía de poca prevalencia. Si bien este virus puede ser de reciente introducción, también podría estar circulando en el entorno desde temporadas anteriores, esto ya se había observado en el estudio previo realizado en la región. Montalvo-Corral y Hernández (2010), identificaron dos virus subtipo H5 en aves acuáticas de Sonora y encontraron una identidad genética del 91% entre las dos muestras colectadas en distintas temporadas (A/Redhead/Sonora/408/08 y A/Northern shoveler/Sonora/797/08). Además, estos virus estuvieron altamente relacionados (99% y 98% de identidad, respectivamente) con virus aislados en California. Falta conocer más detalles de la identidad genética de los virus encontrados en la temporada 2018-2019. En lo que se refiere a las especies de pato con muestras positivas, además de las Cercetas Alas Verdes que son de las especies con mayor prevalencia de influenza, resalta el hallazgo del virus encontrado en un Pato Boludo Mayor (*Aythya marila*). Esta especie es menos representada en los estudios de monitoreo de influenza, y además utiliza sitios del Valle como los canales agrícolas a los que no acceden otras especies de patos.

Cuadro 3. Detección del gen M (*Influenzavirus A*) por RT-qPCR en patos (n=103).

Nombre común	Nombre científico	Número de muestras	M ¹ positivas	Subtipo H5NA ² positivas
Cerceta Alas Verdes	<i>Anas crecca</i>	54	10 (18.51%)	1
Cerceta Alas Azules	<i>Spatula discors</i>	8	0	0
Cerceta Canela	<i>Spatula cyanoptera</i>	1	0	0
Pato Cabeza Roja	<i>Aythya americana</i>	2	0	0
Pato Boludo Mayor	<i>Aythya marila</i>	2	1 (50%)	1
Pato Friso	<i>Mareca strepera</i>	20	0	0
Pato Chalcúan	<i>Mareca americana</i>	14	2 (14.28%)	0
Pato Golondrino	<i>Anas acuta</i>	2	0	0
Total analizado		103	13	2

¹M: Gen de matriz del virus de la influenza aviar; (%) porcentaje de aves positivas para la especie

²H5NA: Subtipo H5 norteamericano

La mayor parte de muestras que resultaron positivas (nueve), se encontraron a finales de la estación de otoño, en diciembre, y el resto (cuatro) en el establecimiento del invierno a finales de enero (Cuadro 4). Estudios previos han descrito que las mayores prevalencias de VIA en patos de América del Norte, tiene un aumento a principios de otoño, antes de iniciar la migración hacia el sur (Beldoménico y Uhart, 2008). Adicionalmente, en África se ha observado que la prevalencia de VIA va en aumento desde la llegada de los migrantes euroasiáticos a las regiones afro-tropicales hasta que finaliza su invernada en estos sitios, y disminuye después de su partida (Gaidet et al., 2011). Al ser la región del Valle del Yaqui uno de los sitios de invernada que acoge a especies migratorias procedentes de América del Norte y mediante la movilización de los virus a través de estas especies, el hecho de que la mayoría de las muestras positivas se encontraron a finales de la estación de otoño tiene sentido, ya que para este tiempo la circulación de virus introducidos por los recién llegados puede mantenerse y dispersarse entre las poblaciones migratorias de distintas especies y potencialmente a poblaciones residentes promoviendo la transmisión del VIA, aunque esto último no pudo comprobarse en las aves terrestres estudiadas.

Las condiciones meteorológicas se mantuvieron constantes entre ambos meses de muestreo de especies acuáticas, es probable que la prevalencia y movilización de los virus en especies de pato en la región no se dicte solo por la climatología del entorno, para ello se requieren más estudios. El que la mayoría de las muestras se encontraran en la transición de otoño-invierno (diciembre), podría encontrar su explicación en la ecología del sitio, como podría ser la llegada de las especies migratorias que visitan los humedales costeros de la parte sur de Sonora, lo que promueve la convivencia entre miles de individuos. Además, según Kaufman (2001), hacia el mes de diciembre la mayoría de las especies acuáticas muestreadas, ya habrían alcanzado o estarían por alcanzar su punto máximo migratorio hacia el sur.

Cuadro 4. Proporción de muestras probadas para *Influenzavirus A* y análisis de dependencia por sexo, edad y mes

Variable	Clasificación	M ¹ positivas	M ¹ negativas	Valor de P (<0.05)
Sexo ⁴	Machos	4	44	0.354
	Hembras	9	46	
Edad ⁴	Adultos	9	73	0.300
	Juveniles	1	9	
	NI ²	3	8	
Mes ^{3,4}	Diciembre	9	55	0.796
	Enero	4	35	

Variable	Grados de libertad	Suma de cuadrados	Cuadrados medios	Valor de F
Sexo ⁵ (Macho/Hembra)	1	6.35	6.354	0.506

¹M: Gen de matriz del virus de la influenza aviar

²NI: No identificado

³El mes de diciembre comprende el muestreo del 14 de diciembre de 2018 y el de enero del 24 de enero de 2019

⁴Análisis por Chi² en n= 103 individuos muestreados

⁵ANOVA en n= 10 muestras positivas en la especie más abundante (*Anas crecca*)

6.3. Estructura Poblacional

Además del estudio epidemiológico, una parte importante de las investigaciones de influenza en aves requiere conocer otras características de la ecología viral, por ello era necesario generar datos sobre la estructura poblacional de las especies de interés. El muestreo de paloma se completó en los meses de octubre-2018 y febrero-2019 con un total de 1,201 individuos. La estructura poblacional, así como las razones por edad, se muestran en el Cuadro 5. La muestra estuvo compuesta por el 49.71% Paloma Alas Blancas, 49.29% Huilota Común y 0.99% Paloma de Collar Turca. Tomando en cuenta las tres especies, se encontró que el 50.79% eran machos y el 49.21% hembras, de los cuales 11.24% eran juveniles y 88.68% adultos.

Con respecto a la razón por sexos, al ser las palomas, especies monógamas, la razón por sexos deseada sería de 1:1, esto es, una hembra por un macho. Sin embargo, la muestra arrojó un valor mayor a uno en las especies Paloma Alas Blancas (1.15) y Paloma de Collar Turca (1.4), mientras que en Huilota Común fue menor que uno (0.92). Cereza (2005), menciona que para considerar

una población como estable y en expansión, el índice de sexo deberá ser igual o menor que 1; por lo que, de las tres especies muestreadas, la población de la Huilota Común puede considerarse como estable. García-Bacallao (2017), al trabajar con censos de paloma Huilota Común en la región de Cienfuegos, Cuba con condiciones climatológicas similares a las del Valle del Yaqui, obtuvo un índice superior al nuestro (1.71). Lo anterior es muestra de que los datos obtenidos en esta investigación son de importancia para la región, dado que, aunque cuenta con una explotación de la especie, esta se encuentra en condiciones apropiadas. Sin embargo, con las especies Paloma Alas Blancas y Paloma de Collar Turca, la explotación o condiciones del hábitat podrían afectar su estabilidad. Cabe mencionar que, en Paloma de Collar Turca, el tamaño de muestra distaba del de las otras especies, quizá el muestreo de un mayor número de individuos aportaría más información. Por otra parte, al igual que con la razón por sexos, la razón por edad esperada es de 1:1, ya que esta revela el comportamiento de renovación poblacional (Chaloux, 2005). Sin embargo, en las tres especies (Paloma Alas Blancas, Huilota Común y Paloma de Collar Turca), el valor de la razón por sexos fue inferior a 1, lo cual podría indicar que en estas poblaciones no se están renovando por completo los individuos adultos. El encontrar una relación baja en este agroecosistema de Sonora, invita a interpretar los resultados con reservas, ya que la relación por edad para Nadal (1994), se encuentra relacionada con la disposición del hábitat. De este modo, las aves se desarrollan de manera eficiente en hábitats con una calidad alta. Con un muestreo más extenso realizado en distintas estaciones será posible enriquecer los datos de estructura poblacional para este sitio.

Cuadro 5. Registro de sexo y edad de las especies de paloma muestreadas (n=1,201).

Especie	Razón por sexo (M/H)			Razón por edad (J/A)		
	Machos	Hembras	Razón	Juveniles	Adultos	Razón
Paloma Alas Blancas (<i>Zenaida asiatica</i>) n= 597	319	278	1.15	67	530	0.13
Huilota Común (<i>Zenaida macroura</i>) n=592	284	308	0.92	56	535	0.10
Paloma de Collar Turca (<i>Streptopelia decaocto</i>) n=12	7	5	1.4	12	0	0
Total	610	591		135	1065	

Por su parte, el muestreo de aves acuáticas (Cuadro 6) se completó entre los meses de diciembre de 2018 y enero de 2019. Para este componente de avifauna no fue posible realizar los censos extensivos en el Tóbari como los que se hicieron en paloma en el Valle del Yaqui, por lo que los datos para esta muestra se presentan a nivel descriptivo. El total de la muestra fueron 103 individuos. La mayor parte de la muestra (52.43%), estuvo representada por Cerceta Alas Verdes, seguido de Pato Friso (19.42%), Pato Chalcúan (13.59%) y Cerceta Alas Azules (7.77%); el 6.79% restante lo componen las especies Cerceta Canela, Pato Cabeza Roja, Pato Boludo Mayor y Pato Golondrino. De las 8 especies encontradas, 46.60% eran machos, 53.40% hembras, 10% juveniles, 90% adultos.

En cuanto a la razón por sexos, para aquellas especies en las que fue posible calcularla, se encontró que las especies con un valor igual o menor que uno, fueron Cerceta Alas Verdes (0.8) y Pato Chalcúan (1), el de la Cerceta Alas Azules estuvo muy por debajo de 1 (0.14) y el del Pato Friso fue de 1.5. Para la razón por edad, en las 3 especies que se pudo calcular (Cerceta Alas Azules, Pato Friso y Pato Chalcúan), los valores obtenidos fueron menores que 1, lo que indica un predominio de adultos. Además, en el resto de las especies en las que fue posible clasificar por edad (Cerceta Alas Verdes, Cerceta Canela, Pato Cabeza Roja, Pato Golondrino), todos los individuos eran adultos. De las antes mencionadas, según Berlanga et al. (2017), la Cerceta Canela y el Pato Cabeza Roja son especies que cuentan con poblaciones residentes y migratorias de

invierno, por lo que se esperaría encontrar estabilidad en sus poblaciones. El resto de las especies, son consideradas migratorias de invierno, entonces, sus poblaciones varían según el momento de la invernada. Por lo anterior, las razones por sexo y edad en patos, podrían no ser un indicativo del estatus actual de las especies encontradas.

Las poblaciones de Cerceta Alas Verdes y Pato Golondrino, tienen un largo periodo para realizar su migración hacia el sur (desde octubre hacia inicios de diciembre); pero en el caso de la Cerceta Alas Verdes, las hembras pueden desplazarse más al sur que los machos, por lo que, según el sitio y tiempo la estructura poblacional se verá modificada. Por su parte, las poblaciones de Cerceta Alas Azules, en otoño viajan hacia el sur en bandadas, algunos de estos grupos compuestos únicamente por aves jóvenes. El Pato Boludo Mayor y el Pato Friso, en su migración hacia el sur, lo hacen en bandadas, sin embargo, al Pato Boludo Mayor es más común encontrarlos en las costas y al Pato Friso en tierra. En su migración desde el oeste de los Estados Unidos hacia el sur, el Pato Chalcúan lo hace en bandadas y parece ser gradual alcanzando su punto máximo hasta los meses de diciembre o enero (Kaufman, 2001). Aunado a ello, se debe tomar en cuenta que, aunque el tamaño de muestra es suficiente para la descripción del evento de la presencia de influenza, las estimaciones de la razón por edad y sexo se pudieran ver sesgadas por el número desigual de muestras entre especies y el tamaño reducido de la muestra.

Cuadro 6. Registros de sexo y edad de las especies acuáticas muestreadas (n=103).

Especie	Razón por sexo (M/H)			Razón por edad (J/A)		
	Machos	Hembras	Razón	Juveniles	Adultos	Razón
Cerceta Alas Verdes (<i>Anas crecca</i>) n= 54	24	30	0.8	0	50	
Cerceta Alas Azules (<i>Spatula discors</i>) n= 8	1	7	0.14	1	4	0.25
Cerceta Canela (<i>Spatula cyanoptera</i>) n= 1	1	0		0	1	
Pato Cabeza Roja (<i>Aythya americana</i>) n= 2	2	0		0	2	
Pato Boludo Mayor (<i>Aythya marila</i>) n= 2	0	2		NI	NI	
Pato Friso (<i>Mareca strepera</i>) n= 20	12	8	1.5	6	14	0.42
Pato Chalcúan (<i>Mareca americana</i>) n= 14	7	7	1	2	8	0.25
Pato Golondrino (<i>Anas acuta</i>) n= 2	1	1	1	0	2	
Total	48	55		9	81	

* NI: No identificado

6.4. Características Ecológicas de la Avifauna en el Valle del Yaqui

Al hacer los análisis por estación (Cuadro 7), los índices de Simpson obtenidos fueron de 0.91 para otoño y 0.77 para invierno, por lo que se puede hablar de una mayor diversidad para la estación de otoño que para invierno. Es decir, las especies presentes en la estación de otoño se encuentran en condiciones de abundancia más similares que las que se presentan en invierno. Adicionalmente, los valores encontrados del índice de Shannon-Weiner en otoño fue de 2.84 y en verano de 2.45. Este índice habla del grado de heterogeneidad que tiene una comunidad, utilizando como base dos factores: la abundancia relativa y el número de especies. Al encontrarse, valores entre el rango de 2 a 3, la diversidad está entendida como normal, teniéndose mayor heterogeneidad de especies en otoño (como ocurrió con el índice de Simpson). Sin embargo, los anteriores datos deben ser tomados con reservas, ya que este índice considera que: todos los individuos se seleccionan al azar y que todas las especies presentes en la región se muestrearon.

De las 98 especies observadas, 33 eran residentes, 19 migratorias de invierno (de las cuales el Playero Occidental también tiene la característica de actuar como transitoria), 1 migratoria de verano (Golondrina Risquera) y 1 migratoria de invierno y verano (Vireo de Bell). Además, se encontraron 43 especies cuyas poblaciones pueden permanecer como residentes o realizar migración (de invierno y/o verano). Aunque con menor heterogeneidad, la abundancia y riqueza de especies en invierno (6,380 individuos dentro de 87 especies), fue mayor que en otoño (4,381 individuos en 74 especies). El aumento en la cantidad de especies e individuos del otoño hacia el verano podría verse modificada con la llegada gradual de especies de invernada desde el norte hacia la región del Valle del Yaqui. Lo anterior se observa en las especies contabilizadas, ya que se ve incrementado de 9 (otoño) a 17 (invierno), el número de especies migratorias de invierno; y de 34 (otoño) a 41 (invierno) aquellas especies que pueden residir o realizar migración. Por último, el porcentaje de similitud fue de 64.28%, con 63 especies compartidas entre ambas estaciones, siendo la mayoría de ellas, especies residentes (que pueden o no realizar migración).

Las especies más abundantes en otoño fueron: Paloma Doméstica (17.94%) y Paloma Alas Blancas (12.87%); mientras que en invierno se observó la dominancia del Tordo Cabeza Amarilla (44.91%) y Tordo Sargento (12.10%). Entre las especies de palomas de interés para el estudio, se registraron 1,349 palomas en otoño, de las cuales 564 son Paloma Alas Blancas, 255 Paloma de Collar Turca

y 530 Huilota Común. En invierno, se observaron 505 individuos (tomando en cuenta las tres especies), de las cuales 215 fueron Huilota Común, 124 Paloma Alas Blancas y 166 Paloma de Collar Turca. Las palomas Huilotas se presentan en hábitats muy variables como ambientes áridos, templados o tropicales (Dolton, 2003). Sin embargo, nuestros registros son mayores que lo reportado por Hernández-García (2012), quien encontró un promedio de 155 palomas Huilotas observadas en dos zonas cinegéticas de Jalisco con clima semi seco (similar al Valle del Yaqui) durante el otoño entre el periodo 2006-2010. En la estación de otoño, para las anteriores tres especies, la mayor cantidad de palomas se observó en la ruta cinco (225 individuos), donde el contexto ambiental era semiurbano con tierras de cultivo aradas. Mientras en invierno fue en la ruta 10 (80 individuos), cuyo entorno estaba compuesto principalmente por cultivo de trigo.

Cuadro 7. Características ecológicas de la avifauna presente en el Valle del Yaqui.

Variable	Estación		
	Otoño	Invierno	Otoño-Invierno
Índice de Simpson	0.91	0.77	
Índice de Shannon-Wiener	2.84	2.45	
Aves/Km	36.50	53.17	44.84
Abundancia	4,381	6,380	10,761
Riqueza	74	87	98
Especies residentes*	29	28	33
Especies migratorias de invierno*	9	17	19
Especies migratorias de verano*	1	0	1
Especies migratorias de invierno y verano*	1	1	1
Especies residentes y/o migratorias*	34	41	43
Especies únicas para la temporada	11	24	
% de Similitud			64.28

*Clasificación con base a Berlanga et al. (2017).

Las 98 especies de avifauna observadas se encontraban dentro de 33 familias y 15 órdenes (Cuadro 8). El orden con mayor riqueza fue el de los Passeriformes (48 especies en 16 familias), dentro de este orden, la familia Parulidae es la más representada (9 especies). El segundo con mayor número de especies fue Charadriiformes (9 especies en 3 familias), seguido por Columbiformes (7 especies en la familia Columbidae).

Por otro lado, siguiendo con la clasificación de Berlanga et al. (2017), de las 98 especies, 89 son endémicas, 2 semiendémicas (Calandria Pico Ancho y Calandria Dorso Negro Menor), 2 cuasiendémicas (Zacatonero Ala Rufa y Zacatonero Hombros Canela) y 5 exóticas (Garza Ganadera, Paloma de Collar Turca, Paloma Doméstica, Gorrión Doméstico y Estornino Pinto). Del total de especies, según la categoría de riesgo de acuerdo con la Norma-059-SEMARNAT-2010, el Chipe Lores Negro está clasificado como amenazado y 3 especies sujetas a protección especial (Gavilán de Cooper, Gavilán de Pecho Canela y Halcón Peregrino). Además, de acuerdo con las categorías de riesgo de la IUCN, el Vireo de Bell es considerado como casi amenazado.

Según documentación previa, tanto VIA de alta y/o de baja patogenicidad, han sido encontrados en 11 de los órdenes registrados para esta región en los censos 2018-2019; estos son: Anseriformes, Charadriiformes, Ciconiiformes, Columbiformes, Coraciiformes, Falconiformes, Galliformes, Gruiformes, Passeriformes, Pelecaniformes y Piciformes (Stallknecht y Brown, 2016; Influenza Research Database, 2018; Bui et al., 2016). Lo anterior hace que las regiones del Valle del Yaqui, así como las costas del sur del estado de Sonora, se postulen como zonas de vigilancia continua de VIA y otras enfermedades presentes en aves silvestres. Dentro de estas, una especie de interés es el Pato Mexicano (*Anas diazi*), es muy abundante en la región, se encontró en los censos realizados en el Valle del Yaqui para el presente trabajo y en muestreos previos 1/20 individuos resultó positivo para VIA (Montalvo-Corral et al., 2011).

Tomando en cuenta las siguientes tres situaciones, 1) que según la Norma Oficial Mexicana de Emergencia (Diario Oficial de la Federación, 2017): Sonora es declarado libre del VIA en aves comerciales y de traspato, 2) que el VIA no fue encontrado en palomas en este primer muestreo llevado a cabo en la región y 3) que el VIA sí fue registrado en patos en el muestreo de esta temporada y en previos (Montalvo-Corral et al., 2010), se acrecienta el interés por conocer las características del entorno o propias de los individuos que impiden o favorecen la transmisión desde las aves silvestres infectadas, hacia las silvestres terrestres y las de traspato.

Con respecto al rol de las palomas como especies puente en la transmisión de los VIA, dadas las particularidades inmunológicas anteriormente mencionadas y tomando en cuenta la prevalencia cero de VIA en palomas, es posible que, aunque son capaces de adquirir el VIA, no lo son de mantenerlo y transmitirlo con éxito. Por lo cual, aunque las palomas se encuentran entre las especies terrestres más abundantes para esta región, podrían ser un medio de transmisión menos eficiente de estos virus. Habría que realizarse más estudios de vigilancia epidemiológica en la búsqueda de especies puente en sistemas terrestres, mostrando especial interés en esta región a las aves del orden Passeriformes (tordos principalmente por su amplia abundancia registrada) e incrementando el tamaño de muestra en la vigilancia de Palomas. Claro está, que en este estudio se tuvo en consideración y se deberá tener en posteriores, la factibilidad de la obtención de muestras y que, por parte de la actividad cinegética, solo se tienen acceso a un número reducido de especies acuáticas y terrestres para su estudio.

Cuadro 8. Listado de avifauna presente en el Valle del Yaqui por orden taxonómico.

Orden	Familia	Nombre común	Nombre científico
Accipitriformes	Accipitridae	Aguililla Cola Roja	<i>Buteo jamaicensis</i>
		Aguililla Gris	<i>Buteo plagiatus</i>
		Gavilán de Cooper	<i>Accipiter cooperii</i>
		Gavilán de Pecho Canela	<i>Accipiter striatus</i>
		Gavilán Rastrero	<i>Circus hudsonius</i>
	Milano Cola Blanca	<i>Elanus leucurus</i>	
	Cathartidae	Zopilote Aura	<i>Cathartes aura</i>
Anseriformes	Anatidae	Cerceta Alas Azules	<i>Spatula discors</i>
		Cerceta Alas Verdes	<i>Anas crecca</i>
		Cerceta Canela	<i>Spatula cyanoptera</i>
		Pato Boludo Mayor	<i>Aythya marila</i>
		Pato Mexicano	<i>Anas diazi</i>
Apodiformes	Trochilidae	Colibrí Pico Ancho	<i>Cynanthus latirostris</i>
	Charadriidae	Chorlo Tildío	<i>Charadrius vociferus</i>
Charadriiformes	Recurvirostridae	Monjita Americana	<i>Himantopus mexicanus</i>
	Scolopacidae	Costurero Pico Largo	<i>Limnodromus scolopaceus</i>
		Patamarilla Mayor	<i>Tringa melanoleuca</i>
		Picopando Canelo	<i>Limosa fedoa</i>
		Playero Alzacolita	<i>Actitis macularius</i>
		Playero Diminuto	<i>Calidris minutilla</i>
		Playero Occidental	<i>Calidris mauri</i>
Playero Pihuiuí	<i>Tringa semipalmata</i>		
Ciconiiformes	Ardeidae	Garcita Verde	<i>Butorides virescens</i>
		Garza Blanca	<i>Ardea alba</i>
		Garza Dedos Dorados	<i>Egretta thula</i>
		Garza Ganadera	<i>Bubulcus ibis</i>
		Garza Morena	<i>Ardea herodias</i>
Columbiformes	Columbidae	Huilota Común	<i>Zenaida macroura</i>
		Paloma Alas Blancas	<i>Zenaida asiatica</i>
		Paloma de Collar Turca	<i>Streptopelia decaocto</i>
		Paloma Doméstica	<i>Columba livia</i>
		Tortóla Cola Larga	<i>Columbina inca</i>
		Tortolita Canela	<i>Columbina talpacoti</i>
		Tortolita Pico Rojo	<i>Columbina passerina</i>
Coraciiformes	Alcedinidae	Martin Pescador Norteño	<i>Megaceryle alcyon</i>
		Martin Pescador Verde	<i>Chloroceryle americana</i>
Cuculiformes	Cuculidae	Correcaminos Norteño	<i>Geococcyx californianus</i>
Falconiformes	Falconidae	Caracara Quebrantahuesos	<i>Caracara cheriway</i>
		Cernícalo	<i>Falco sparverius</i>
		Halcón Esmerejón	<i>Falco columbarius</i>
		Halcón Peregrino	<i>Falco peregrinus</i>
Galliformes	Odontophoridae	Codorniz de Gambel	<i>Callipepla gambelii</i>
Gruiformes	Rallidae	Gallareta Común	<i>Fulica americana</i>
		Gallineta Frente Roja	<i>Gallinula galeata</i>
Passeriformes	Cardinalidae	Cardenal Norteño	<i>Cardinalis cardinalis</i>
	Corvidae	Cuervo Común	<i>Corvus corax</i>
	Fringillidae	Jilguerito Dominicó Pinzón Mexicano	<i>Spinus psaltria</i> <i>Haemorhous mexicanus</i>

Cuadro 8. Listado de avifauna presente en el Valle del Yaqui por orden taxonómico (continuación)

Orden	Familia	Nombre Común*	Nombre científico
Passeriformes	Hirundinidae	Golondrina Alas Aserradas	<i>Stelgidopteryx serripennis</i>
		Golondrina bicolor	<i>Tachycineta bicolor</i>
		Golondrina Risquera	<i>Petrochelidon pyrrhonota</i>
	Icteridae	Calandria Dorso Negro Menor	<i>Icterus cucullatus</i>
		Pradero del Oeste	<i>Sturnella neglecta</i>
		Tordo Cabeza Amarilla	<i>Xanthocephalus xanthocephalus</i>
		Tordo Cabeza Café	<i>Molothrus ater</i>
		Tordo de Breuer	
		Tordo Ojos Rojos	<i>Molothrus aeneus</i>
		Tordo Sargento	<i>Agelaius phoeniceus</i>
		Zanate Mayor	<i>Quiscalus mexicanus</i>
	Laniidae	Verdugo Americano	<i>Lanius ludovicianus</i>
	Mimidae	Cenzontle Norteño	<i>Mimus polyglottos</i>
		Cuicacoche Pico Curvo	<i>Toxostoma curvirostre</i>
	Parulidae	Chipe Amarillo	<i>Setophaga petechia</i>
		Chipe Cabeza Amarilla	<i>Setophaga occidentalis</i>
		Chipe Cabeza Gris	<i>Oreothlypis ruficapilla</i>
		Chipe Cejas Blancas	<i>Oreothlypis superciliosa</i>
		Chipe Corona Negra	<i>Cardellina pusilla</i>
		Chipe Lores Negros	<i>Geothlypis tolmiei</i>
		Chipe Oliváceo	<i>Oreothlypis celata</i>
		Chipe Rabadilla Amarilla	<i>Setophaga coronata</i>
		Mascarita Común	<i>Geothlypis trichas</i>
	Passerellidae	Gorrión Arlequín	<i>Chondestes grammacus</i>
		Gorrión Cantor	<i>Melospiza melodia</i>
		Gorrión Cejas Blancas	<i>Spizella passerina</i>
		Gorrión Corona Blanca	<i>Zonotrichia leucophrys</i>
		Zacatonero Ala Rufa	<i>Aimophila carpalis</i>
		Zacatonero Corona Canela	<i>Aimophila ruficeps</i>
		Zacatonero Garganta Negra	<i>Amphispiza bilineata</i>
		Zacatonero Hombros Canela	<i>Peucaea carpalis</i>
Passeridae	Gorrión Doméstico	<i>Passer domesticus</i>	
Poliptilidae	Perlita Azulgris	<i>Poliptila caerulea</i>	
	Perlita del Desierto	<i>Poliptila melanura</i>	
Remizidae	Baloncillo	<i>Auriparus flaviceps</i>	
Sturnidae	Estornino Pinto	<i>Sturnus vulgaris</i>	
Troglodytidae	Matraca del Desierto	<i>Campylorhynchus brunneicapillus</i>	
	Saltapared Pantanero	<i>Cistothorus palustris</i>	
Tyrannidae	Luis Bienteveo	<i>Pitangus sulphuratus</i>	
	Papamoscas Cardenalito	<i>Pyrocephalus rubinus</i>	
	Papamoscas Cenizo	<i>Myiarchus cinerascens</i>	
	Papamoscas Llanero	<i>Sayornis saya</i>	
	Papamoscas Negro	<i>Sayornis nigricans</i>	
	Tirano Pirirí	<i>Tyrannus melancholicus</i>	
Vireonidae	Vireo de Bell	<i>Vireo bellii</i>	
	Vireo Gorjeador	<i>Vireo gilvus</i>	
Pelecaniformes	Threskiornithidae	Espátula Rosada	<i>Platalea ajaja</i>
Piciformes	Picidae	Carpintero del Desierto	<i>Melanerpes uropygialis</i>
Suliformes	Phalacrocoracidae	Cormorán Neotropical	<i>Phalacrocorax brasilianus</i>

*A partir de Aves de México: Lista actualizada de especies y nombre comunes (Berlanga et al., 2017).

7. CONCLUSIONES

Se identificó la presencia del VIA en el 12% (dos casos del subtipo H5 linaje norteamericano) de aves acuáticas silvestres de interés cinegético presentes en el Valle del Yaqui y humedales costeros del sur de Sonora, comprobando la importancia de estos sitios en la introducción de VIA. La mayoría de los individuos fueron adultos y la prevalencia del virus fue mayor en hembras. Las especies de palomas fueron negativas para el virus, por lo que su participación como especies puente en la transmisión del VIA al entorno doméstico de esta región árida aún está por determinarse. Aunque no fue posible asociar las variables ambientales para explicar la ocurrencia de VIA en las poblaciones estudiadas, se encontró con base a los índices de diversidad obtenidos, que la variedad de especies fue mayor en la estación de otoño que en la de invierno. Sin embargo, aunque con una heterogeneidad menor, la riqueza y abundancia relativa de especies fue predominante en invierno comparado con el otoño. Una mayor comprensión de las características de los individuos y su entorno ayudaría a explicar el comportamiento de los VIA y otras enfermedades de carácter zoonótico presentes en las aves silvestres, lo que permitirá generar información base para la modelación del riesgo de introducción de enfermedades a esta región, para su posible prevención y/o control.

8. LIMITACIONES Y RECOMENDACIONES

El encontrar una prevalencia alta de VIA en especies acuáticas del humedal Tóbari, cercano al Valle del Yaqui, sugiere que se debe mantener una continua vigilancia en esta región. Es importante considerar que en este monitoreo, solo se incluyeron las especies producto de la caza cinegética; por lo que para tener información más representativa del papel de otras especies sería adecuado realizar además captura *in situ* de organismos silvestres vivos, como el pato mexicano o bien muestras ambientales. Sin embargo, la toma de muestras a partir de unidades cinegéticas es una estrategia que facilita el acceso a los individuos y disminuye tiempos, esfuerzo humano y recursos económicos.

Por otro lado, para la evaluación de exposición previa a los VIA y la confirmación de su ocurrencia en poblaciones menos estudiadas, se podría explorar la utilización de otro tipo de muestras como son: hisopados traqueales u orofaríngeos y tomas de muestra sanguínea para la detección de anticuerpos. Estos tipos de muestreo no se utilizaron en el presente estudio dado las características de los individuos analizados (organismos producto de la cacería con largos tiempos *post mortem* previo a la toma de muestra). Con lo anterior, se puede incrementar la información epidemiológica para la región de los VIA en especies silvestres.

Para el caso de las especies terrestres muestreadas, aunque no se encontró la presencia del VIA, no debe descartarse su papel como posibles portadores y/o especies puente que diseminen los VIA y otras enfermedades zoonóticas hacia poblaciones domésticas. Podría considerarse incrementar el tamaño de muestra y las estaciones de muestreo en estas especies de palomas e incluir avifauna del orden Passeriformes, como los tordos, muy abundantes en esta región. También existen otros factores que pueden influir en la prevalencia cero observada en palomas, uno de ellos es la propia inmunidad de los organismos, por lo que sería un campo de estudio de interés para estas especies y el sitio.

Para futuras investigaciones, podría proponerse un programa de monitoreo de largo plazo, incluyendo especies blanco o bioindicadores como las cercetas, aumentar el tamaño de muestra y los puntos de colecta durante el año, con ello se generarían datos muy valiosos para la construcción de análisis de riesgo de introducción de patógenos al compartimento doméstico, así como mantener un registro de salud en las poblaciones silvestres.

9. REFERENCIAS

- Abolnik C. 2014. A current review of avian influenza in pigeons and doves (Columbidae). *Veterinary Microbiology*. 170(3-4):181-96.
- Acosta-Velázquez, J. y Vázquez-Lule, A.D. 2009. Caracterización del sitio manglar Isla Santa María- Topolobampo-Ohuira. Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad (CONABIO). Sitios de manglar con relevancia biológica y con necesidades de rehabilitación ecológica. CONABIO, México, D.F. http://www.conabio.gob.mx/conocimiento/manglares/doctos/caracterizacion/PN06_Santa_Maria_Topolobampo_Ohuira_caracterizacion.pdf
- Afanador-Villamizar A., Gomez-Romero C., Diaz A. y Saenz J. 2017. Avian influenza in Latin America: a systematic review of serological and molecular studies from 2000-2015. *Plos ONE*. 12(6): e0179573.
- Alquttry M. y Ibrahim H. 2016. Pigeon-derived highly pathogenic avian influenza virus H5N1 in Japanese quails. *Alexandria Journal of Veterinary Sciences*. 50(1):101-9.
- Bauer S. y Hoye B.J. Migratory animals couple biodiversity and ecosystem functioning worldwide. 2014. *Science*. 344(79):54-62.
- Becker W.B. 1961. The isolation and classification of tern virus: influenza A-tern South Africa. *The Journal of Hygiene*. 64(3):309-20.
- Beldoménico P. y Uhart M. 2008. Ecoepidemiología de los virus de influenza aviar. *FAVE Sección Ciencias Agrarias*. 7(1):23-40.
- Berlanga H., Gómez de Silva H., Vargas-Canales V.M., Rodríguez-Contreras V., Sánchez-González L.A. Ortega-Álvarez R. y Calderón-Parra R. 2017. Aves de México: Lista actualizada de especies y nombres comunes. CONABIO, México D.F.
- Boon A, Sandbulte M.R. Seiler P, Webby R.J., Songsem T, Guan Y y Webster R.G. 2007. Role of terrestrial wild birds in ecology of influenza A virus (H5N1). *Emerging Infectious Diseases*. 13(11):1720-4
- Bosco-Lauth AM, Marlenee NL, Hartwig AE, Bowen RA y Root JJ. 2019. Shedding of clade 2.3.4.4 H5N8 and H5N2 highly pathogenic avian influenza viruses in peridomestic wild birds in the U.S. *Transboundary and Emerging Diseases*. Aceptado. doi: 10.1111/tbed.13147
- Brown J., Stallknecht D., Beck J., Suarez D. y Swayne D. 2006. Susceptibility of north american ducks and gulls to H5N1 highly pathogenic avian influenza viruses. *Emerging Infectious Diseases*. 12(1):1663-70.
- Brown J.D., Swayne D.E., Cooper R.J., Burns R.E. y Stallknecht D.E. 2007. Persistence of H5 and H7 avian influenza viruses in water. *Avian Diseases*. 51(1Supple):285-9.
- Buehler D.M., Piersma T., Matson K. y Tieleman B.I. 2008. Seasonal Redistribution of immune function in a migrant shorebird: annual-cycle effects override adjustments to thermal regime. *The American Naturalist* 172(6):783-96

- Bui C.M., Gardner L.M. y MacIntyre C. 2016. Highly pathogenic avian influenza virus, Midwestern United States. *Emerging Infectious Diseases*. 22(1):138-9.
- Buscaglia C. 2004. Influenza aviar. *Investigación Veterinaria*. 6(1):1514-34.
- Campitelli L., Mogavero E., De Marco M.A., Delogu M., Puzelli S., Frezza F., et al. 2004. Interspecies transmission of an H7N3 influenza virus from wild birds to intensively reared domestic poultry in Italy. *Virology*. 323(1):24–36.
- Capua I., Grossele B., Bertoli E., Cordioli P. 2000. Monitoring for highly pathogenic avian influenza in wild birds in Italy. *Veterinary Record*. 147(22):640.
- Caron A., Cappelle J. y Gaidet N. 2017. Challenging the conceptual framework of maintenance hosts for influenza A viruses in wild birds. *Journal of Applied Ecology*. 54(3):681–90.
- Cereza J. (2005). Estudio de la dinámica poblacional de la codorniz (*Coturnix c. coturnix*) en cotos de Burgos, León, Palencia, Soria, Teruel, Badajoz, Sevilla, Cadiz, Ceuta, Cuenca y Valencia durante la media veda 2003 (trabajo práctico terminal). Universidad de Lérida, Ingeniería Técnica Forestal, España.
- CESAVE-SIAFESON. (2019). Red de Estaciones Meteorológicas Automáticas de Sonora. Sonora, México: Estadísticas. www.siafeson.com/remas
- Chaloux J. (2005). Dinámica poblacional de la perdiz roja (*Alectoris rufa*) en la provincia de Burgos mediante el análisis de muestras biológicas de animales capturados durante la temporada 2002-2003 (trabajo práctico terminal). Universidad de Lérida, Ingeniería Técnica Forestal, España.
- Chen W., Calvo P., Malide D., Gibbs J., Schubert U., Bacik I. et al. 2001. A novel influenza A virus mitochondrial protein that induces cell death. *Nature*. 7(12):1306-12.
- CONABIO. (2008). Tordo ojo rojo. México: Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad. Recuperado de <http://avesmx.conabio.gob.mx/verave?ave51860>.
- CONABIO-CONANP-TNC-Pronatura. (2007). Corredor Pesquero Estero Tóbari – Bahía Santa María. http://www.conabio.gob.mx/gap/images/6/60/24_Corredor_Pesquero_Tobari_BahiaSantaMaria.pdf
- CONAGUA. (2017). Comisión Nacional del Agua. Coyoacán, México: Estadísticas Agrícolas de los Distritos de Riego Año Agrícola 2015-2016. https://files.conagua.gob.mx/conagua/publicaciones/Publicaciones/EA_2015-2016.pdf
- CONANP. (2014). Convención de los humedales Ramsar. México: Comisión Nacional de Áreas Naturales Protegidas. Recuperado de http://ramsar.conanp.gob.mx/la_conanp_y_los_humedales.php#top
- Dalziel A.E., Delean S., Heinrich S. y Cassey P. 2016. Persistence of low pathogenic influenza A virus in water: a systematic review and quantitative meta-analysis. *PLoS ONE*. 11(10):e0161929.
- Das K., Aramini J., Ma L., Krug R. y Arnold E. 2010. Structures of influenza A proteins and insights into antiviral drug targets. *Nature Structural and Molecular Biology*. 17(5):530–8.

- Decision Innovation Solutions. 2015. Economic impact of highly pathogenic avian influenza (HPAI) on poultry in Iowa. Iowa: Iowa Farm Bureau. <http://www.decision-innovation.com/webres/File/docs/Economic-Impact-of-Avian-nfluenza-on-Poultry-in-Iowa.pdf>
- Diario Oficial de la Federación. 2017. Acuerdo mediante el cual se declaran libres del virus de la influenza aviar los estados de Sonora y Sinaloa. Ciudad de México, México.
- Dolton D.D. y Rau R.D. 2003. Mourning dove population status, 2003. U.S. Fish and Wildlife Service, Laurel, Maryland. 27 pp.
- Easterday B., Hinshaw V. y Halvorson D. 1997. Influenza. En: H.J. Calnek, C.W. Barnes, L.R. Beard, Y.M. McDougald (eds.). Diseases of Poultry, 10 ed. State University Press, Iowa, 583–605 pp.
- Ellis T.M., Dyrting K.C., Wong C.W., Chadwick B., Chan C. Chiang M., et al. 2009. Analysis of H5N1 avian influenza infection from wild bird surveillance in Hong Kong from January 2006 to October 2007. Avian Pathology. 38:107–19.
- Fang L.Q., Vlas J.D., Liang S., Looman C.W.N., Gong P., Xu B., et al. 2008. Environmental factors contributing to the spread of H5N1 avian influenza in Mainland China. PLoS ONE. 3(5):e2268.
- FAO. 2012. H5N1 HPAI Global overview, January-March 2012. Ginebra: Food and Agriculture Organization of the United Nations. <http://www.fao.org/docrep/015/an388e/an388e.pdf>
- Faust C., Stallknecht D. y Swayne D. 2009. Filter-feeding bivalves can remove avian influenza viruses from water and reduce infectivity. Proceedings of the Royal Society of London. 276(1673):3727–35.
- Fouchier R. y Munster V. 2009. Epidemiology of low pathogenic avian influenza viruses in wild birds. Revue Scientifique Et Technique De LOIE. 28(1):49–58.
- Gaidet N., Caron A., Cappelle J., Cumming G.S., Balanca G., Hammoumi S., et al. 2011. Understanding the ecological drivers of avian influenza virus infection in wildfowl: a continental-scale study across Africa. Proceedings of the Royal Society of London. 279(17):1131–41.
- García-Bacallao J. (2017). Caracterización ecológica y aprovechamiento de la Paloma Rabiche (*Zenaidura macroura*) en un agroecosistema tropical (Cienfuegos, Cuba) (Tesis doctoral). Universidad de Alicante, Departamento de Ecología, España.
- García-de Lomas J. 2006. Microbiología de la enfermedad. En: S. Grisolia. La gripe aviaria: un reto de salud pública. Universidad de Castilla La Mancha, Madrid, 57-72 pp.
- García-García J. y Ramos C. 2006. La influenza, un problema vigente de salud pública. Salud Publica de México. 48(3):244–67.
- Gerlach R. (2016). Highly pathogenic avian influenza virus identified in Alaska. Alaska: State of Alaska, Department of environmental conservation. Recuperado de https://www.fws.gov/alaska/ambcc/News_files/1613%20Avian%20Influenza%20Identified%20in%20Alaska_08.26.pdf?adfg=disease.wnv

- Gomez-Barroso D., León-Gómez I., Delgado-Sanz C., Larrauri A. 2017. Climatic factors and influenza transmission, Spain, 2010–2015. *International Journal of Environmental Research and Public Health*. 14(12):55-65.
- Goñi N. (2011). Variabilidad genética y evolución molecular de virus de la influenza A en Uruguay (tesis doctoral). Universidad de la República, Facultad de Ciencias, Uruguay.
- Grijalva-Montoya. (2011). Hidroestratigrafía del acífero del Valle del Río Yaqui, Sonora (Tesis de pregrado). Universidad de Sonora. Departamento de Geología, México.
- Hénaux V., Samuel M.D., Dusek R.J., Fleskes J.P. y Ip H.S. 2012. Presence of avian influenza viruses in waterfowl and wetlands during summer 2010 in California: are resident birds a potential reservoir? *PLoS ONE*. 7(2):e31471.
- Hernández-García R. (2012). Tendencia poblacional y preferencias de hábitat de la paloma huilota (*Zenaida macroura* L.) en el estado de Jalisco, México, en el periodo 2004-2010 (tesis de maestría). Universidad de Guadalajara, Centro Universitario de Ciencias Biológicas y Agropecuarias, México.
- Hill N.J., Hussein I.T., Davis K.R., Ma E.J., Spivey T.J., Ramey A.M. y Puryear W.B. 2017. Reassortment of influenza A viruses in wild birds in Alaska before H5 Clade 2.3.4.4 outbreaks. *Emerging Infectious Diseases*. 23(7):654-7
- Hill N.J., Takekawa J.Y., Cardona C.J., Ackerman J.T., Schultz A.K., Spragens K.A., et al. 2010. Waterfowl ecology and avian influenza in California: do host traits inform us about viral occurrence? *Avian Diseases*. 54(s1):426–32.
- Horimoto T., Rivera E., Pearson J, Senne D, Krauss S, Kawaoka Y, et al. 1995. Origin and molecular changes associated with emergence of a highly pathogenic H5N2 influenza virus in Mexico. *Virology*. 213(2):223–30.
- Hoye B.J., Fouchier R.A.M. y Klaassen M. 2012. Host behaviour and physiology underpin individual variation in avian influenza virus infection in migratory Bewick's swans. *Proceeding of the Royal Society of London*. 279(1):529-34.
- Hoye B.J., Munster V.J., Nishiura H., Fouchier R.A. Madsen J. y Klaassen M. 2011. Reconstructing an annual cycle of interaction: natural infection and antibody dynamics to avian influenza along a migratory flyway. *Oikos* 120:748-55
- Hurtado R., Eric R., Vanstreels T. 2016. Avian influenza in wild birds from south america: review, implications and perspectives. *Exploratory Research and Hypothesis in Medicine*. 1:62–74.
- Huyvaert K., Carlson J., Bentler K., Cobble K., Nolte D. y Franklin A. 2012. Freshwater clams as bioconcentrators of avian influenza virus in water. *Vector-Borne and Zoonotic Diseases*. 12(10):904-6.
- INEGI. 2017. Instituto Nacional de Estadística y Geografía. Anuario estadístico y geográfico de Sonora 2017. Sonora: Instituto Nacional de Estadística y Geografía.
- Influenza Research Database. 2018. Animal Surveillance NIH/DHHS. Recuperado de https://www.fludb.org/brc/influenza_surveillance-Recordsearch.spg?method=ShowCleanSearch&decorator=influenza

- Iqbal M, Yaqub T, Mukhtar N, Shabbir M y McCauley, 2013. Infectivity and transmissibility of H9N2 avian influenza virus in chickens and wild terrestrial birds. *Veterinary Research*. 44:100
- Ito T., Okazaki K., Kawaoka Y., Takada A., Webster R.G. y Kida H. 1995. Perpetuation of influenza A viruses in Alaskan waterfowl reservoirs. *Archives Virology*. 140(7):1163–72.
- Jiménez-Bluhm P., Di-Pillo F., Bajl J., Osorio J., Schultz-Cherry S. y Hamilton-West C. 2018. Circulation of influenza in backyard productive systems in central Chile and evidence of spillover from wild birds. *Preventive Veterinary Medicine*. 153:12-8
- Jones J.C., Sonnberg S., Webby R.J. y Webster R.G. 2015. Influenza A (H7N9) virus transmission between finches and poultry. *Emerging Infectious Diseases*. 21(4):619–28.
- Kaufan K. 2005. *Guía de Campo a las Aves de Norteamérica*. Houghton Mifflin Harcourt, New York. 392 pp.
- Kaufman K. 2001. *Lives of North American Birds*. Houghton Mifflin Harcourt. 675 pp.
- Krauss S. y Webster R.G. 2010. Avian influenza virus surveillance and wild birds: past and present. *Avian Diseases*. 54(s1):394–8.
- Kulak M.V., Ilinykh F.A., Zaykovskaya A.V., Epanchinzeva A.V., Evstaphiev I.L., Tovtunec N.N, Sharshov K.A., et al. 2010. Surveillance and identification of influenza A viruses in wild aquatic birds in the Crimea, Ukraine (2006-2008). *Avian Diseases*. 54(3):1086-90.
- La Sala L.F., Burgos J.M., Blanco D.E., Stevens K.B., Fernández A.R., Capobianco G., Tohme F. y Pérez A.M. 2019. Spatial modeling for low pathogenicity avian influenza virus at the interface of wild birds and backyard poultry. *Transboundary and Emerging Diseases*. doi.org/10.1111/tbed.13136
- Lee D.H., Gahl J., Torchetti M.K., Killian M.L., Ip H.S., DeLiberto T.J. y Swayne D.E. 2016. Highly pathogenic avian influenza viruses and generation of novel reassortants, United States, 2014-2015. *Emerging Infectious Diseases*. 22(7):1283-5
- Lefrancois T., Hendriks P., Ehrhardt N., Millien M., Gomez M., Gouyet L., et al. 2010. Surveillance of avian influenza in the Caribbean through the Caribbean Animal Health Network: surveillance tools and epidemiologic studies. *Avian Diseases*. 54(1):369-73
- Lisovski S., van Dijk J.G.B., Klinkenberg D., Nolet B.A., Fouchier R.A.M. y Klaassen M. 2018. The roles of migratory and resident birds in local avian influenza infection dynamics. *Journal of Applied Ecology*. 10–2.
- Liu Y., Han C., Wang X., Lin J., Ma M., Shu Y., Zhou J., et al. 2009. Influenza A virus receptors in the respiratory and intestinal tracts of pigeons. *Avian Pathology*. 38(4):263-266.
- López-Portillo J.A. (2010). ¿Qué son los humedales? En: J.A. López-Portillo, V.M. Vásquez-Reyes, L.R. Gómez-Aguilar, A.G Priego-Santander (eds.). *Humedales*. Instituto de geografía de la UNAM, Veracruz, 5-8 pp.
- Lupiani B. y Reddy S. 2009. The history of avian influenza. *Comparative Immunology, Microbiology and Infectious Diseases*. 32:311-23.
- Márquez M. 2010. Situación mundial de la influenza aviar y sus implicancias para América Latina. En: A. Pérez. *Riesgo de introducción de la influenza aviar en la República Argentina*:

análisis preliminar. Instituto Interamericano de Cooperación para la Agricultura, Buenos Aires, 11-7 pp.

- Mathieu C., Gonzalez A., Garcia A., Johow M., Badia C., Jara C. y Nuñez P. 2019. H7N6 Low Pathogenic Avian Influenza outbreak in comercial turkey farms in Chile caused by a native South American Lineage. *Transboundary and Emerging Diseases*. doi. [10.1101 / 527069](https://doi.org/10.1101/527069)
- McLean R.G., Hall J.S., Franklin A.B., Sullivan H. y VanDalen K.K. 2007. Avian influenza in wild birds: environmental sampling for the rapid detection of avian influenza viruses. *USDA National Wildlife Research Center-Staff Publications*. 768:85-93
- Mizakova A, Gronesova P y Betakova T. 2008. Monitoring of avian influenza virus in waterfowl and terrestrial birds in eastern Slovakia. *Acta virologica*. 52:205-22
- Mohan R., Saif Y., Erickson G., Gustafson G. y Easerday B. 1981. Serologic and epidemiologic evidence of infection in turkeys with an agent related to the swine influenza virus. *Avian Diseases*. 25:11-6
- Montalvo-Corral M. y Hernández J. 2010. Genetic analysis of avian influenza virus from migratory waterfowl in Mexico. *Archives of Virology*. 155:97–101.
- Montalvo-Corral M., López-Robles G. y Hernández J. 2011. Avian influenza survey in migrating waterfowl in Sonora, Mexico. *Transbounday and Emerging Diseases*. 58(1):63–8.
- Montalvo-Corral M., Reséndiz M., Santos-López G., Vallejo-Ruiz V., Reyes-Leyva J. y Hernández J. 2009. Estandarización de un método de detección molecular del virus influenza (H5N1) de alta patogenicidad. *Acta Bioquímica Clínica Latinoamericana*. 43(1):49-52.
- Montalvo-Corral M., Reyes-Leyva J. y Hernández J. 2010. Avian influenza: eco-epidemiological aspects of the virus in its natural hosts, the migratory waterfowls. *Revista Chilena de Historia Natural*. 83(4):543–56.
- Mu J., McCarl B., Wu X. y Gan L. 2011. Climatic change influences on the risk of avian influenza outbreaks and associated economic loss. En: Libro de ponencias Agricultural Applied Economics Association's 2011. AAEA&NAREA joint Annual Meeting, Pittsvurgh, 25-32 pp.
- Munster V.J., Baas C., Lexmond P., Waldenström J., Wallensten A., Fransson T., et al. 2007. Spatial, temporal, and species variation in prevalence of influenza a viruses in wild migratory birds. *PLoS Pathogens*. 3: e61.
- Nadal J. (1994). Demografía de la Perdiz Roja (*Alectoris rufa*) en el Bajo Cinca y los alrededores de Huesca aplicada a la gestión de sus poblaciones durante 1983-1988 (tesis doctoral). Universidad de Barcelona, Facultad de Biología, España.
- Navarro-López R., Vázquez-Mendoza L., Villareal C., Casaubon M. y Márquez M. 2014. Highly pathogenic avian influenza A H7N3 in great tailed grackles (*Quiscalus mexicanus*) in the Altos de Jalisco region of Mexico. *Journal of Micromechanics and Microengineering Case Reports*. 1(4): e001461
- Nazir J., Haumacher R., Ike A., Stumpf P., Bohm R. y Marschang R.E. 2010. Long-term study of avian influenza viruses in water (distilled water, normal saline and surface water) at different temperatures. *Avian Diseases*. 54:720–4.

- Nettles V.F, Wood J.M. y Webster. 1985. Wildlife surveillance associate with an outbreak of lethal H5N2 avian influenza in domestic poultry. *Avian Diseases*. 29(2):223-32.
- Olsen B., Munster V.J., Wallensten A., Waldenstrom J. y Osterhaus A.D. y Fouchier R.A. 2006. Global patterns of influenza A virus in wild birds. *Science*. 312:384–8.
- OMS. (2006). Organización Mundial de la Salud. Avian influenza ("bird flu"). Washington, WHO. Recuperado de http://www.who.int/mediacentre/factsheets-/avian_influenza/en/
- Pérez-Ramírez E., Acevedo P., Allepuz A., Gerrikagoitia X., Alba A., Busquets N., et al. 2012. Ecological factors driving avian influenza virus dynamics in spanish wetland ecosystems. *PLoS ONE*. 7(11): e46418
- Perroncito E. 1878. Epizoozia tifoide nei gallinacei. *Annali Accademy Agri di Torino*. 21:87–126.
- Petersen I., Matrosovich M., Pleschka S., Rautenschein S. 2012. Replication and adaptive mutations of low pathogenic avian influenza viruses in tracheal organ cultures of different avian species. *PLoS ONE*. 7(8):e42260
- Petracci P., Canevari M. y Bremer E. 2005. Guía de Aves Playeras y Marinas migratorias del sur de América del Sur. Fundación vida silvestre Argentina. Buenos Aires. 25 pp.
- Pica N y Bouvier NM. 2012. Environmental factors affecting the transmission of respiratory viruses. *Current Opinion in Virology*. 2(1):90–5.
- Pronatura. (2018). Costa de Sonora, refugio para Aves Playeras. Plan de conservación de aves de Joint Venture de Sonora. Pronatura noroeste ac. <http://pronatura-noroeste.org/es/costa-de-sonora-refugio-para-aves-playeras/>
- Quesada-Macías C., Cuertos-Collado R., Señas-Cuesta R., Ledesma-Marínez N., García-García J. y Medina-Jaramillo S. (2013). Erradicación de influenza aviar H7N3. México: Comité Nacional Sistema Producto Aves. http://sistemaproductoaves.org.mx/aves/articulos/Control_Erradicacion_Influenza_Aviar_H7N3_Mexico.html
- Ralph C.J., Geupel G.R., Pyle P.M., Thomas E., DeSante D.F., Milá B. 1996. Manual de métodos de campo para el monitoreo de aves terrestres. Gen. Tech. Rep. PSW-GTR-159. Albany,CA: Pacific Southwest Research Station, Forest Service, U.S. Department of Agriculture: 46 pp.
- Ramey A.M., DeLiberto T.J., Berhane Y., Swayne D.E. y Stallknecht D.E. 2018. Lessons learned from research and surveillance directed at highly pathogenic influenza A viruses in wild birds inhabiting North America. *Virology*. 518:55–63.
- RHRAP. (2019). Bahá de Tóbari. Red Hemisférica de reservas para aves playeras. https://whsrn.org/es/whsrn_sites/bahia-de-tobari/
- Rothschild L.J. y Mancinelli R.L. 2001. Life in extreme environments. *Nature Education Knowledge*. 409:1092-101.
- Ryu W.S. 2017. Influenza viruses. En: W.S. Ryu. *Molecular Virology of Human Pathogenic Viruses*. Academic Press, Seoul, 195-211 pp.

- Sánchez A., Agüero M., Jiménez M. y Gómez-Tejedor C. 2009. Influenza aviar: diagnóstico de laboratorio. En: B. Sanz. Influenza aviar y gripe humana de origen aviario. Real Academia Nacional de Farmacia, Madrid, 77-103 pp.
- Schafer W. 1955. Vergleichende sero-immunologische Untersuchungen über die Viren der Influenza und Klassischen Geflügelpest. *Zitschrift für Naturforschung*. 10B:81–91.
- Selmons R., Shieldcastle M., Heyman L., Bedmarik K. y Senne D. 1991. Type A influenza viruses in waterfowl in Ohio and implications for domestic turkeys. *Avian Diseases*. 35:165-73
- Senne D., Pearson J., Panigraphy B. 1992. Live poultry markets: A missing link in the epidemiology of avian influenza. En: B. Easterday. Proceedings of the third international symposium on avian influenza. University of Wisconsin-Madison, Madison, 50-8 pp.
- Shannon C.E. y Weaver W. 1949. The mathematical theory of communication. University Illinois Press, Urbana, IL.
- Shriner S.A., Root J.J., Lutman M.W., Kloft J.M., VanDalen .KK., Sullivan H.J., et al. 2016. Surveillance for highly pathogenic H5 avian influenza virus in synanthropic wildlife associated with poultry farms during an acute outbreak. *Scientific Reports*. 6:e36237
- Siengsanon J., Chaichoune K., Phonaknguen R., Sariya L., Prompiram P., Kocharin W., et al. 2009. Comparison of outbreaks of H5N1 highly pathogenic avian influenza in wild birds and poultry in Thailand. *Journal of Wildlife Diseases*. 45:740–47.
- Simpson E.H. 1969. Measurement of Diversity. *Nature*. 163: 688
- Slusher M.J., Wilcox B.R., Lutrell M.P., Poulson R.L., Brown J.D., Yabsley M.J., et al. 2014. Are passerine birds reservoirs for Influenza A Viruses? *Journal of Wildlife Diseases*. 50(4):792–809.
- Soebiyanto R.P., Clara W., Jara J., Castillo L., Sorto O.R., Marinero S., et al. 2014. The role of temperature and humidity on seasonal influenza in tropical areas: Guatemala, El Salvador and Panama, 2008–2013. *PLoS ONE*. 9(6): e100659
- Soebiyanto R.P., Clara W.A., Jara J., Balmaseda A., Lara J., Moya M.L., et al. 2015. Associations between seasonal influenza and meteorological parameters in Costa Rica, Honduras and Nicaragua. *Geospatial Health*. 10(2):144–51.
- Spackman E., Senne D.A., Myers T.J., Bulaga L.L., Garber L.P., Perdue M.L., Lohman K., Daum L.T. y Suarez D.L. 2002. Development of a Real-Time Reverse Transcriptase PCR assay for type A influenza virus and the avian H5 and H7 hemagglutinin subtypes. *Journal of Clinical Microbiology*. 40(9):3256-3260.
- Stallknecht D.E. y Brown J.D. 2016. Wild bird infections and the ecology of avian influenza viruses. En: D.E. Swayne. *Animal influenza*. John Wiley & Sons, Iowa, 153-76 pp.
- Stallknecht D.E. y Shane S.M. 1988. Host range of avian influenza virus in free-living birds. *Veterinary Research Communications*. 12(3):125–41.
- Stallknecht D.E., Goekjian V.H., Wilcox B.R., Poulson R.L. y Brown J.D. 2010. Avian influenza virus in aquatic habitats: what do we need to learn? *Avian Diseases*. 54:461–5.

- Stieneke-Grober A., Vey M., Angliker H., Shaw E., Thomas E., Roberts C, et al. 1992. Influenza virus hemagglutinin with multibasic cleavage site is activated by furin, a subtilisin- like endoprotease. *The European Molecular Biology Organization*. 11:2407–14.
- Strauss J. y Strauss E. 2008. *Viruses and human disease*. Elsevier. 2nd ed. San Diego. 100 pp.
- Su S., Fu X., Li G., Kerlin F. y Veit M. 2017. Novel influenza D virus: epidemiology, pathology, evolution and biological characteristics. *Taylor & Francis*. 8(8):1580–91.
- Swayne D. y Suarez D. 2000. Highly pathogenic avian influenza. *Scientific and Technical Review of the Offie International des Epizooties*. 19:463–82.
- Swayne D., Suarez D., Sims L. 2013. Influenza. En: Y. Saif, Glisson TM, Fadly AM, McDougald LR, Nolan L (eds.). *Diseases of poultry*. 13th Ed. Blackwell, Iowa, 181-218 pp.
- Swayne D.E. y Halvorson D.A.. Influenza. 2008. En: Saif Y, Glisson T, Fadly A, McDougald L, Nolan L, eds. *Diseases of poultry*. 12th ed. Blackwell, Iowa, 153-84 pp.
- TCFS&PH e IICAB. (2010). Influenza aviar de alta patogenicidad. Iowa: The Center for food Security & Public Health e Institute for International Cooperation in Animal Bilogics. Recuperado de http://www.cfsph.iastate.edu/Factsheets/es/influenza_aviar_de_alta_patogenicidad.pdf
- Thompson K.A. y Bennett A.M. 2017. Persistence of influenza on surfaces. *Journal of Hospital Infection*. 95(2):194–9.
- Tong S., Zhu X., Li Y., Shi M., Zhang J., et al. 2013. New world bats harbor diverse influenza A viruses. *PLoS Pathogens*. 9(10): e1003657
- Unión Nacional de Avicultores. 2013. Situación de la Avicultura Mexicana. México: UNA. Recuperado de <http://www.una.org.mx/index.php/-component/content/article/15-panorama/3-avicultura>.
- Urig H.E., Nolting J.M., Mathys D.A., Mathys B.A. y Bowman A. 2017. Influenza A virus surveillance in underrepresented avian species in Ohio, USA, in 2015. *Journal of Wildlife Diseases*. 53(2):402–4.
- Valenzuela-Aceval R. Las partes de un ave. Chile: Entre plumas, cantos y vuelos. <http://aveschile.tripod.com/partes.htm>
- van Dijk J.G., Hoye B.J., Verhagen J.H., Nolet B.A., Fouchier R.A.M. y Klaassen M. 2014. Juveniles and migrants as drivers for seasonal epizootics of avian influenza virus. *Journal of Animal Ecology*. 83:266- 275.
- van Dijk J.G., Verhagen J.H., Wille M. y Waldenström J. 2018. Host and virus ecology as determinants of influenza A virus transmission in wild birds. *Current Opinion in Virology*. 28:26–36.
- Vandegrift K.J., Sokolow S.H., Daszak P. y Kilpatrick A.M. 2010. Ecology of avian influenza viruses in a changing world. *Annals of the New York Academy of Sciences*. 1195:113–28.
- Villa-Andrade MF. 2012. Sitios RAMSAR. Sonora: CONANP; 2012. Recuperado de http://ramsar.conanp.gob.mx/docs/sitios/FIR_RAMSAR/Sonora/Yavaros%20Moroncarit/HUMEDALES_DE_YAVAROS_MONOCARIT.pdf

- Vittecoq M., Gauduin H., Oudart T., Bertrand O., Roche B., Guillemain M., et al. 2017. Modeling the spread of avian influenza viruses in aquatic reservoirs: a novel hydrodynamic approach applied to the Rhône delta (southern France). *Science Total Environment*. 595:787–800.
- Ward M.P., Maftai D.N., Apostu C.L. y Suru A.R. 2009. Association between outbreaks of highly pathogenic avian influenza subtype H5N1 and migratory waterfowl (family Anatidae) populations. *Zoonoses and Public Health*. 56:9–14.
- Waziri M.I., Abdu P.A., Sa'idu L. y Bello M. 2017. Seroepidemiology and assessment of risk factors for the spread of avian influenza in birds in two Nigerian states. *Veterinary Medicine and Science*. 3(4):227–38.
- Webster R. 1998. Influenza: an emerging disease. *Emerging Infectious Diseases*. 4(3):436-441.
- Webster R., Bean B., Gorman O., Chambers T. y Kawaoka Y. 1992. Evolution and ecology of influenza a viruses. *Journal of Virology*. 56(1):152-79.
- Wright P. y Webster R. 2001. Orthomyxoviruses. En: D. Swayne. *Fields Virology*. 4 th ed. Lippincott Williams & Wilkins, Philadelphia, 1523-1581 pp.
- Wright P., Neumann G. y Kawaoka Y. 2006. Orthomyxoviruses. En: D. Swayne. *Fields Virology*. 6 th ed.. Lippincott Williams & Wilkins, Philadelphia, 1533-1579 pp.
- Zhang T., Zhao H., Wang J. y Han G. 2019. Wild birds do not harbor higher diversity of influenza virus internal genes than poultry. *Virology*. 530:59-64.