

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE BAJA CALIFORNIA
INSTITUTO DE INVESTIGACIONES EN CIENCIAS VETERINARIAS



**“IDENTIFICACION MOLECULAR DE MICROBIOTA EN AVES
SILVESTRES EN BAJA CALIFORNIA, MÉXICO”**

TESIS

**COMO REQUISITO PARCIAL PARA OBTENER EL GRADO DE:
MAESTRO EN CIENCIAS VETERINARIAS**

PRESENTA:

ALEJANDRA JAQUELINE MORENO CORONADO

DIRECTOR DE TESIS

DR. GERARDO ENRIQUE MEDINA BASULTO

MEXICALI, B.C. MÉXICO

JUNIO 2022

Identificación molecular de microbiota en aves silvestres en Baja California, México. Tesis presentada por Alejandra Jaqueline Moreno Coronado como requisito parcial para obtener el grado de Maestro en Ciencias Veterinarias, que ha sido aprobada por el siguiente comité:

Dr. GERARDO ENRIQUE MEDINA BASULTO

Director de Tesis

Dra. SAWAKO HORI-OSHIMA

Secretaria

Dr. JULIO ALFONSO MERCADO RODRÍGUEZ

Asesor

Mexicali, Baja California, México

JUNIO 2022

AGRADECIMIENTOS

Al Consejo Nacional de Ciencia y tecnología (CONACyT) por concederme el apoyo económico durante todos estos dos años.

Al Instituto de Investigaciones en Ciencias Veterinarias (IICV) y a la Universidad Autónoma de Baja California (UABC) por darme un espacio para realizar este tan especial proyecto.

Agradecer a la Coordinación de Maestría en Ciencias Veterinarias por resolver todas las dudas, ayudar en el proceso y darme la oportunidad de ser alumna de este posgrado.

Agradecimiento infinito a mi tutor, el Dr. Gerardo Enrique Medina Basulto, por permitirme ser su alumna y haber planeado esta investigación. Gracias por su paciencia, comprensión y confianza.

A la Dra. Sawako Hori por ayudarme con todas mis dudas, no sólo relacionadas a la Maestría, también a todos los consejos de vida, maternidad y palabras de aliento. Y claro, todas esas degustaciones de comida japonesa.

Al Doctor Julio Mercado Rodríguez por ayudarme con la realización de este proyecto y todas mis presentaciones.

A mis compañeros de laboratorio y de generación porque siempre aportaron felicidad y palabras de aliento cuando todo se veía imposible.

DEDICATORIA

A mi hija Mila, que me ha enseñado a ser una mejor persona. Siempre serás el motivo para superarme. Te amo.

A mi hermana Andrea que siempre me ha apoyado en todo lo que hago y, sobre todo, ser la que cree en mí aun cuando yo no lo hago.

A mi padre y a mi hermano por el apoyo y sus palabras de ánimo.

A mi abuela y a mi madre, que siempre me ayudaron y protegieron desde que emprendí este viaje sola. Estoy segura de que están muy a gusto tomándose un café juntas en el cielo.

Al padre de mi hija por ayudarme a llevar a cabo este proyecto.

A mis amigas que siempre están para darme sus hermosas palabras de aliento, mil gracias.

A mi amiga Yazneva, por todo su amor y apoyo infinito.

A Sara y a su familia que nos apoyaron incondicionalmente desde el momento que nos conocieron.

A Mary y a su familia, por adoptarnos como su familia.

RESUMEN

En el presente estudio, se identificaron molecularmente aislados bacterianos obtenidos de aves decomisadas, rescatadas y declaradas en riesgo (cóndor de California) en el estado de Baja California. Se obtuvieron 36 aislados correspondientes a 16 especies de bacterias en 21 aves de 9 especies diferentes. De las aves muestreadas, 5 fueron loros (*Amazona finschi*) decomisados por personal de PROFEPA en el transcurso de su tráfico ilegal. Otro grupo de aves fueron rescatadas en diferentes partes de la ciudad de Mexicali Baja California, 1 águila pescadora (*Pandion haliaetus*), 1 chotacabras (*Chordeiles acutipennis*), 1 búho llanero (*Athene cunicularia*), 1 halcón Harrys (*Parabuteo unicinctus*), 1 halcón cola roja (*Buteo jamaicensis*) y 2 lechuzas de campanario (*Tyto alba*). Finalmente, se obtuvieron muestras de 9 cóndores de California (*Gymnogyps californianus*) dentro del Programa Binacional para la Recuperación y Conservación del Cóndor de California. De las 16 especies bacterianas, 10 aislados pertenecieron al género *Staphylococcus* (27.78%), 10 a *Escherichia* (27.78%), 1 a *Macrococcus* (2.78%), 1 a *Hafnia* (2.78%), 4 a *Proteus* (11.11%), 1 a *Lysinibacillus* (2.78%), 5 a *Enterococcus* (13.89%), 1 a *Vagococcus* (2.78%), 1 a *Enterobacter* (2.78%), 1 a *Arthrobacter* (2.78%) y 1 a *Psychrobacter* (2.78%). Este es el primero estudio el cual obtuvo aislados bacterianos patógenos y con potencial zoonótico en cóndor de California (*Gymnogyps californianus*) y otras especies de aves silvestres en la región.

Palabras clave: identificación, microbiota, aves, cóndor, salud pública.

ABSTRACT

In the present study, bacterial isolates obtained from seized, rescued and declared at risk birds (California condor) in the state of Baja California were molecularly identified. Thirty-six isolates corresponding to 16 bacterial species were obtained from 21 birds of 9 different species. Of the birds sampled, 5 were parrots (*Amazona finschi*) seized by PROFEPA personnel during illegal trafficking. Another group of birds were rescued in different parts of the city of Mexicali Baja California, 1 osprey (*Pandion haliaetus*), 1 nightjar (*Chordeiles acutipennis*), 1 burrowing owl (*Athene cunicularia*), 1 Harrys hawk (*Parabuteo unicinctus*), 1 red-tailed hawk (*Buteo jamaicensis*) and 2 barn owls (*Tyto alba*). Also, 9 samples were obtained from California condors (*Gymnogyps californianus*) within the Binational Program for the Recovery and Conservation of the California Condor. Of the 16 bacterial species, 10 isolates belonged to the genus *Staphylococcus* (27.78%), 10 to *Escherichia* (27.78%), 1 to *Macrococcus* (2.78%), 1 to *Hafnia* (2.78%), 4 to *Proteus* (11. 11%), 1 to *Lysinibacillus* (2.78%), 5 to *Enterococcus* (13.89%), 1 to *Vagococcus* (2.78%), 1 to *Enterobacter* (2.78%), 1 to *Arthrobacter* (2.78%) and 1 to *Psychrobacter* (2.78%). This study is the first in which pathogenic bacterial isolates with zoonotic potential were obtained in California condor (*Gymnogyps californianus*) and other wild bird species in the region.

Keywords: Identification, microbiota, birds, condor, public health.

CONTENIDO

LISTA DE CUADROS	Pág I
LISTA DE FIGURAS	II
INTRODUCCIÓN	1
REVISIÓN DE LITERATURA	3
Antecedentes históricos.....	3
Generalidades de las aves.....	3
<i>Esqueleto</i>	3
<i>Sistema</i> <i>respiratorio</i>	4
<i>Sistema</i> <i>digestivo</i>	4
Aves silvestres	5
Importancia de las aves en el mundo	5
Tráfico ilegal de aves silvestres	7
El cóndor de California, una especie casi declarada en extinción	8
Microbiota de aves silvestres	10
<i>Microbiota del tracto respiratorio de</i> <i>aves</i>	12
Aves silvestres como portadoras de agentes zoonóticos	13
<i>Migración</i>	14
Patógenos comunes en aves silvestres	15
<i>Virus</i>	15
<i>Hongos y</i> <i>levaduras</i>	16

<i>Parásitos</i>	17
<i>Bacterias</i>	17
Especies bacterianas más importantes en aves silvestres	18
.....	18
<i>Chlamidophyla</i>	18
<i>Klebsiella</i>	19
<i>Salmonella</i>	19
.....	
Otras bacterias de importancia	20
.....	
	2
JUSTIFICACIÓN	22
.....	
OBJETIVOS	323
.....	
Objetivos generales	223
.....	
Objetivos específicos	223
.....	
MATERIALES Y MÉTODOS	224
.....	
RESULTADOS Y DISCUSIÓN	229
.....	
CONCLUSIÓN	443
.....	
LITERATURA CITADA	444

LISTA DE CUADROS

Cuadro		Pág.
1	Otras bacterias patógenas comunes en aves silvestres ...	20
2	Diversidad de especies de bacterias en la microbiota de vías respiratorias altas y cloaca de aves decomisadas, en riesgo y rescatadas en Baja California	30

LISTA DE FIGURAS

Figura		Pág.
1	Cóndores de California en la Sierra de San Pedro Mártir	10
2	Géneros bacterianos identificados molecularmente en aves provenientes de 3 orígenes diferentes	32
3	Abundancia relativa de especies bacterianas en coana o cloaca en las aves muestreadas	39
4	Comparación de géneros bacterianos entre cóndores de California y Otras especies	41

INTRODUCCIÓN

Vida silvestre abarca todo aquel organismo y microorganismo (flora, hongos, fauna, etcétera), que vive libremente en su hábitat (DOF, 2000). Las aves, como parte de la fauna son muy importantes tanto por su papel biológico en los ecosistemas como por su contacto con el humano a lo largo de los años, formando parte de la mitología y de otras diversas formas en la historia de los pueblos (Navarro, 1994).

Según Chuchipe (2021), la importancia a nivel ecológico de las aves en el mundo reside en diversos puntos como en la polinización y dispersión de semillas de un lugar a otro. Además, tienen un papel importante como indicadores, por su presencia o ausencia, del deterioro de la calidad ambiental de cualquier hábitat (Osorio y Molina 2007).

A nivel económico las aves han contribuido como alimento para el humano con la comercialización de su carne y huevos. De igual manera el aviturismo, el cual se estimó que, en el año 2019 en México, registró 1,183,095 avituristas, equivalente a una derrama económica de 329 millones de dólares USD (Cantú et al., 2020).

Las aves silvestres en particular son importantes también para la salud pública, porque pueden ser portadoras de patógenos transmisibles a los humanos, ya sea como reservorio o dispersando vectores de artrópodos infectados a través de la migración. Además, la importancia del estudio de la

microbiota reside en la correlación directa entre la salud de las aves y su composición, ya que ésta puede ayudar en diferentes procesos metabólicos en el organismo (Reed et al., 2003). (Farrel et al., 2013).

Hoy en día las aves atraviesan un periodo crítico en su existencia. Las amenazas de extinción son muchas, pero la principal es la pérdida de hábitat causada por el hombre, el cual también es responsable del comercio de aves, la captura incidental de aves marinas e indirectamente, la invasión de aves exóticas que buscan un lugar donde vivir (García-Moreno et al., 2007). Naturalmente, las aves buscarán refugio en otro lugar siendo las ciudades y los alrededores, sitios de elección del 20% de las aves amenazadas o desplazadas de su hábitat natural (Osorio y Molina, 2009). La utilización de forma legal del aprovechamiento de animales incluye partes o derivados de especies silvestres ya sea por caza, captura o colecta, o a través de actividades relacionadas con su hábitat natural sin extraerlos de ella. La extracción y pérdida de hábitat han ocasionado que muchas especies se encuentren en peligro de extinción, amenazadas o extintas (SEMARNAT, 2013), por lo que es importante su estudio para ayudar en su conservación por un lado y para evitar posibles problemas de salud pública.

REVISIÓN DE LITERATURA

Antecedentes históricos

Las aves silvestres de México se encuentran estrechamente relacionadas con la historia sobre el conocimiento y exploración biológica de este país. Datan del siglo XVIII y comienzos del siglo XIX las primeras descripciones científicas de especies de aves en México (Navarro-Singüenza et al., 2007, Escalante et al., 1998).

A finales del siglo XIX, científicos mostraron interés en lo que ahora conocemos como microbiota. Debido a que Robert Koch demostró la teoría de los gérmenes, se tenía la visión que el único rol de los microbios que habitaban en un huésped era causar enfermedades infecciosas. En 1884, Theodore Escherich, comenzó una serie de estudios sobre el impacto e importancia de las bacterias que habitan en el intestino, su fisiología y patología. Fue así como la visión de los gérmenes tomó un cambio radical y pasaron de todos patogénicos, a posiblemente beneficiosos para el hospedero y flora (Hacker y Blum-Oehler, 2007; Savage, 2001). Unos años después, Ilya Mechnikov comenzó a estudiar la microflora habitual del ser humano (Arguelles, 2008).

Generalidades de las aves

Esqueleto: Está compuesto por huesos porosos, largos y huecos, lo que le confiere la característica de ser liviano pero muy resistente. Algunos huesos se encuentran fusionados, como las vértebras, lo que contribuye a poder volar (Del Olmo, 2007, Arizmendi y Martínez, 2012).

Sistema respiratorio: Los pulmones de las aves son órganos potentes y semi rígidos. Una característica particular que los hace diferentes a otros vertebrados, son los sacos aéreos. Estas estructuras en forma de bolsa permiten les permite captar más oxígeno. Frecuentemente se encuentran de 7 a 14 sacos, los cuales se interconectan con los pulmones y ayudan a mantener un flujo continuo de aire que propicia la purificación del oxígeno. Además, contribuyen en el canto, sonido característico de las aves, y la disminución del calor provocado por el vuelo (Del Olmo, 2007, Arizmendi y Martínez, 2012).

Sistema digestivo: Está compuesto por el pico, esófago, buche, molleja, hígado, páncreas, intestinos y cloaca. Algunas de las características más peculiares del sistema digestivo del ave es la ausencia de dientes, lo que las hace más ligeras para volar (Del Olmo, 2007, Arizmendi y Martínez, 2012).

Aves silvestres

Se le denomina ave a todo aquel grupo de vertebrados endotermos, cuyas características incluyen plumaje, ponen huevos de cascarón duro y características anatómicas que le ayudan a su actividad más particular, el vuelo. (Del Olmo, 2007).

Las aves, representan un grupo ampliamente estudiado a lo largo de los años y altamente diversificado con adaptaciones únicas que han sucedido a lo largo de 50 millones de años de evolución, debido a una radiación acelerada (Jetz et al., 2012).

México es un país que cuenta con una extensa diversidad de aves silvestres. Se encuentra en el onceavo lugar y en el cuarto de riqueza de aves y endemismo, respectivamente. Existen alrededor de 10,500 especies de aves en el mundo. Nuestro país alberga cerca del 11% del total de especies de aves, del cual, de 194 a 212 especies, se consideran endémicas. La diversidad avifaunística abarca 26 órdenes, 94 familias, 471 géneros y 1,069 especies de aves. Entre estas aves, el 70% son residentes y el 30% son migratorias, lo que quiere decir que llegan a nuestro país transitoria o estacionalmente con propósitos reproductivos o debido al clima (Del Olmo, 2007, Navarro-Singüenza et al., 2014).

Importancia de las aves en el mundo.

Hoy en día, las aves son uno de los animales con más relevancia en el planeta. Las aves tienen un valor no sólo económico y ecológico, también cultural, artístico y científico. Las aves aparecen como símbolos culturales a lo largo de la historia, desde Horus el dios egipcio de la creación representado como un halcón, hasta la bandera mexicana que, en su sello, podemos encontrar el águila real. Las aves contribuyeron a moldear las ideas de Darwin sobre la evolución a través de la selección natural, utilizando pinzones de las islas Galápagos. En el Arte, han sido fuente de inspiración de numerosas pinturas, símbolos religiosos y música. Su rol más importante se encuentra en los servicios ecosistémicos como la polinización, dispersión de semillas, depredación de insectos y eliminación de cadáveres. Estudios demuestran que existen aves que se alimentan del néctar, por lo tanto, llegan a polinizar cerca del 15% de las plantas en América. Además,

tienen un valor económico en diversas actividades como la caza, el comercio de mascotas y la observación por aficionados (Bird Life International, 2018; Berlanga 2001; Buzato et al., 2000). Según Cantú et al., (2020), del 2006 al 2019, en México el aviturismo tuvo un aumento de 1,382% con una derrama económica de 393 millones de dólares (USD) y 1,501% en avituristas en su mayoría mexicanos.

Las aves son de importancia para la salud pública debido a que muchas son migratorias, es posible que estas sean responsables de la dispersión geográfica a nivel mundial de microorganismos patógenos como virus del Oeste del Nilo, Sindbis, Influenza A, Newcastle y otros, protozoos como *Cryptosporidia* y bacterias como *Salmonella*, *Borrelia* y otras (Jourdain et al., 2007). Debido al crecimiento de la población humana, el intercambio de microorganismos en forma multidireccional ha sido posible gracias a la interacción entre la fauna silvestre, el humano, los animales de producción y el ambiente que los rodea (Rhyan y Spraker, 2007). El establecimiento de nuevas enfermedades infecciosas en poblaciones que no han sido infectadas puede deberse a la interacción entre los humanos, los animales domésticos y la fauna silvestre (Smith et al., 2006).

Tráfico ilegal de aves silvestres

En la actualidad se reconoce que el planeta se encuentra en el sexto episodio de extinción masiva y el primero en ser impulsado por el hombre (BirdLife International, 2018). En México, la gran caída que muestran las

poblaciones silvestres es, sobre todo debida al tráfico ilegal (WWF, 2012). El comercio y tráfico ilegal genera ganancias mayores a los 20 mil millones de dólares, convirtiéndolo en la tercera actividad ilegal más lucrativa del mundo (Garza-Almanza, 2008; Interpol, 2008). México ha enfocado sus esfuerzos en el desarrollo de marcos legales y estructuras gubernamentales para la implementación de políticas que promuevan el aprovechamiento sostenible de la fauna silvestre, sin que los beneficios socioeconómicos sean afectados. (Reuter y Mosig, 2010).

El tráfico ilegal de vida silvestre se describe como la explotación de la flora y fauna silvestre no respetando las leyes y tratados nacionales e internacionales. En esta definición, se incluye la extracción, acopio, transporte, comercialización y posesión de especies silvestres (Zimmerman, 2003).

Una de las aves más traficadas en México son las psitácidas. Entre 65,000 a 78,500 pericos son capturados cada año y sólo menos del 25% llega a su destino como aves de compañía. Desafortunadamente, sólo el 2% son aseguradas por PROFEPA (Cantú et al., 2007).

Se considera que, en México las 10 familias de aves con más ejemplares en categorías de riesgo son: *Trochilidae*, *Psittacidae*, *Accipitridae*, *Parulidae*, *Emberizidae*, *Tyrannidae*, *Stringidae*, *Troglodytidae* y *Scolopacidae* (Pulido, 2018).

De acuerdo con WWF (2012), el tráfico ilegal es impulsado por una cadena de valor, que es posible gracias a un grupo de consumidores diferentes, cuyo principal factor de consumo es su cultura que normaliza su consumo.

Con el fin de establecer una referencia y protección, el gobierno de México estableció la NOM-059-SEMARNAT-2010 donde se enlista las especies por categoría de riesgo: probablemente extintas en el medio silvestre, en peligro de extinción, Amenazadas y Sujetas a protección especial (PROFEPA, 2013).

Según Ortiz-Pulido (2018), 655 especies han sido declaradas en alguna categoría de riesgo, pero sólo para 229 especies se han reportado acciones para promover su conservación. Por último, concluye que México es un país que tiene más aves en alguna categoría de riesgo de las que se encuentran en la legislación.

El cóndor de California, una especie casi declarada en extinción

Considerada el ave más grande de Norteamérica, el Cóndor de California (*Gymnogyps californianus*) es un buitre del Nuevo mundo, carroñero por excelencia, que volaba libremente sobre la Costa oeste de Norteamérica. En los años 80, hubo un declive drástico en su población debido a una alta mortalidad originada principalmente por el envenenamiento por plomo derivado de la ingesta de fragmentos de municiones localizados en cadáveres (Meretsky et al., 1999; De la Cruz y Peters, 2007).

En un estudio realizado en 2014 por Finkelstein y colaboradores, en muestras de sangre tomadas anualmente entre 1979 y 2010 de cóndores de California, se encontraron que el 30% de las muestras tenían niveles de plomo nocivos para la salud (≥ 200 ng/ml) y que el 20% de las aves de vida libre, tienen niveles de plomo en sangre de ≥ 450 ng/ml.

Desde 1980, gracias al trabajo conjunto entre el gobierno de México y U.S Fish and Wild Service (Estados Unidos), se puso en marcha un programa de recuperación de los cóndores de California llamado Plan de Recuperación del Cóndor de California que consistió en el manejo intensivo de reproducción en cautiverio de los últimos 17 ejemplares vivos. Para 1983, existían ya 24 cóndores. En 1995 los ejemplares aumentaron a poco más de 100. En el año 2011, se contabilizaron 396 cóndores. Desde 1999 se puso en marcha el Plan para la reintroducción de ejemplares en el Parque Nacional Sierra de San Pedro Mártir. El 9 de octubre de 2002 fueron liberados exitosamente, los primeros 6 ejemplares. En el 2010, gracias al Programa Binacional para la Recuperación y Conservación del Cóndor de California, cambió de categoría de “Probablemente extinto en el medio silvestre” a en Peligro de Extinción. La secretaría del Medio Ambiente (SEDEMA) reportó en marzo de 2022, el décimo nacimiento de cría de cóndores de California en el Zoológico de Chapupultepec. (SEMARNAT, 2012; De la Cruz y Peters, 2007).



Fig. 1 Cóndores de California en la Sierra de San Pedro Mártir (Endesu, 2021)

Importancia del estudio de las enfermedades en aves silvestres

Los cambios de origen humano en los ambientes naturales han incrementado la exposición a todos los microorganismos entre seres humanos y animales silvestres. Estos último han sido sumamente afectados por factores como la pérdida de hábitat, cadena de extinción y un declive en el número de especies por parásitos, bacterias, protozoos y metales pesados. Como respuesta a la emergencia surge la medicina de la conservación, cuyo objetivo es la conservación de la biodiversidad y el restablecimiento de la salud de los componentes naturales y sus ecosistemas. Esta disciplina contempla todos sus

componentes como un todo y cualquier cambio afecta negativamente en los otros (Saggese, 2007).

Para muchos profesionales dedicados al trabajo de investigación y conservación, el estudio de los patógenos que afectan a aves silvestres, son temas de gran interés siendo de mayor prioridad todas aquellas especies que se encuentran en peligro de extinción, ya que el tamaño de su población puede disminuir debido a la susceptibilidad de brotes infecciosos (Suárez-Pérez, 2011). Con el paso del tiempo, la concientización de la relación de los animales silvestres con las patologías zoonóticas ha permitido el incremento de los estudios sobre enfermedades en animales y los potenciales riesgos a la salud humana (Wobeser, 2006).

Microbiota de aves silvestres

Según Gaumer, 2007, la microbiota se define como un conjunto o ecosistema de microorganismos que se encuentran en un lugar definido. Se ha considerado que el reflejo de la salud de los animales está dado por la microbiota que habita en su tracto gastrointestinal. Las especies bacterianas que habitan dentro de ellos son objeto de estudio para el hombre, ya que tienen gran importancia tanto ecológica como evolutiva (Ezenwa et al., 2012). Algunas de las funciones involucran procesos metabólicos como procesamiento de los nutrientes y la protección contra microorganismos patógenos. (Guamer, 2007).

De acuerdo con Ley y colaboradores (2006) existe una inmensa diversidad microbiana en el planeta. A pesar de esto, la microbiota está dominada en su

mayoría por filos como *Firmicutes* y *Proteobacterias* y en menor abundancia *Bacteroidetes* y *Actinobacterias*. Las aves silvestres y aves domésticas presentan porcentajes similares en la microbiota con un 25% del filo Proteobacterias, muy diferente a la humana que presenta menos del 1% de este filo (Grond et al., 2018).

Existen factores que determinan la composición y dinamismo de la microbiota. Los factores intrínsecos dependen meramente del ave e incluyen edad, sexo, composición genética y salud. Por otro lado, los factores extrínsecos se presentan en componentes como la dieta del ave, la interacción social y el conjunto de inóculos microbianos en el ambiente (Grond et al., 2018).

A diferencia de los mamíferos, las aves pueden adquirir bacterias de maneras diferentes: pueden ser transferidas durante la cúpula, a través de la transmisión vertical de madre a crías mediante la regurgitación del alimento, y debido a las condiciones ambientales y de alimento al momento de la eclosión del huevo (Kohl, 2012, White et al., 2010).

Microbiota del tracto respiratorio de aves: De acuerdo con Kursá y colaboradores, 2021, el tracto respiratorio es pieza fundamental en la salud y desempeño de las aves. A pesar de la importancia de este, no se tiene mucha información sobre las comunidades microbianas del tracto respiratorio de las aves silvestres. Tomando en cuenta lo anterior, se realizó un estudio en pavos en el 2021, donde encontraron que la microbiota predominante en las vías respiratorias altas presentes en mayor porcentaje fueron bacterias del filo

Firmicutes (*Bacilli* y *Clostridia*) y en menor cantidad *Proteobacterias*, *Bacteroidetes*, *Actinobacterias*, *Cianobacterias* y *Tenericutes*. Las bacterias que más se encontraron fueron *Enterococcus*, *E. coli-Shigella*, *Lactobacillus*, y *Pseudomonas*, entre otras de la familia *Enterobacteriaceae*.

Aves silvestres como portadoras de agentes zoonóticos

Se considera que de todos los patógenos de humanos, el 60% tiene origen animal, más de 150 enfermedades provienen de animales y más del 70% de estas, son de animales silvestres (PROFEPA, 2013).

Existen patologías zoonóticas virales mortales de gran importancia zoonosanitaria como la influenza aviar H5N1 o la rabia, y otras bacterianas que presentan síntomas de enfermedades comunes como la psitacosis, la cual es una enfermedad respiratoria transmitida por loros, pavos y palomas (Pickering, et al., 2008).

Otro ejemplo es *Salmonella*, las aves silvestres la adquieren debido a sus características alimenticias, por ejemplo, aves rapaces, carroñeras o que recogen basura. Tales características ayudan a que la bacteria se aloje en el intestino. Las aves son relativamente resistentes a la enfermedad, pudiendo así realizar el papel de portadoras asintomáticas de la infección (Tizard, 2004). En humanos, la enfermedad por *Salmonella enteritidis* se asocia al consumo de huevos y productos derivados contaminados. Cuando el humano la consume, se aloja en el intestino delgado, provocando gastroenteritis autolimitada y otras

complicaciones severas como bacteremia o meningitis (Fica et al., 2001; Dunkley et al., 2009; Patrick et al., 2004).

En un estudio realizado en Manchay, Lima, Perú, se capturaron 185 aves de vida libre y se tomaron hisopados cloacales. De las 185 muestras procesadas, 4.3% (8/185) correspondieron a cepas de *Salmonella* spp, donde se aisló la bacteria en 5.1% (6/118) de *Passer domesticus*, 3.2% (1/31) de *Volatinia jacarina* y 33.33% (1/3) de *Forpus coelestis*. Finalmente, dado que la prevalencia de *Salmonella* en aves de vida libre presenta una gran variación entre estudios, no es posible determinar si la variación es el resultado de diferentes métodos de muestreo y diseño de estudio aplicativo o si refleja una diferencia significativa en la prevalencia de la enfermedad entre diferentes localidades y países (Espinoza-Ramírez y Morales-Cauti, 2019).

Migración: Existen dos formas de dispersión de los organismos: la migración y la emigración y tiene su evolución. La migración se presenta de acuerdo con las estaciones del año y la emigración es un cambio definitivo de área geográfica. El objetivo es la búsqueda de mejorar la calidad de vida y supervivencia de la especie. Son de gran importancia para el proceso evolutivo ya que tienen un impacto directo en la estabilidad de los ecosistemas y de la especie. Los problemas que ha generado el ser humano, como el cambio climático, afectan gravemente estas dos formas de dispersión ya que elimina muchos de los procesos migratorios. En consecuencia, esto llevará a la reestructuración de los ecosistemas y sus dinámicas y la extinción masiva de especies (Madrigal, 2004).

La migración es un evento que causa estrés en las aves y debido a que éste produce inmunosupresión, la resistencia de enfermedades infecciosas puede verse disminuida y a su vez, puede aumentar la tasa de diseminación y la duración del nivel de viremia y/o bacteriemia de un agente infeccioso (Gylfe et al., 2000).

Las aves sirven como un portador biológico cuando el agente patógeno se reproduce o replica en el cuerpo del ave y como portador mecánico cuando el patógeno no se multiplica en ella (Hubálek, 2004).

Por ejemplo, las aves acuáticas silvestres (Anseriformes) representan los principales hospedadores naturales de diversas cepas de virus de la Influenza A en todo el mundo, incluido el subtipo H5N1 altamente patógeno (HP) que puede infectar letalmente a los humanos (Olsen et al., 2006).

Patógenos comunes en aves silvestres

Virus: Existen aves silvestres y migratorias que son hospederas naturales de todos los subtipos de virus influenza A sin manifestar enfermedad aparente. El virus es excretado a través de las heces (Kiukén et al., 2006). Otro ejemplo es el El *Paramixovirus* aviar serotipo 1 (APMV-1), agente etiológico de la enfermedad de Newcastle, un virus que afecta en su mayoría a aves de producción. Se han encontrado con frecuencia, APMV-1 virulentos en cormoranes (*Phalacrocorax carbo*) del orden Pelecaniforme. Estos causan enfermedad en animales jóvenes, aunque en la mayoría, son lentogénicos (menos virulentos) (OIE, 2018; CFSPH, 2008).

Otro virus muy común en especies como humanos, equinos y aves, pertenece a la familia *Flaviviridae*, género *Flavivirus* y se le conoce como Virus del Oeste del Nilo. Las especies afectadas manifiestan síntomas parecidos a la gripe. Las aves, diseminan el virus gracias a los procesos migratorios que realizan (Morales-Cruz-Valderrama, 2017). Es considerada una zoonosis de tipo aviar, que circula y es mantenida en la naturaleza (Reisen, 2013).

La aparición, la rápida expansión geográfica y letalidad del virus del Oeste del Nilo en América del Norte, ejemplifica el impacto que puede tener una enfermedad sobre algunas especies vulnerables como aves, equinos y el hombre. Al menos 7 especies comunes de aves redujeron su población tras la aparición de un brote en Estados Unidos en 1999. La más afectada fue el cuervo americano (*Corvus brachyrhynchos*) (Ladeu et al., 2007).

Hongos y levaduras: En un estudio realizado por Furtado-Mendes et al., 2014, se analizaron 50 muestras de heces de aves silvestres de diferentes especies donde se aislaron especies de levaduras como como *Candida albicans* (31%), *C. famata* (11%), *C. guilliermondii* (4%), *C. catenulata* (4%), *C. intermedia* (2%), *C. sphaerica* (4%), *C. ciferri* (6%), *Trichosporon asahii* (2%), *Rhodotorula* sp. (2%), *Geotrichum klebahnii* (4%), *Cryptococcus laurentii* (4%), *Candida globosa* (2%) y *Malassezia pachydermatis* (2%), además del género filamentoso como *Aspergillus spp.* (8%), *A. niger* (4%), *Penicillium spp.* (6%) and *Mucor sp.* (4%).

En otro estudio realizado en Brasil por Nascimento et al., (2017), se encontró la ocurrencia de levaduras del complejo *Cryptococcus* (*C. albidus* var. *Albidus*= *C. albidus*) en las cloacas de 40 loros (*Amazona aestiva*). *C. albidus* fue aislado en un 90% y *C. laurentii* en un 10% de las muestras.

Parásitos: Entre los problemas de salud de las aves silvestres, los parásitos gastrointestinales son los más frecuentes (Barrenechea et al., 2008).

La presencia de diferentes parásitos como céstodos, tremátodos, nemátodos y acantocéfalos ha sido demostrada en los pocos estudios que se han realizado. Estos estudios se llevan a cabo internacionalmente en zoológicos y centros de rehabilitación de fauna silvestre. Algunos de los géneros encontrados son *Capillaria spp*, *Ascardia spp* y diferentes ooquistes de *Coccidia* en aves silvestres en cautiverio (Benavides et al., 2003).

Bacterias: una variedad de patógenos bacterianos afectan a los humanos y estos han sido asociados con aves silvestres y migratorias. Las transmisiones indirectas a humanos han sido documentadas incluyendo patógenos entéricos como *E. coli* (Ejidokun et al., 2006) y *Salmonella typhimurium* (Kapperud et al., 1998). Otras como *Borrelia Burgdorferi* (Weisbrod et al., 1989), *Campylobacter jejuni* (Broman et al., 2002) y *Vibrio spp* también han sido reportadas (Ogg et al., 1989). Otra bacteria, *Chlamidya psittaci*, afecta aproximadamente 30 órdenes de aves migratorias acuáticas como gaviotas, charranes, aves playeras, palomas y es responsable de la Clamidiosis aviar (Kaleta y Taday, 2003).

Especies bacterianas más importantes en aves silvestres

***Chlamydophila*:** *Chlamydophila* (anteriormente *Chlamydia*) es una bacteria intracelular gram negativa, que tiene presencia en un gran porcentaje de las aves alrededor del mundo. Se considera el agente etiológico más abundante en aves de compañía y principal zoonosis en aves. Puede conducir a enfermedades sistémicas y ocasionalmente fatales en las aves (OIE, 2018).

. La infección con *Chlamydophila* se denomina Psitacosis en humanos y en aves Clamidiosis aviar (Kaleta y Taday, 2004; CFSPH, 2011; Ramsay, 2003; OIE, 2018).

Monsalve et al. (2011) realizaron un estudio donde el objetivo era establecer la seroprevalencia de *Chlamydophila psittaci* en aves del género Amazona spp. y en trabajadores de algunos zoológicos y CAV (centros de atención y valoración de fauna silvestre) en Colombia y se encontró una alta seroprevalencia de *Chlamydophila psittaci* en aves (86,4%) y humanos (78%).

***Klebsiella*:** *Klebsiella pneumoniae* es una enterobacteria gramnegativa, bacilo anaerobio facultativo sumamente estudiado y de mayor importancia clínica. Es considerado un agente etiológico de enfermedades infecciosas oportunistas. Se le atribuye una de las principales causas de muerte en aves (Bratu et. al, 2005; Leal et al., 2006; Mattes et al., 2005). *Klebsiella* se ha encontrado en el medio ambiente, distribuidas en aguas residuales y superficiales, sobre las plantas y el suelo (Izquierdo, 2003).

En un estudio realizado por Vargas y colaboradores en el 2010, se encontraron 20 aislados de *Klebsiella pneumoniae* en animales cautivos en el

zoológico de Barranquilla, Colombia. De los 20 aislados, 6 fueron de aves silvestres. Se encontraron cepas de *Klebsiella pneumoniae* en glotis de aves; 1 cepa se aisló de una cotorra (*Aratinga pertinax*), otra de un perico bronceado y 3 más de loros reales. La sexta y última cepa, se aisló de la cloaca de un loro real. Todas las cepas encontradas fueron resistentes a algún antibiótico de los siguientes: ampicilina, oxitetraciclina, trimetoprim-sulfame-toxasol, cloranfenicol y ampicilina sulbactam.

Salmonella: Se encuentra en la familia *Enterobacteriaceae*, bacilo gram negativo y oportunista. Este género se divide en *S. bongori* y *S. entérica*, de los cuales se han identificado hasta 2500 serotipos (Figueroa y Verdugo, 2005).

La salmonelosis se encuentra como una de las causas más importantes de gastroenteritis en humanos y su transmisión es vía oro-fecal o por contacto directo. Las serovariedades no tíficas son causantes de Septicemias, infecciones como artritis, meningitis, osteomielitis, del tracto urinario, neumonía, endocarditis entre otras. La incidencia de *Salmonella spp.* va aumentando, provocando un gran impacto en salud pública y salud animal. Esto se relaciona con el incremento de la diseminación de los microorganismos. Estrada-Cely y colaboradores realizaron un estudio donde el 70.58% de 17 muestras coprológicas de aves psitácidas en cautiverio de especímenes de *A. amazónica* y *A. ochrocephala*, fueron positivas a *Salmonella* aun sin presentar síntomas. Concluye que *Salmonella* es un habitante natural en el Género *Amazona* y esto representa un riesgo para la salud ya que son aves utilizadas muy frecuentemente como aves de compañía.

En otro estudio realizado por Barrera y Retamal en el 2012 en Chile, se reportó en aves silvestres acuáticas de un total de 918 muestras, la presencia 28 cepas de *Salmonella* entérica, presentándose con más frecuencia *S. Enteriditis* con un 46% y *S. Heildeberg* con un 14%. Se reportó que la Gaviota Dominicana (*Larus dominicanus*), fue la especie con más aislados positivos.

Otras bacterias de importancia

Existen diversos resultados en investigaciones realizadas con respecto a bacterias en aves silvestres. A continuación, se enlistan algunas de las especies bacterianas patógenas más comunes encontradas en aves silvestres (Cuadro 1).

Cuadro 1. Otras bacterias patógenas comunes en aves silvestres.

Género	Especie	Patologías asociadas	Referencia
Campylobacter	<i>C. jejuni</i> , <i>C. coli</i> , <i>C. fetus</i>	Enfermedades diarréicas humanas, abortos en ganado	(López-Díaz, en 2011)
<i>Escherichia</i>	<i>E. coli</i>	Afecciones gastrointestinales severas	(O'Sullivan et al., 2007).
<i>Pseudomonas</i>	<i>Pseudomonas aeruginosa</i>		(Nuttall, 1997)

<i>Staphylococcus</i>	<i>Staphylococcus aureus</i>	Infecciones en piel, tejidos blandos, neumonía, endocarditis aguda	(Hermann et al., 2010).
<i>Mycoplasma spp</i>	<i>Mycoplasma gallisepticum</i>	Enfermedad respiratoria crónica en pollos y de sinusitis infecciosa.	Benskin et al., 2009, Guisheng y Yanying, 2012.
<i>Clostridium spp</i>	<i>Clostridium botulinum</i> , <i>Clostridium perfringens</i> .	Infecciones del intestino grueso.	Benskin et al., 2009.
<i>Mycobacterium spp</i>	<i>Mycobacterium avium</i>	Tuberculosis aviar	Dvorska et al., 2006.
<i>Enterococcus spp</i>	<i>Enterococcus faecalis</i> , <i>Enterococcus hirae</i> .	Infección tracto urinario, intraabdominales y pélvicas.	Islam et al., 2021, Soulliard et al., 2022.

JUSTIFICACIÓN

Las aves son las especies de vertebrados más diversas en el mundo. México alberga el 11% del total de especies de aves. El ser humano está estrechamente relacionado con las aves no solamente económica y ecológicamente, si no también culturalmente hablando. Las aves son representadas en símbolos culturales como banderas, escudos y muchas más. Son excelentes indicadores ambientales, contribuyen con procesos ecológicos como polinización, dispersión de semillas y control de plagas. Tienen un papel importante en la economía porque son materia prima de la industria de la alimentación, aviturismo y como aves de compañía.

Desafortunadamente, con el paso del tiempo, hay menos especies de aves en el mundo y esto es principalmente por acción del hombre.

El estudio de las aves, su hábitat y su microbiota, nos ayuda a establecer las bases de su salud y bienestar, contribuyendo así, a su preservación. La importancia del estudio de las aves no solamente radica en su preservación, si no también en el riesgo zoonótico para el ser humano.

Lamentablemente, no existen estudios previos relacionados a la microbiota de aves silvestres decomisadas y en riesgo en el estado de Baja California. Por lo tanto, el presente estudio establece un precedente en la importancia de las investigaciones sobre las aves silvestres, su riesgo zoonótico y su conservación.

OBJETIVOS

Objetivo general

Identificación molecular de microbiota bacteriana a partir de muestras de vías respiratorias altas y cloacales en aves silvestres decomisadas, rescatadas o en peligro de extinción en la región norte de Baja California, México.

Objetivos específicos

Obtención y resguardo de las muestras.

Cultivo y aislamiento de muestras en medio rico.

Extracción de ADN de los aislados obtenidos

Realización de PCR y secuenciación del gen 16S ribosomal de todos los aislados

MATERIALES Y MÉTODOS

Muestreo

El muestreo se realizó a partir de agosto del 2020 hasta septiembre de 2021. El primer grupo de muestras fueron tomadas de aves decomisadas o rescatadas por personal de PROFEPA y canalizadas al doctor Julio Alfonso Mercado Rodríguez, quien fue el responsable de la toma de muestra. Este se llevó a cabo en dos lugares diferentes: el Bosque de la Ciudad de Mexicali, el cual es un área recreativa para sus habitantes que funge como zoológico y área de recepción y rehabilitación de fauna silvestre y en un hospital veterinario privado, donde principalmente llegaban aves para su rehabilitación. El segundo grupo de muestras fueron tomadas de cóndores de California (*Gymnogyps californianus*) dentro del Programa de Reintroducción del Cóndor de California en la Sierra de San Pedro Mártir ubicado en el municipio de Ensenada, Baja California.

Procesamiento de las muestras

Se llevó a cabo en el laboratorio de Biología Molecular en el Instituto de Investigaciones en Ciencias Veterinarias en la ciudad de Mexicali, Baja California, México.

Criterios de inclusión

Se incluyeron toda aquella ave silvestre que fue decomisada o declarada en riesgo por personal de PROFEPA durante el periodo de muestreo. Las muestras de cóndores de California fueron tomadas de 16 ejemplares como parte de la evaluación anual por parte del personal del programa.

Tipo de muestreo

El muestreo utilizado fue de tipo descriptivo por conveniencia

Colecta de las muestras

Las muestras fueron colectadas de cloaca y orofaringe con hisopos de algodón estéril con medio de transporte Stewart. En el caso de la muestra de cloaca, se limpió la zona anal con alcohol para evitar contaminación, se introdujo el hisopo y suavemente se tomó la muestra realizando círculos para mayor contacto con la mucosa del intestino (Espinoza-Ramirez y Morales-Cauti, 2019). Por otra parte, se realizó la toma de muestra de vías respiratorias altas, introduciendo el hisopo por la cavidad oral y tocando suavemente en la coana del ave. Una vez obtenidas las muestras, se colocaron en un medio de transporte refrigerado a 4°C hasta su traslado al Instituto en Ciencias Veterinarias perteneciente a la Universidad Autónoma de Baja California para su procesamiento.

Registro de datos

Se rotularon las muestras con el nombre de la especie, tipo de muestra, origen de la muestra y observaciones específicas del ave. Una vez en el laboratorio, se introdujo toda la información a una base de datos Excel, donde se incluyó toda la información recopilada y los procedimientos llevados a cabo.

Análisis de laboratorio

Cultivo microbiológico y aislamiento de colonias: Primeramente, se utilizaron cajas Petri con medio nutritivo agar Luria Bertani (LB) para crecer las bacterias mediante el método de siembra por estrías directamente del hisopo.

Una vez sembradas, se incubaron por 24 horas a 35 °C para el crecimiento de colonias bacterianas. Se identificaron las colonias mediante observación directa de las características macroscópicas como tamaño, consistencia, color y forma. En los casos en donde al menos 10 colonias iguales se presentaban en cada caja Petri, se aislaron las colonias diferentes en el mismo medio de cultivo.

Extracción de ADN: Se llevó a cabo una resiembra de cada aislado en medio líquido Luria Bertani (LB) a una temperatura de 35°C a 180 rpm durante 16 horas o hasta que el cultivo se tornara turbio (aproximadamente 1 de absorbancia a 650 nm). Se utilizaron 3 ml de cultivo líquido centrifugando 3 veces 1ml a 14,000 rpm durante 2 minutos para obtener una pastilla. Se retiró el líquido sobrante y se almacenó la muestra a -20 °C. La extracción de ADN se realizó utilizando el kit DNeasy Blood & Tissue kit (Qiagen, Valencia CA, USA) siguiendo paso a paso las instrucciones del proveedor. El ADN se almacenó a -20 °C hasta la realización de la reacción en cadena de la polimerasa (PCR). Para evaluar la presencia de ADN, se realizó un gel de Agarosa al 1% con buffer TAE 1X teñido con 0.5 µg/mL de Bromuro de Etidio en todas las muestras.

Reacción en Cadena de Polimerasa (PCR): El PCR en tiempo final, se llevó a cabo amplificando el gen 16Sr utilizando cebadores universales UNI 8F 5'-AGAGTTTGATCCTGGCTCAG-3' y UNI 53SR 5'-GTATTACCGCGGCTGCTGG-3' correspondientes a las posiciones 8-27 pb y 517-535 pb del gen 16Sr de *Escherichia coli*. El gen 16Sr presenta variaciones específicas en su secuencia en cada especie bacteriana, siendo el principal gen utilizado para estudios de filogenética y determinación de especies. La reacción

se preparó mezclando 25 µl de Master mix DreamTaq Hot Start Green PCR Master Mix 2x (Thermo Scientific, EU), 100 ng de ADN bacteriano, 1 µl de cada uno de los oligonucleótidos (UNI 8F Y UNI 53SR) y agua hasta alcanzar un volumen final de 50 µl. Se utilizó un termociclador marca Thermo Hybaid. Las condiciones para el PCR fueron las siguientes (Modificado de Negro et al): Un ciclo de desnaturalización durante 5 minutos a 94°C. 35 ciclos de de desnaturalización durante 45 segundos a 94°C. Alineamiento durante 45 segundos a 60°C y extensión durante 45 segundos a 72°C. Se llevó a cabo una extensión final durante 3 minutos a 72°C. Los productos obtenidos se visualizaron en un gel de electroforesis en agarosa al 1% teñido con 0.5 µg/ml, bromuro de Etidio en un transluminador de luz ultravioleta marca UVP TM.

Secuenciación: Se realizaron diálisis de los productos de PCR con el fin de eliminar cualquier residuo que pudiera afectar la secuenciación del material genético. Para esto, se usaron filtros de membrana MF-Millipore TM los cuales se colocaron en una caja Petri con agua destilada. Se agregaron 15 µl de cada producto de PCR durante 15 minutos. Una vez transcurridos, se pipetearon en un tubo eppendorf de 0.6 µl.

Los productos de PCR dializados, fueron enviados a la empresa Eurofin Genomics (E.U.).

Análisis de secuencias: Los archivos de secuencia se compararon con los cromatogramas y se empalmaron las dos cadenas secuenciadas de cada muestra minimizando posibles errores. Las secuencias obtenidas se compararon

con la base de datos genómicos Nucleotide BLAST (<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>) considerando los porcentajes de identidad superiores al 97% (Su et al., 2014).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En el presente estudio, se identificaron molecularmente aislados bacterianos obtenidos de aves decomisadas, rescatadas y declaradas en riesgo (cóndor de California) en el estado de Baja California. Se obtuvieron 36 aislados correspondientes a 16 especies de bacterias en 21 aves de 9 especies

diferentes. De las aves muestreadas, 5 fueron loros (*Amazona finschi*) decomisados por personal de PROFEPA debido al tráfico ilegal. Otro grupo de aves fueron rescatadas en diferentes partes de la ciudad de Mexicali Baja California, 1 águila pescadora (*Pandion haliaetus*), 1 chotacabras (*Chordeiles acutipennis*), 1 búho llanero (*Athene cunicularia*), 1 halcón Harrys (*Parabuteo unicinctus*), 1 halcón cola roja (*Buteo jamaicensis*) y 2 lechuzas campanario (*Tyto alba*). Finalmente, se obtuvieron muestras de 9 cóndores de California (*Gymnogyps californianus*) correspondientes al Programa Binacional para la Recuperación y Conservación del Cóndor de California (Cuadro 2).

El género *Staphylococcus spp.* fue identificado en el 27.78% (10) de los aislados, correspondiendo 2 aislados a loros (*Amazona finschi*) y 8 a cóndores de California (*Gymnogyps californianus*). De acuerdo con Andreasen (2003), *Staphylococcus spp.* es comúnmente aislado de heces de aves silvestres. Este género ha sido aislado en humanos, cabras, ovejas y antílopes tanto sanos como enfermos (Adegoke, 1986). Vargas y colaboradores (2008) reportaron la presencia cepas de *S. aureus* en glotis y cloaca de loros, ave capi-capi y pavo real. Años atrás, Bangert et al. (1988) aislaron *S. epidermidis* de heces de aves psitácidas.

Tabla 2. Diversidad de especies de bacterias en la microbiota de vías respiratorias altas y cloaca de aves decomisadas, en riesgo y rescatadas en Baja California.

Por otro lado, Hermans y colaboradores, reportaron en el 2000, el hallazgo de 13 cepas de *Staphylococcus aureus* en cadáveres de aves psitácidas y concluyen que, a pesar de ser un agente patógeno para las aves, no se presenta

Género	Número de aislados	Especies de aves
<i>Staphylococcus spp.</i>	10 (27.78%)	Loro (2), Cóndor (8)
<i>Escherichia spp.</i>	10 (27.78%)	Loro (5), Halcón Harrys (1), Cóndor (4)
<i>Macrococcus sp.</i>	1 (2.78%)	Chotacabras (1)
<i>Hafnia sp.</i>	1 (2.78%)	Halcon Harrys (1)
<i>Proteus sp.</i>	4 (11.11%)	Búho Llanero (1), Cóndor (3)
<i>Lysinibacillus sp.</i>	1 (2.78%)	Cóndor (1)
<i>Enterococcus spp.</i>	5 (13.89%)	Águila pescadora (1), Cóndor (2), Búho Llanero (1), Halcón cola roja (1)
<i>Vagococcus sp.</i>	1 (2.78%)	Lechuza campanario (1)
<i>Enterobacter spp.</i>	1 (2.78%)	Cóndor (1)
<i>Arthrobacter sp.</i>	1 (2.78%)	Cóndor (1)
<i>Psychrobacter sp.</i>	1 (2.78%)	Lechuza campanario (1)

frecuentemente como patógeno en ellas. Aislados de *Staphylococcus sciuri* se presentan frecuentemente como bacterias comensales asociadas a animales. Al igual que *S. aureus*, *S. sciuri* es un patógeno infrecuente para las aves (Nemeghaire et al., 2014). Adegoke reportó en 1986, que el 64.7% de aislados de aves, humanos, cabras, perros, entre otros animales, eran identificadas como *S. sciuri* y que algunos fueron aislados de vías respiratorias altas, lo que concuerda con nuestro estudio, pero difiere en la frecuencia de aparición en muestras cloacales, las cuales fueron menos que en muestras de vías respiratorias altas. La literatura citada respalda la información obtenida en nuestro estudio y concuerda que el género *Staphylococcus spp.* se encuentra en

abundancia y es parte de la microbiota de aves silvestres, reconociendo así, su potencial zoonótico.

Se identificó también *Escherichia spp.* en 27.78% (10) de los aislados, de los cuales 5 se encontraron en loros (*Amazona finschi*), 1 en Halcón Harrys (*Parabuteo unicinctus*) y 4 en cóndor de California (*Gymnogyps californianus*). *Escherichia spp.* se ha posicionado como el género de especies bacterianas facultativas más abundantes de la microbiota intestinal de humanos y animales (Gopee et al., 2000), lo que concuerda con nuestro estudio, ya que tuvo una alta frecuencia de aparición en las muestras de diferentes especies de aves (Cuadro 2).

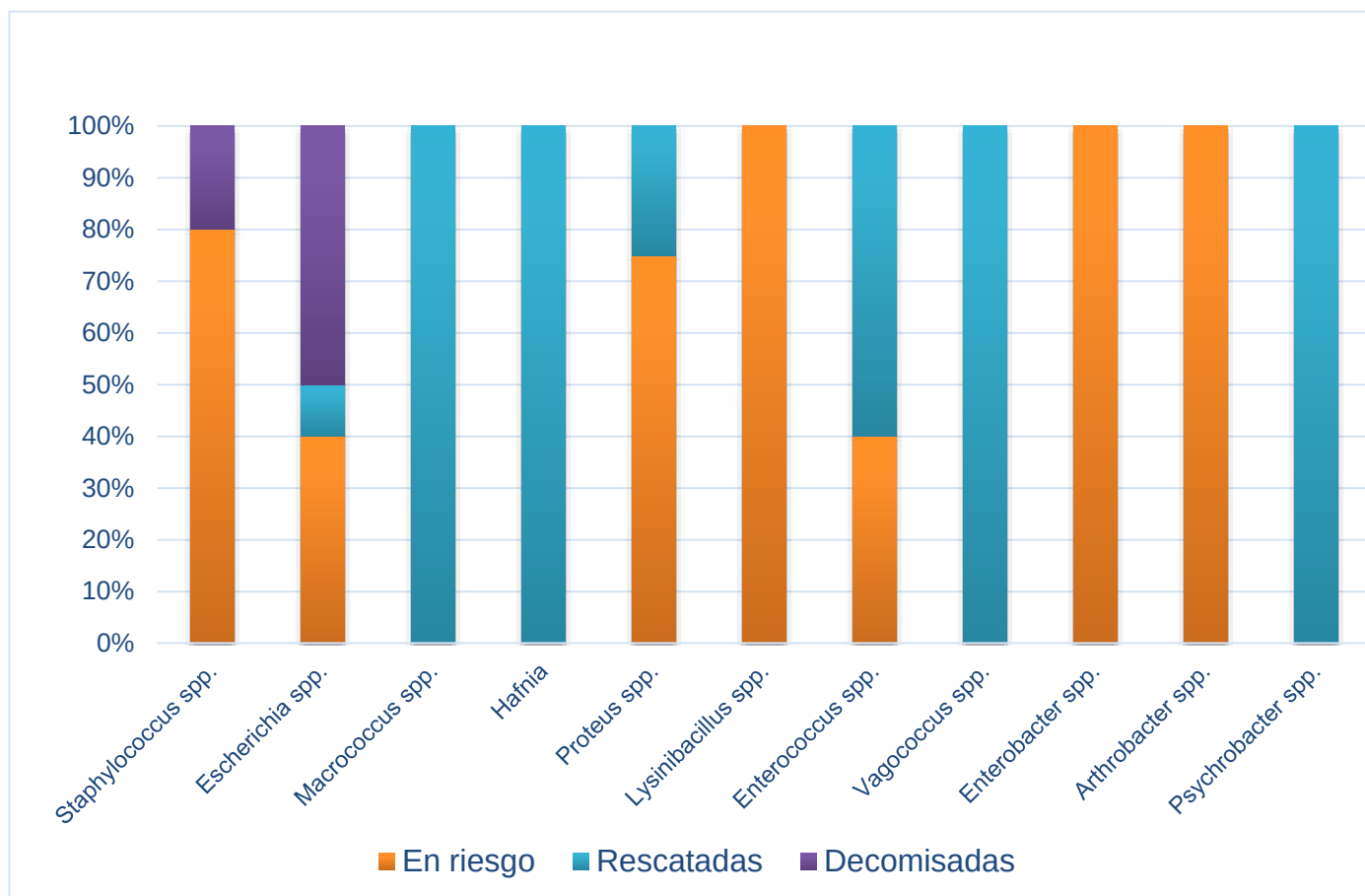


Figura 2. Géneros bacterianos identificados molecularmente en aves provenientes de 3 orígenes diferentes. En riesgo; cóndor de California (*Gymnogyps californianus*). Rescatadas: Búho llanero (*Athene cunicularia*), Águila pescadora (*Pandion haliaetus*), Chotacabras (*Chordeiles acutipennis*), Halcón cola roja (*Buteo jamaicensis*), Halcón Harrys (*Parabuteo unicinctus*) y Lechuza campanario (*Tyto alba*). Decomisadas: Loro (*Amazona finschi*).

Se ha reportado *Escherichia coli* en numerosos estudios. Shobrak y Abo-Amer reportaron en el 2014 aislados positivos en cloaca de *E. coli* y *E. vulneris*

en aves silvestres migratorias (50%) y no migratorias (72%) de las cuales, todas demostraron resistencia a algún tipo de antibiótico. Otra especie del género que se ha encontrado en aves es *E. albertii* (Oaks et al., 2010) y fue establecida como posible causa de muerte en Pardillos Sizerín (*Carduelis Flammea*) en Alaska y Escocia. Esta especie, está asociada a procesos diarreicos en humanos. Además, se ha encontrado en aves paserinas y en más abundancia, en psitácidas en Río de Janeiro, decomisadas por tráfico ilegal (Rey-Matías et al., 2016). Se ha observado que la prevalencia de *Escherichia spp.* es más alta en aves carnívoras u omnívoras que en aves granívoras (Steele et al., 2005). Debido a la poca diversidad de especies de aves, nuestro estudio presenta igual porcentaje de aislados en aves carnívoras y herbívoras.

E. fergusonii, bacteria oportunista, ha sido descrita por Shah y colaboradores en el 2022. En este estudio, se identificó esta especie bacteriana en saliva, sangre y heces de aves migratorias de familias como *Anatidae*, *Columbidae*, *Motacillidae* y *Rallidae*. La frecuencia de aislados de *E. fergusonii* (69%) fue mayor que *E. coli* (31%). La importancia del estudio de los patógenos emergentes para aves reside en su potencial zoonótico y también en la resistencia a los antibióticos que presentan. Debido a esto, muchos de los estudios enfocan su investigación en este aspecto.

El género *Proteus spp.* fue identificado en 4 (11.11%) aislados de cloaca de 3 cóndores de California (*Gymnogyps californianus*) y un 1 Búho Llanero (*Athene cunicularia*). Este género se conoce como patógenos oportunistas en humanos, pero también, se ha postulado que, *Proteus mirabilis* es parte de la

flora intestinal normal de una gran mayoría de ellos (Drzewiecka, 2016; (Różalski y Stączek, 2016). Se conoce que este género es un potencial patógeno para aves silvestres inmunosuprimidas (Godoy y Cubas, 2009). Olinda y colaboradores (2012) reportaron el hallazgo de *Proteus spp.* y *Proteus vulgaris* en exudados de infección respiratoria y pododermatitis en aves cautivas del género *Agapornis* y un pingüino de Magallanes (*Spheniscus magellanicus*). También se ha encontrado en Celulitis en pollos de engorda (Silva-Sanches et al., 2020). Abo-Amer y Shobrak reportaron 4 aislados de cloaca, resistentes a distintos antibióticos en pollos domésticos. Nuestro estudio mostró que *Proteus sp.* se encuentra en muestras cloacales de aves que no mostraron signos clínicos, por lo tanto, podría considerarse, microbiota normal de estas aves silvestres.

Otro género identificado con frecuencia en el presente estudio fue, *Enterococcus spp.* aislada de un águila pescadora (*Pandion haliaetus*), un búho llanero (*Athene cunicularia*), un Halcón cola roja (*Buteo jamaicensis*) y 2 cóndores de California (*Gymnogyps californianus*). *Enterococcus* son bacterias comensales y patógenos oportunistas en animales y humanos. *Enterococcus spp.* es capaz de desarrollar infecciones nosocomiales y adquiridas en la comunidad en humanos. Se presentan como infecciones en el tracto urinario y en regiones intraabdominales y pélvicas (Islam et al., 2021; Soulliard et al., 2022). Santos y colaboradores (2013) reportaron la presencia de este género en 138 aislados de aves silvestres del Orden *Passeriformes*, *Galliformes* y *Charadriiformes*. Las especies bacterianas encontradas fueron *E. faecium*, *E. durans*, *E. hirae* y *E. faecalis*. Esta última también reportada por Stępień-Pyśniak

y colaboradores (2018) en 25 aves silvestres con altos índices de resistencia a diversos antibióticos.

Algunos otros géneros bacterianos se aislaron solamente una vez (Cuadro 2) como *Macrococcus spp*, de Chotacabras (*Chordeiles acutipennis*). Este género está estrechamente relacionado con *Staphylococcus spp*. y ambos son descritos como comensales de animales y en algunos casos, patógenos oportunistas, aunque *Macrococcus spp*, ha sido descrito frecuentemente como avirulento en animales hospederos (Jost, et al., 2021; Mazar et al., 2018). *Macrococcus caseolyticus* ha sido reportado en huevos de Ganso careto (*Anser albifrons*) (Hansen et al., 2015) y pollos de engorda en China (Li et al., 2018), *M. canis* en piel de caninos, pero también como patógeno de numerosas infecciones (Jost, et al., 2021). Se aisló *Hafnia spp*. en un Halcón Harrys de muestra cloacal. Este bacilo Gram negativo, anaerobio facultativo, pertenece a la microbiota comensal del intestino de muchos animales. Se ha identificado a *Hafnia alvei* como parte de la degradación y deterioro de productos alimentarios como lácteos y carnes (Carrizosa et al., 2017).

En este estudio, se identificó en una muestra de vías respiratorias altas de cóndor de California (*Gymnogyps californianus*), el género *Arthrobacter*, al cual pertenecen bacterias aerobias obligadas comúnmente encontradas en la tierra, en plantas y sedimentos de aguas residuales (Gobetti y Rizello, 2014). Ha sido descrita pobremente en temas humanos y Veterinaria. Recientemente fue reportado por Longying et al., (2022) en humedales ubicados en China. También ha sido descrita en la industria del alimento, como en leche, huevos y la quesos

madurados. Específicamente, *Arthrobacter gandavensis*, es asociado con animales y fue propuesto por primera vez en el 2003 por Storms y colaboradores aislado de leche de vacas con mastitis y de su útero. Hasta 1996, Funke y colaboradores fueron de los primeros en describir este género como de importancia clínica. Se ha reportado en la orina y sangre de humano, peces y focas (Hou et al., 1998; Wauters et al., 2000; Osorio et al., 1999; Collins et al., 2002). Recientemente, Abolnik y colaboradores (2021) reportaron en Sudáfrica, la presencia de *Arthrobacter gandavensis* en avestruces de producción de aislados de tráquea, lo que concuerda con lo presentado en este estudio. Sin embargo, no existen muchos estudios relacionados a la presencia de *Arthrobacter* spp en especies de aves silvestres.

Vagococcus sp, se encontró en un solo aislado de coana en una Lechuza de campanario (*Tyto alba*). Este género ha sido descrito ampliamente como flora normal de intestino de aves, peces, y mamíferos. Giannattasio-Ferraz y colaboradores (2021), describieron la presencia de este género en vacas sanas. Ge y colaboradores (2020) reportaron *Vagococcus* spp en gorriones de Taczanowski (*Montifringilla taczanowskii*) pero a diferencia de nuestro estudio, estos fueron en muestras cloacales.

Algunos otros géneros encontrados una sola vez en muestras de coana fueron *Psychrobacter pulmonis* en Lechuza campanario (*Tyto alba*) y *Enterobacter Ludwigii* en Cóndor de California (*Gymnogys californianus*) (Figura 3). El género *Psychrobacter* spp, son bacterias psicrófilas obligadas o facultativas, comúnmente asociadas a la Antártica y áreas marinas (Juni y Heym,

1986; Bowman et al., 1997), ha sido aislado en Pingüinos Juanito (*Pygoscelin papua*) (Kämpfer et al., 2020) y Cigüeña blanca (*Ciconia ciconia*) (Kämpfer et al., 2015). También, se pudo aislar *Lysinibacillus* sp de cloaca de un cóndor de California. Existe poca información sobre este género, pero ha sido aislado en heridas en humanos.

Psychrobacter spp han sido reportados por Kumari y colaboradores (2021), en casos de meningitis por *Psychrobacter piechaudii*, siendo la primera vez que se aísla esta especie en humanos. Por último, en este estudio reportamos el hallazgo del género *Enterobacter* sp en coana de un Cóndor de California. Este género puede provocar enfermedades como bacteremias, infecciones del tracto respiratorio bajo, piel y tejidos blandos. Son patógenos comunes en infecciones nosocomiales en humanos (Nazarowec-White and Farber, 1997). Grimont y Grimont (2006) describen al género como patógenos oportunistas, que forman parte de la microbiota normal de muchos animales y humanos. Se ha reportado una prevalencia del 48.57% en muestras cloacales en pinzones de Darwin (*Geospiza spp*) (López-Fiallos, 2021).

Se obtuvieron 18 aislados de coana y 18 de cloaca (Figura 3). De las muestras de cloaca, el género con mayor abundancia relativa fue *Escherichia* sp. con 27.77% (5). De acuerdo con la literatura revisada, *Escherichia coli* es una de las especies bacterianas más abundantes en la flora intestinal de las aves silvestres, similar a los resultados obtenidos en el presente estudio. Resultados similares fueron reportados por Vargas y colaboradores en el 2010, quienes determinaron una prevalencia de 55.6% de *E.coli* en 30 aves silvestres. Se debe

destacar que los tamaños de muestra son diferentes pero que las muestras igualmente son de cloaca. Además, todas las aves de su estudio están en cautiverio a diferencia de las del presente.

El género más aislado de muestras de coana fue *Staphylococcus sp* con un 33.33% (6), lo que concuerda con la presencia de este género en vías respiratorias altas, pero difiere en la prevalencia de Vargas et al. (2010), la cual fue de 14.81% para ellos. Seguido, encontramos *Escherichia spp.* A diferencia de Vargas y colaboradores (2010) que obtuvieron un 18.51%, y de nuestro estudio, los resultados fueron 27.77%. Una de las mayores discrepancias entre estos dos estudios es la detección de *Klebsiella pneumoniae*, la cual no fue detectada en la presente investigación, pero presenta un gran riesgo zoonótico. Esto puede deberse a la utilización de diferentes técnicas de cultivo, el tamaño de muestra y las aves incluidas en el estudio. En otro estudio, Kursá y colaboradores (2021), reportaron la microbiota de tracto respiratorio de pavos, donde identificaron *Enterococcus* (38.78±35.1%), *Lactobacillus* (12.48±13.21%),

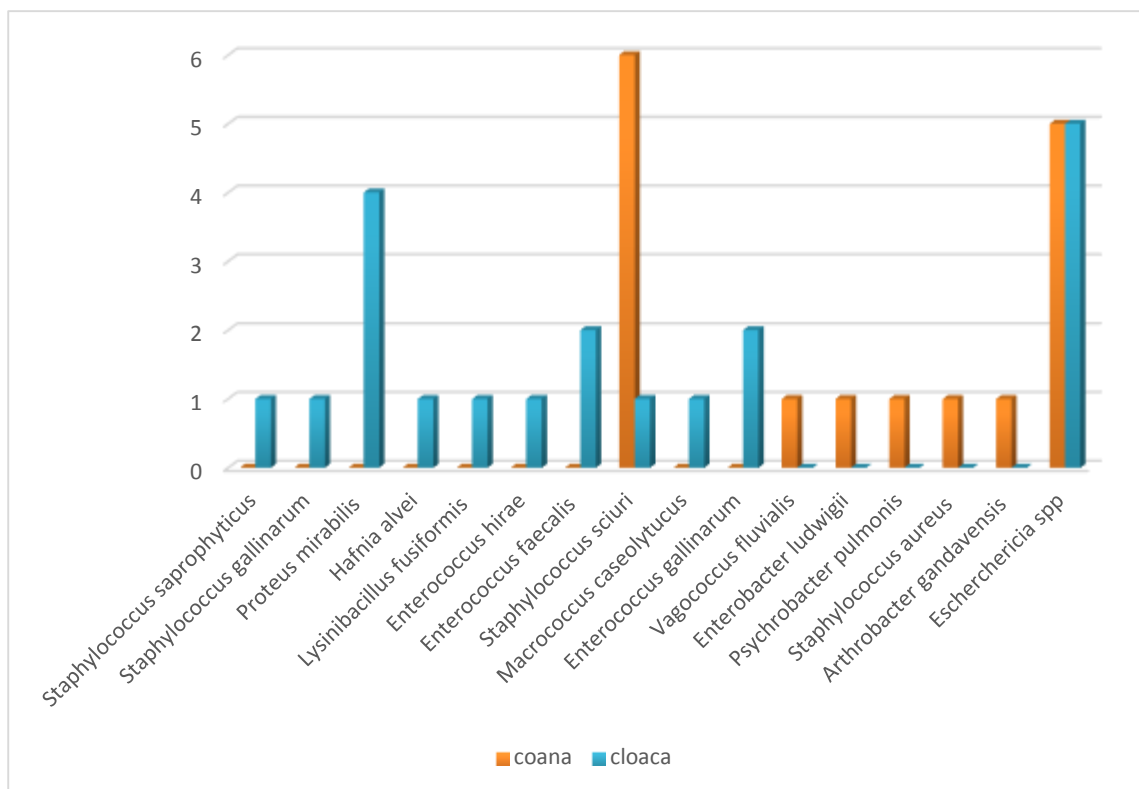


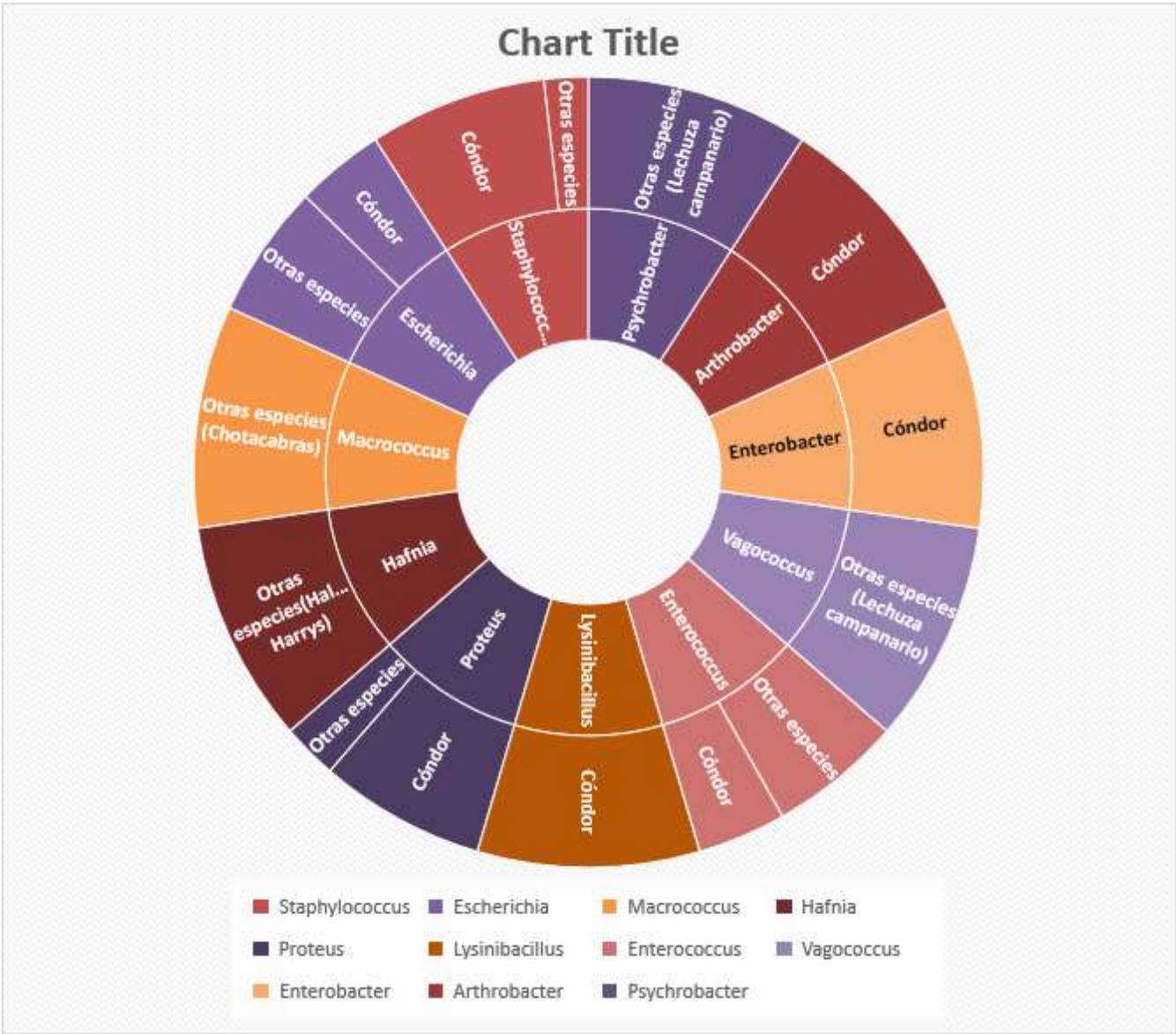
Figura 3. Abundancia relativa de especies bacterianas en coana o cloaca en las aves muestreadas.

Escherichia-Shigella ($12.04 \pm 11.72\%$), *Pseudomonas spp.* ($1.27 \pm 3.44\%$) y *Enterobacteriaceae* sin clasificar ($0.93 \pm 2.5\%$). Se encuentran similitudes entre las bacterias encontradas en este estudio y el realizado en pavos. En este estudio se encontraron en coana *Enterococcus spp* (13.89%), *Arthrobacter spp* (2.78%), *Psychrobacter* (2.78%) y *Vagococcus spp* (2.78%), además de las antes mencionadas, lo que muestra similitudes entre las bacterias reportadas en estudios previos.

Es bien sabido que, la microbiota dependerá de la alimentación. En las aves silvestres, las preferencias ambientales, fisiología y su historia de vida como su comportamiento migratorio, apareamiento, comportamiento, dieta, longevidad varían ampliamente entre ellas y entre las aves domésticas. Esto afecta directamente su microbiota. Para ejemplificar lo anterior, tenemos las aves migratorias, cuya microbiota puede ser más variada que la de aves residentes debido a los cambios y estrés por el cual pasan estas aves. También, los diferentes tipos de dieta pueden tener diferentes requisitos digestivos y comunidades microbianas especializadas que ayuden con la degradación (Grond et al., 2018). La estabilidad de la microbiota del tracto respiratorio, tiene un papel importante en la prevención de la colonización de patógenos. Las infecciones bacterianas suelen llevar a una patología secundaria como viral o bacteriana, lo que lleva a una mayor morbilidad y mortalidad en las especies (Kleven, 1998).

Se hizo una comparación entre los géneros bacterianos identificados en los cóndores de California y otras especies (Figura 4), encontrando que algunos géneros sólo se encontraron en cóndor de California. El género identificado con mayor frecuencia fue *Staphylococcus* spp. con 40%. Algunos otros géneros identificados con relativa frecuencia fueron *Escherichia* spp (20%), *Proteus* spp (15%) y *Enterococcus* spp (10%) y *Lysinibacillus* spp. Algunos otros géneros fueron aislados solamente una vez y solo en cóndor de

Figura 4. Comparación de géneros bacterianos entre cóndores de California y



otras especies.

California, como *Lysinibacillus* sp y *Arthrobacter* sp. En el 2018, Jacobs y colaboradores, realizaron un estudio de la microbiota intestinal a a partir de heces y cloaca de Cóndores de California (*Gymnogyps californianus*) donde se reportó

la presencia de especies bacterianas tanto virulentas como patógenas oportunistas incluidos *Clostridium perfringens*, *Propionibacterium acnes*, *Shigella flexneri*, *Deftia* sp. y *Fusobacterium mortiferum*, las cuales presentaron mayor prevalencia, lo que difiere de nuestro estudio. También fueron identificados los géneros *Staphylococcus* spp, *Enterococcus* spp y *Escherichia* sp, lo que concuerda con lo encontrado en nuestro estudio. La principal diferencia que se presentan son que su estudio presentó mayor prevalencia en *Clostridium* spp, y *Shigella* spp y que fue utilizada la secuenciación metagenómica de ADN en escopeta, lo que permite un mayor rango de identificación. En otro estudio realizado por Roggenbuck et al. (2014) en buitres, coincide con lo reportado por Jacobs y colaboradores (2018).

Por otro lado, otros géneros reportados solamente en una especie de ave fueron *Lysinibacillus* spp. En un estudio realizado por Hardy y colaboradores en el 2021, se reportó la presencia de *Lysinibacillus sphaericus* y *Lysinibacillus xylanolyticus* en aves paseriformes de vida silvestre. También reportaron, bacterias del género *Arthrobacter*, y *Enterobacter* y, en mayor porcentaje, *Bacillus* spp. *Macroccoccus* spp, *Hafnia* spp, *Vagococcus* y *Psycobacter pulmonis*. Gao y colaboradores reportaron (2021), la presencia de *Psycobacter*, *Enterococcus*, *Atrhobacter* en aves silvestres de un Santuario de animales en China.

CONCLUSIÓN

Las aves silvestres son de gran importancia ecológica para los ecosistemas donde viven, pero también tienen gran importancia económica y de salud pública. La pérdida de hábitat las obliga a buscar otras áreas para sobrevivir por lo que la interacción humano-aves silvestres es cada vez más constante. Este estudio demuestra que existen bacterias con potencial zoonótico en aves silvestres que mantienen contacto con humanos, ya sea personal que trabaja con ellas directamente o población en general. Si bien es cierto que las especies bacterianas encontradas son en su mayoría patógenos oportunistas, el riesgo tanto para la salud de estas aves como para la población existe, por lo que el personal en contacto directo debe tomar las medidas de prevención necesarias y, en su caso, el personal calificado tratar los animales enfermos para poderlos regresar a la vida silvestre.

LITERATURA CITADA

- Abolnik, C., C. Strydom, D. Landman y R. Pieterse. 2021. Identification of bacteria in the tracheal swabs of farmed ostriches and their effect on the viability of influenza A virus. *J Vet Diagn Invest.* 33(6): 1089-1095.
- Anderson, R.M. y R.M. Ray. 1979. Population biology of infectious diseases. *Nature*, 280. 361-367.
- Arguelles, J.C. 2008. Los microbios y el premio Nobel de medicina en 1908 (Ehrlich y Mechnikov). *Anales de Biología* 30: 65-71.
- Arizmendi-Arriaga M.C., I. Martínez. 2012. Guía de aves comunes de la región de la Cañada, Oaxaca, México. Disponible en: http://www.conabio.gob.mx/institucion/proyectos/resultados/HQ008_Anexo_2.pdf
f. Fecha de acceso: 24 de Octubre.
- Bangert, R.L., B.R. Cho, P.R. Widders, E.H. Stauber y A.C. Ward. 1988. A survey of anaerobic bacteria and fungi in the feces of healthy psittacine birds. *Avian Dis* 32: 46-52.
- Barrenechea, G.G., D. Villarreal, R. Casero. 2008. Parásitos gastrointestinales de animales silvestres en cautiverio como focos potenciales de zoonosis. III Congreso Latinoamericano de Zoonosis. VI Congreso Argentino de Zoonosis. Buenos Aires, Argentina. Pág. 38-46.

- BirdLife International. 2017. El estado de conservación de las aves del mundo: tomando el pulso de nuestro planeta. BirdLife International. Cambridge, Reino Unido. P.8-7.
- Berlanga, H. 2001. Conservación de las Aves de América del Norte. CONABIO. Biodiversitas 38:1-8.
- Benavides, J. K. Martínez, D. Orjuela, P. Santacruz. 2003. Parásitos gastrointestinales en las aves de la familia Psittacidae en la Fundación Zoológica de Cali. Med. Vet. 20:67-72.
- Bratu, S. D. Landrman, R. Haag, R. Recco, A. ERamo, M. Alam. 2005. Rapid spread of carbapenem-resistant *Klebsiella pneumoniae* in New York City: A new threat to our antibiotic armamentarium. Arch. Intern Med. 165:1430-1435.
- Brober, C.A., M. Palacios y V.L. Miller. 2014. *Klebsiella*: a long way to go towards understanding this enigmatic jet-setter. F1000Prime Rep. 6: 64.
- Broman, T. H. Palmgren, S. Bergstrom, M. Sellin, J. Waldenstrom, M.L. Danielsson-Tham and B. Olsen. 2002. *Campylobacter jejuni* in blackheaded gulls (*Larus ridibundus*): prevalence, genotypes and influence on *C. jejuni* epidemiology. J Clin Microbiol, 40(12): 4594-602.
- Bowman J.P., S.A. McCammon, M.V. Brown, D.S. Nichols y T.A. McMeekin. 1997. Diversity and association of psychrophilic bacteria in antarctic sea ice. *Appl Environ Microbiol*, 63:3068–3078.

- Buzato, S., M. Sazima y I. Sazima. 2000. Hummingbirdpollinated floras at three atlantic forest sites. *Biotropica* 32:824-841.
- Cantú-Guzmán, J.C., M.E. Sánchez-Saldaña, M. Grosselet y J. Silva-Gámez. 2007. Tráfico ilegal de pericos en México: Una evaluación detallada. *Defenders of Wildlife*. Washington, D.C. p.1-21.
- Cantú, J.C., E.G. De la Puente-Orozco, G.M. González y M.E. Sánchez. 2020. Riqueza alada: El crecimiento del aviturismo en México. *Defenders of Wildlife*, UABCS, ENESUM, Teyeliz, A.C. 4-13.
- Collins, M. D., L. Hoyles, G. Foster, E. Falsen y N. Weiss. 2002. *Arthrobacter nasiphocae* sp. nov., from the common seal (*Phoca vitulina*). *Int J Syst Evol Microbiol* 52: 569–571.
- Chuchipe-Ramírez, P.G. 2021. Guías de aves de la parroquia de Zumbahua. Tesis. Universidad Técnica de Cotopaxi. Pág. 6.
- Del Olmo, G. 2007. Aves comunes de la Ciudad de México. Bruja de Monte. 2da edición. Ciudad de México. Pág 16.
- De la Cruz, R. E. y E.Peters. 2007. La reintroducción del cóndor de California en la Sierra de San Pedro Mártir, Baja California. *Gaceta ecológica* 82: 55-67.
- Disponible: <file:///C:/Users/amore/Downloads/Dialnet->

[LaReintroduccionDelCondorDeCaliforniaEnLaSierraDeS-2875611.pdf](#).

Accesado: 08 de junio de 2022.

De la Fuente R. A., M. Quintero, O.R. García. 2009. La ciudad de Mexicali. Disponible: https://www.cyd.conacyt.gob.mx/archivo/237/Articulos/Cuando_el_calor/Cuando_el_calor_3.html. Accesado: 20 de abril de 2022.

Diario Oficial de la Federación (DOF). 2018. Diario Oficial de la Federación Ley General de Vida Silvestre. Disponible en: http://www.diputados.gob.mx/LeyesBiblio/pdf/146_190118.pdf. Accesado: 21 de octubre de 2020.

Dickx, V., T. Geens, T. Deschuyffeleer, L. Tyberghien, T. Harkinezhad, D. S. Beeckman, L. Braeckman y D. Vanrompay. 2010. *Chlamydophila psittaci* zoonotic risk assessment in a chicken and turkey slaughterhouse. J. Clin. Microbiol. 48(9): 3244–3250.

Dunkley, K. D., T. R. Callaway, V. I. Chalova, J. L. McReynolds, M. E. Hume, C. S. Dunkley, L. F. Kubena, D. J. Nisbet, and S. C. Ricke. 2009. Foodborne Salmonella ecology in the avian gastrointestinal tract. Anaerobe 15:26-35.

Dvorska, L., L. Matlova, W.Y. Ayele, O.A. Fischer, T. Amemori, R.T Weston, J. Alvarez, V. Beran, M. Moravkova y I. Pavlik. 2006. Avian Tuberculosis in naturally infected captive waterbirds of the Ardeideae and Threskionithidae families and virulence for poultry. Veterinary Microbiology, 119: 366-374.

- Ejidokun OO, Walsh A, Barnett J, Hope Y, Ellis S, Sharp MW, et al. Human Vero cytotoxigenic *Escherichia coli* (VTEC) O157 infection linked to birds. *Epidemiol Infect* 2006;134: 421e3
- Escalante, P., A. G. Navarro y A. T. Peterson. 1998. Un análisis geográfico, ecológico e histórico de la diversidad de aves terrestres de México. *Diversidad biológica de México*. UNAM, México, D. F. p. 279-304.
- Estrada-Cely, G.E., D. Silva-Sabi y E.M. Chávez-Ramos. 2015. Estudio de *Salmonella* en Psitácidos en cautiverio. *Fagropec*, 7(2): 73-76.
- Ezenwa, V.O. N.M. Gerardo, D.W. Inouye, M. Medina y J.B. Xavier. 2012. Animal Behavior and the microbiome. *Science* 338: 198-199.
- Farrel, D., Ventura da Silva, M., Glatz, P., Pym, R., Williams, C., Ravindran, V., ... 56 Nicol, C. 2013. Revisión del desarrollo avícola. Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura “FAO”, 136. Recuperado a partir de <http://www.fao.org/docrep/019/i3531s/i3531s.pdf>
- Fica, A., M. Alexandre, S. Prat, A. Fernandez, J. Fernandez, and I. Heitmann. 2001. Changes in epidemiological patterns of salmonellosis in Chile. Since *Salmonella typhi* to *Salmonella enteritidis*. *Rev Chil Infectol* 18:85-93.
- Finkelstein, M.E., D.F. Doak, D.George, J. Burnett, J. Brandt, M. Church, J. Grantham and D.R. Smith. 2012. Lead poisoning and the deceptive recovery of the critically endangered California condor. *PNAS* 109 (28): 11449-11454.

- Frutos, M. C. 2015. Eco epidemiología de *Chlamydia psittaci*, *C. pneumoniae* y *C. pecorum*: Impacto en la salud pública. Tesis de Doctorado. Facultad de Ciencias Médicas. Universidad Nacional de Córdoba. p. 26-27.
- Funke, G., R.A. Hutson, K.A. Bernard, G.E. Pfyffer, G. Wauters y M.D. Collins. 1996. Isolation of *Arthrobacter* spp. from clinical specimens and description of *Arthrobacter cumminsii* sp. nov. and *Arthrobacter woluwensis* sp. nov. *J Clin Microbiol* 34: 2356–2363.
- Fuk-Woo Chan, J., K. Kai-Wan To, H. Chen y K.-Y. Yuen. 2015. Cross-species transmission and emergence of novel viruses from birds. *Science Direct Current Opinion in Virology* 2015 (10):63–69.
- Gamino, V., U. Höfle. 2013. Pathology and tissue tropism of natural West Nile virus infection in birds: A review. *Vet. Res.* 44(1):39.
- Gao, L., L. Liu, C. Du y Q. Hou. 2021. Comparative Analysis of Fecal Bacterial Microbiota of Six Bird Species. *Front Vet Sci*, 8.
- García-Moreno, J., R.P. Clay y C.A. Ríos-Muñoz. 2007. The importance of birds for conservation in the Neotropical region. *J Ornithol* 148, 321–326.
- Garza-Almanza, V. 2008. Tráfico ilegal de vida silvestre y educación ambiental. *Culcyt* 5(27): 5-12.
- Ge, Y., J. Yang, X.H. Lai, G. Zhang, D. Jin, S. Lu, B. Wang, Y. Huang, Y. Huang, Z. Ren, X. Zhang y J. Xu. *Vagococcus xieshaowenii* sp. nov., isolated from snow finch

- (*Montifringilla taczanowskii*) cloacal content. Int J Syst Evol Microbiol. 70(4): 2493-2498.
- Giannattasio-Ferraz, S., A. Ene, L. Maskeri, A.P. Oliveira, E. F. Barbosa-Stancioli y C. Putonti. *Vagococcus fluvialis* isolation and sequencing from urine of healthy cattle. G2 (Bethesda) 11(1).
- Gibbs, P. S., R. Kasa, J. L. Newbrey, S.R. Petermann, R. E. Wooley, H. M. Vinson y W. Reed. 2007. Identification, Antimicrobial Resistance Profiles, and Virulence of Members from the Family *Enterobacteriaceae* from the Feces of Yellow-Headed Blackbirds (*Xanthocephalus xanthocephalus*) in North Dakota. Avian Diseases. 51(3):649-655.
- Grimont, F. y P. Grimont. 2006. The Genus *Enterobacter*. In Prokaryotes. Springer-Verlag 6(1):197–214.
- Gobetti, M., C.G. Rizello. 2014. *Arthrobacter* In: Enciclopedia of Food Microbiology. 2da Ed. Pag. 69-76.
- Gopee, N.V., A.A. Adesiyun y K. Caesar. 2000. A longitudinal study of *Escherichia coli* strains isolated from captive mammals, birds and reptiles in Trinidad. J Zoo Wildl Med. 31: 353-360.
- Grond, K., B.K. Sandercockm, A. Jumpponen y L.H. Zeglin. 2018. The avian gut microbiota: community, physiology and function in wild birds. Journal of Avian Biology. Disponible: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/epdf/10.1111/jav.01788>.
Accesado: 15 de junio de 2022

- Guamer, F. 2007. Role of intestinal flora in health and disease. *Nutr. Hosp.* 2:14-9.
- Guisheng, & Yanying. 2012. Veterinary medicine *Mycoplasma Gallisepticum* infection spray against experimental *Mycoplasma Gallisepticum* infection. *Agricultural Science and Technology*, 2577-2580.
- Gylfe, A., B. Olsen, D. Straševičius, N. M. Ras, P. Weihe, L. Noppa, Y. Östberg, G. Baranton, S. Bergström. 2000. Isolation of Lyme Disease *Borrelia* from Puffins (*Fratercula arctica*) and Seabird Ticks (*Ixodes uriae*) on the Faeroe Islands. *J Clin Microbiol.* 37(4): 890–896.
- Hacker, J y G. Blum-Oehler. 2007. In appreciation of Theodor Escherich. *Nature* (5): 902.
- Hardy, S. 2021. Aislamiento e identificación molecular de bacterias de la microbiota intestinal en aves silvestres de la región Delta del Río Colorado, Baja California, México. Tesis. Universidad Autónoma de Baja California. Baja California, México.
- Hermans, K., L.A. Devriese, P. De Herdt, C. Godard & F. Haesebrouck. 2000. *Staphylococcus aureus* infections in psittacine birds. *Avian Pathology*, 29(5): 411-415.
- Hou, X.G., Y. Kawamura, F. Sultana, S. Shu, K. Hirose, K. Goto y T. Ezaki. 1998. Description of *Arthrobacter creatinolyticus* sp. nov., isolated from human urine. *Int J Syst Bacteriol* 48:423–429.

- Hubálek, Z. 2004. An annotated checklist of pathogenic microorganisms associated with migratory birds. *Journal of Wildlife Diseases*. 40(4): 639–659.
- . International Police (Interpol). 2008. Environmental crime: Wildlife. Disponible: <http://www.interpol.int/Public/EnvironmentalCrime/Wildlife/Default.asp>. Fecha de acceso: diciembre 2021.
- Izquierdo, L. L. 2003. Biosíntesis del lipopolisacárido de *Klebsiella Pneumoniae*. Universidad de Barcelona Facultad de Biología Departamento de Microbiología. Barcelona, España.
- Jost, G., S. Schwendener, N. Liassine y V. Perreten. 2021. Methicillin-resistant *Macrococcus canis* in a human wound. *Infection, Genetics and Evolution*, vol. 96.
- Jourdain, E., M. Gauthier-Clerc, D. Bocout y P. Sabatier. 2007. Bird migration routes and risk for pathogen dispersion into western Mediterranean wetlands. *Emerg. Infect. Dis.* 13:365.372.
- Juni, E. y G.A. Heym. 1986. *Psychrobacter immobilis* gen. nov., sp. nov.: genospecies composed of Gram-negative, aerobic, oxidase-positive coccobacilli. *Int J Syst Bacteriol* 1986, 36:388–391.
- Jetz, W. G. H. Thomas, J. B. Joy, K. Hartmann, A.O. Mooers. 2012. The global diversity of birds in space and time. *Nature*, 491: 444.
- Kaleta A. y E.M.A. Taday. 2003. Avian host range of *Chlamydophila* spp. based on isolation, antigen detection and serology. *Avian Pathology* 32: 435–462.

- Kapperud G, Stenwig H, Lassen J. Epidemiology of Salmonella typhimurium O:4-12 infection in Norway: evidence of transmission from an avian wildlife reservoir. Am J Epidemiol 1998;147:774e82.
- Kleven, S.H. 1998. Mycoplasmas in the etiology of multifactorial respiratory disease. Poult. Sci. 77: 1146–1149.
- Kohl, K.D. 2012. Diversity and function of the avian gut microbiota. J Com Physiol B-Biochem Syst Environ Physiol. 182: 591-602.
- Kursa, O., G. Tomczyk, A. Sawicka-Durkalec, A. Giza y M. Slomiany-Szwarc. 2021. Bacterial communities of the upper respiratory tract of turkeys. Sci Rep. 11(1): 2544
- Ladeau, S.L. A.M. Kilpatrick y P.P. Marra. 2007. West Nile Virus emergence and large-scale declines of North American bird population. Nature, 44:710-714.
- Lagae, S., I. Kalmar, K. Laroucau, F. Vorimore, D. Vanrompay. 2014. Emerging Chlamydia psittaci infections in chickens and examination of transmission to humans. J. Med. 63: 399–407.
- Leal, A., J. Schmalbach, C. Álvarez, G. Buitrago, Méndez M, Grebo. Canales endémicos y marcadores de resistencia bacteriana, en instituciones de tercer nivel de Bogotá, Colombia. Rev Salud Pública. 8: 59-70.

- Li, G., X. Du, D. Zhou, C. Li, L. Huang, Q. Zheng y Z. Cheng. 2018. Emergence of pathogenic and multiple-antibiotic-resistant *Macrococcus caseolyticus* in commercial broiler chickens. *Transbound Emerg Dis.* 65: 1605-1614.
- López-Díaz, O. 2011. Presencia de *Salmonella, sp.* y *Campylobacter, sp.* en aves de la colección del Zoológico de Chapultepec "Alfonso L. Herrera". Tesis. Universidad Autónoma Metropolitana. pág. 25-31.
- López-Vargas, S.D., L.M. Echeverri-Toro. 2010. *K. pneumoniae*: ¿la nueva "superbacteria"? Patogenicidad, epidemiología y mecanismos de resistencia. *IATREIA* 23(2): 157-65.
- Longyang, W., L. Fangqing, Y. Jun, D. Bo y D. Chaohao. Microbial diversity in the wetland birds of Sichuan Province. *Chin J Appl Environ Biol*, 28(1): 201-207.
- López-Fiallos, V.F. Identificación de *Enterobacter spp.* BLEE en pinzones terrestres de Darwin (*Geospiza spp.*) de la isla Santa Cruz, Galápagos. Universidad Central del Ecuador. Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia. Tesis. pág. 4-30.
- Lozada-Mendoza, P.L. 2018. Ensamblaje del genoma y análisis de la anotación funcional de *Klebsiella sp.*, para identificar los genes que le confieren actividad anticoccidiana. Tesis. Universidad Autónoma del Estado de Morelos.
- Madrigal, A. 2004. Migración e inmigración de las especies. *Trop J Environ Sci.* 28(1):3-12.

- Mattes, B.R., S.A.S. Consigli., B.Z. Almeida, M.C. Guido, R.B. Orsi, R.M. Silva, A. Costa, A.J.P. Ferreira & T. Knöbl. (2005). Influência da biossegurança na colonização intestinal por *Escherichia coli* em psitacídeos. *Arquivos do Instituto Biológico*, 72, 13–16.
- Mazhar, S. C. Hill y O. McAuliffe. 2018. Chapter One- The Genus *Macrococcus*: An Insight Into its Biology, evolution, and relationship with *Staphylococcus*. *Advances in Applied Microbiology*, 105: 1-50
- Meretsky, V.J. N.F.R. Synder, S.R. Beissinger, D.A. Clendenen y J. W. Wiley. 1999. Demography of the California Condor: Implications for Reestablishment. *Conservation Biology* 14(4): 957-967.
- Monsalve, S., J. Miranda y S. Mattar. 2011. Primera evidencia de circulación de *Chlamydophila psittaci* en Colombia: posible riesgo de salud pública. *Rev. Salud Pública*. 13(2): 314-326.
- Navarro-Singüenza A.G. A. T. Peterson, M.A. Puig-Samper Mulero y G. Zamudio. 2007. The Ornithology of the Real Expedición Botánica a Nueva España (1787-1803): an Anaysis of the Manuscripts of José Mariano Monciño. *The Condor* 109(4): 808-823. Accesado: 30 de Agosto de 2021.
- Navarro-Sigüenza, A., G., M. F. Rebón-Gallardo, A. Gordillo-Martínez, A. Townsend Peterson, H. Berlanga-García y L. A. Sánchez González. 2014. Biodiversidad de aves en México. *Revista Mexicana de Biodiversidad*. 85: 476-495.

- Navarro, A.G. 1994. La sistemática ornitológica en México: posibilidades y limitaciones. In *Taxonomía Biológica*, J. Llorente e I. Luna (comps.). Ediciones Científicas Universitarias, UNAM-Fondo de Cultura Económica, México. p. 471-483
- Nazarowec-White, M. y J.M. Farber. 1997. Phenotypic and genotypic typing of food and clinical isolates of *Enterobacter sakazakii*. *J Med Microbiol.* 48: 559– 67.
- Nuttall, P.A. 1997. Viruses, bacteria and fungi of birds In: *Host Parasite Evolution; General Principles and Avian Models*. Oxford University Press, New York. págs. 271-302.
- Olinda, R.G., M.C.A. Souza, J.N. Figueiredo, J.M.C. Silva, N.D. Alves, F.S.B. Bezerra y F.M.C. Feijó. 2012. Diagnosis of *Proteus spp.* in wild Birds raised under captivity in Río Grande Do Norte, Brazil. *Arq. Inst. Biol.*, 79(2): 301-303.
- Olsen, B., V.J. Munster, A. Wallensten, J. Waldenström, A. D.M.E Osterhaus, R.A.M. Foychier. 2006. Global patterns of influenza A virus in wild birds. *Science.* 312(5772):384-8
- Origilia J., M. Cadario, M. Frutos, N. López, S. Corva, M. Unzaga, M. Piscopo, C Cuffini y M. Petruccelli. 20018 Detection and molecula characterization of *Chlamydia psittaci* and *Chlamydia abortus* in psittacine pet birds in Buenos Aires province, Argentina. *Revista Argentina de Microbiología*, 51(2):130-135.
- Ortíz-Pulido, R. 2018. ¿Qué especies de aves están en riesgo en México? *Huitzil, Rev. Mex. Ornitol.* 19(2): 237-272.

Osorio, J. y L.F. Molina. 2009. A vuelo de pájaro. Revista nodo, 7(4): 47-58. Disponible: <http://186.28.225.70/index.php/nodo/article/view/376/624>.

Osorio, C. R., J.L. Barja, R.A. Hutson, M.D. Collins. 1999. *Arthrobacter rhombi* sp. nov., isolated from Greenland halibut (*Reinhardtius hippoglossoides*). Int J Syst Bacteriol 49: 1217–1220.

O’Sullivan, J. D. Bolton, D. Duffy, C. Baylis, R. Tozzoli, W. Wasteson y S. Lofdahl. 2007. Methods for Detection and Molecular Characterisation of Pathogenic *Escherichia coli*. Asthon Food Research Centre. Dublín, Irlanda. 34 p.

Patrick, M. E., P. M. Adcock, T. M. Gomez, S. F. Altekuse, B. H. Holland, R. V. Tauxe, and D. L. Swerdlow. 2004. *Salmonella enteritidis* infections, United States, 1985-1999. Emerg Infect Dis 10:1-7

Pickering, L.K., N. Marano, J. A. Bocchini, F.J. Angulo. 2008. Exposure to nontraditional pets at home and to animals in public settings: risks to children. Pediatrics, 122 (4):876-86.

Procuraduría Federal de Protección al Ambiente (PROFEPA). 2013. Tráfico Ilegal de Vida Silvestre. Disponible: <https://biblioteca.semarnat.gob.mx/janium/Documentos/Ciga/Libros2013/CD001601.pdf>. Accesado: 30 de noviembre de 2021.

Reuter, A. y P. Mosig. 2010. Comercio y aprovechamiento de especies silvestres en México: observaciones sobre la gestión, tendencias y retos relacionados. WWF, TRAFFIC. Disponible: <https://www.traffic.org/site/assets/files/10139/comercio-y->

[aprovechamiento-de-especies-silvestres-en-mexico.pdf](#). Fecha de acceso: 20 de mayo de 2022.

Rey-Matías, C.A., I.A. Pereira, E.M. Falavina dos Reis, D. Dos Prazeres-Rodrigues y S. Siliciano. 2016. Frequency of zoonotic bacteria among illegally traded wild birds in Rio de Janeiro. Braz J Microbiol. 4: 882-888.

Rhyan, J.C. y T.R. Spraker. 2007. Emergence of diseases from wildlife reservoirs. Veterinary Pathology 47(1): 34-39.

Roggenbuck, M., S. I. Baerholm, N. Blom, J. Baelum, M.F. Bertelsen, T. Sicheritz-Pontén. 2014. The microbiome of New World vultures. Nature Comm 5:5498

Salman, M., D., K. D. C. Stärk y C. Zepeda. 2003. Quality assurance applied to animal disease surveillance systems. Rev. Sci. Tech. Off. Int. Epiz. (2):689-696.

Shah, A., S. Alam, M. Kabir, S. Fazal, A. Khyrshid, A. Iqbal, M. M. Khan, W. Khan, A. Qayyum, M. Hussain, A. E. Askary, A. F. Gharib, B. H. Elesawy y Y. Bibi. 2022. Migratory birds as the vehicle of transmission of multi drug resistant extended spectrum beta lactamase producing *Escherichia fergusonii*, an emerging zoonotic pathogen. Saudi J of Biol Sci. 29: 3167-3176.

Sachse, K., K. Laroucau, K. Riege, S. Wehner, M. Dilcher, H.H. Creasy, M. Weidmann, G. Myers, F. Vorimore, N. Vicari, S. Magnino, E. Liebler-tenorio, A. Ruettger, P.M. Bavoil, F.T. Hufert, R. Rosselló-Móra y M. Marz. 2014. Evidence for the existence of two new members of the family Chlamydiaceae and proposal of *Chlamydia avium* sp and *Chlamydia gallinacea* sp. Nov. Syst. Appl. Microbiol. (3): 3779–88.

Savage, D.C. 2001. Microbial Biota of the Human Intestine: A Tribute to Some Pioneering Scientists. Curr. Issues Intest. Microbiol 2: 1–15.

Secretaría de Medio Ambiente y Recursos Naturales (SEMARNAT). 2012. Programa de Acción para la Conservación de la Especie: Cóndor de California (*Gymnogyps californianus*). Pág. 8-80. Disponible: https://www.gob.mx/cms/uploads/attachment/file/511227/PACE_C_de_California_2012.pdf. Fecha de acceso: 09 de junio de 2022.

Silva-Sanches, M., A.A. Sampaio-Baptista, M. de Souza, M. F. Menck-Costa, L. Justino, E.K. Nishio, A. Oba, A. P. F. Rodrigues-Loureiro Bracarense y S.P.D. Rocha. 2020. *Proteus mirabilis* causing cellulitis in broiler chicken. Braz. J of Microbiol. 51: 1353-1362.

Shobrak, M. Y. y A.E. Abo-Amer. 2014. Role of wild birds as carriers of multi-drug resistant *Escherichia coli* and *Escherichia vulneris*. Braz. J. Microbiol. 45(4):1199-1209.

Simoons-Smit, A., Verweij-van Vught A, McLaren D. The role of K antigens as virulence factors in *Klebsiella*. J Clin Microbiol 1986; 21: 133-137.

Smith, K.F., D.F. Sax y K.D. Lafferty. 2006. Evidence for the role of infectious disease in species extinction and endangerment. Conserv Biol, 20: 1349-57.

Sosa-Escalante, J. E. 2011. Aplicación de la Ley para el Combate del Tráfico Ilegal de Vida Silvestre en México: El caso de Charco Cercado. *Therya* 2(3):245-262.

- Zimmerman, M. E. 2003. The black market for wildlife: combating transnational organized crime in the illegal wildlife trade. En: Vanderbilt Journal of Transnational Law, 36: 1657-1689 pp.
- Soto Piñero, C.J. y E. Bert. 2012. Valoración sanitaria de los criaderos de aves ornamentales. REDVET. 13(7): 1-35.
- Steele, C.M., R.N. Brown y R.G. Botzler. 2005. Prevalence of zoonotic bacteria among seabirds in rehabilitation centers along the pacific coast of California and Washington, USA. J. Wildl. Dis, 41: 235-244.
- The Center of Food Security and Public Health (CFSPH). 2010. Enfermedades emergentes y exóticas en los animales. Ed. College of Veterinary Medicine. 1era ed. Ames, Iowa. p. 12.
- The Center of Food Security and Public Health (CFSPH). 2011. Enfermedades Aviares Exóticas. Disponible: <http://www.cfsph.iastate.edu/pdf-library/Acreditacion-Veterinaria/NVAP-Mod-06-Aviares-Exoticas.pdf>. Fecha de Acceso: 29 de Abril de 2020.
- Vanrompay D. 2013. Avian Chlamydiosis. In: Diseases of Poultry. Swayne D., J.R. Glisson, L.R. McDougald, L.K. Nolan, D.L. Suarez y V.L. Nair, ed. Wiley-Blackwell Publishing, New Jersey, USA.
- Weisbrod AR, Johnson RC. Lyme disease and migrating birds in the Saint Croix River Valley. Appl Environ Microbiol 1989;55: 1921e4

White, J., P. Mirleau, E. Danchin, H. Mulard, S.A. Hatch, P. Heeb y R.H. Wagner. 2010. Sexually transmitted bacteria affect female cloacal assemblages in a wild bird. *Eco Lett* 13: 314-321.

Nascimento, D.C., C.R. Paula, L.S. Ruiz, C. Domaneschi, B.S. Navarro, F.A. Baroni, R.B. Orsi, M.S.C. Melhem y D.P. Leite Jr. 2017. *Cryptococcus albidus* var. *albidus* Isolated from Turquoise-Fronted Parrots (*Amazona aestiva*: Psittacidae) Kept in Captivity: A Probable Reservoir Ecological of Fungal specimen. *Journal of Veterinary Science & Technology*, 8(6):489.

Ogg JE, Ryder RA, Smith Jr HL. Isolation of *Vibrio cholerae* from aquatic birds in Colorado and Utah. *Appl Environ Microbiol* 1989;55:95e9.

Vargas, J. S. Máttar y S. Monsalve. 2010. Bacterias patógenas con alta resistencia a antibióticos: estudio sobre reservorios bacterianos en animales cautivos en el zoológico de Barranquilla. *Infectio*. 14(1): 6-19.

Wauters, G., J. Charlier, M. Janssens y M. Delme'e. 2000. Identification of *Arthrobacter oxydans*, *Arthrobacter luteolus* sp. nov., and *Arthrobacter albus* sp. nov., isolated from human clinical specimens. *J Clin Microbiol* 38:2412–2415.

WWF. 2012. La lucha contra el tráfico ilícito de vida silvestre: una consulta con los gobiernos. Dalberg, Londres, Inglaterra. Pag. 5-31.

Wobeser, G.A. 2006. Essential of Diseases in Wild Animals. 1era Ed., Blackwell Publishing. Oxford, U.K.

Zimmerman, M. E. 2003. The black market for wildlife: combating transnational organized crime in the illegal wildlife trade. Vanderbilt Journal of Transnational Law, 36: 1657-1689.