

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE BAJA CALIFORNIA
INSTITUTO DE INVESTIGACIONES EN CIENCIAS VETERINARIAS



**DETECCIÓN E IDENTIFICACIÓN DE HEMOSPORIDIOS Y BACTERIAS EN
CÓNDORES DE CALIFORNIA (*GYMNOGYPS CALIFORNIANUS*) DE LA
SIERRA DE SAN PEDRO MÁRTIR, BAJA CALIFORNIA, MÉXICO.**

TESIS

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

PRESENTA

ESTEFANIA DE LAS FUENTES GONZALES

DIRECTOR DE TESIS

DR. GERARDO ENRIQUE MEDINA BASULTO

MEXICALI, B.C. MÉXICO

NOVIEMBRE 2024

Detección e identificación de hemosporidios y bacterias en cóndores de California (*gymnogyps californianus*) de la Sierra de San Pedro Mártir, Baja California, México. Tesis presentada por MVZ. Estefania De Las Fuentes Gonzales como requisito parcial para obtener el grado de Maestro en Ciencias Veterinarias, que ha sido aprobada por el siguiente comité:

Dr. GERADO ENRIQUE MEDINA BASULTO

Director de tesis

Dr. JULIO ALFONSO MERCADO RODRÍGUEZ

Asesor

Dr. MIGUEL ARTURO CABANILLAS GAMEZ

Asesor

AGRADECIMIENTOS

Al Consejo Nacional de Humanidades, Ciencia y Tecnología (CONAHCyt) por concederme una beca para realizar mis estudios de posgrado y el apoyo económico durante mi proceso formativo.

A la Universidad Autónoma de Baja California (UABC) e Instituto de Investigaciones en Ciencias Veterinarias (IICV) por la oportunidad de estudiar un posgrado y utilizar las instalaciones para trabajar en mi proyecto de investigación.

A la Coordinación de Maestría en Ciencias Veterinarias por siempre estar al pendiente y apoyarme en los trámites durante el posgrado.

Al Dr. Gerardo Medina, por la paciencia, confianza y el apoyo en la elaboración de este proyecto.

A la Dra. Sawako Hori-Oshima que siempre estaba para preguntarle mis dudas, gracias por cuestionarme positivamente para hacerme una mejor investigadora.

Al Dr. Julio Mercado, que me apoyó e inspiró a lo largo de mis estudios de maestría, gracias por su motivación y apoyo para la realización de esta investigación.

A Catalina Porra y Juan Vargas, pertenecientes al proyecto de reintroducción del cóndor de California, gracias por la disposición, el tiempo y el apoyo para la realización de la toma de muestras.

A mis compañeros de maestría Frida, Federico y Sebastián, por ser la mejor compañía que podría pedir durante las clases y la vida personal, a mis compañeros de laboratorio Carlos y Paola por el apoyo durante la elaboración de mi etapa experimental y la maravillosa compañía.

DEDICATORIA

A mi mamá, por el apoyo que me ha brindado toda mi vida.

A Juan Pablo, no pude pedir mejor compañero de vida.

A mis mejores amigas, Daney y Sofía, por su amistad tan valiosa alrededor de estos años, gracias por siempre estar para mí.

A mis perritas, Cayetana y Luna, que siempre me recibían con amor al llegar a casa después de un mal día en la escuela o el laboratorio, y como olvidar cuando me acompañaban en mis pies y en mi regazo mientras escribía la tesis.

RESUMEN

En el presente estudio, se tomaron muestras de 10 cóndores de California (*Gymnogyps californianus*) de coana, cloaca y sangre. Se extrajo ADN de las muestras de sangre y se llevó a cabo PCR en punto final para detectar e identificar hemosporidios (*Plasmodium*, *Haemoproteus*, *Leucocytozoon*). A partir de las muestras de coana y cloaca se aislaron colonias bacterianas en medio LB y se llevó a cabo PCR y secuenciación del gen 16Sr de las colonias para su identificación. De las muestras de sangre ninguna dio un resultado positivo a hemosporidios. Respecto a las bacterias, se obtuvieron 31 aislados bacterianos, correspondientes a 8 especies bacterianas en los 10 cóndores de California. De las 8 especies bacterianas, 19 aislados correspondieron a muestras de coana, en donde, 13 aislados pertenecieron al género *Staphylococcus spp.* (41.93%), 3 al género *Bacillus spp.* (9.67%), 2 a *Escherichia spp.* (6.45%) y 1 a *Pseudomonas sp.* (3.22%). Los aislados correspondientes a las muestras de cloaca fueron 12, de los cuales 6 corresponden al género *Escherichia spp.* (19.35%), 5 a *Enterococcus spp.* (16.12%) y 1 a *Salmonella sp.* (3.22%). Este es el primer estudio en busca de hemosporidios aviares en cóndores de California de la Sierra de San Pedro Mártir, Baja California, México, además forma parte del primer proyecto de identificación de bacterias en la misma población de cóndores de California.

Palabras clave: identificación, microbiota, aves, cóndor, hemosporidios

ABSTRACT

In the present study, choana, cloaca, and blood samples were taken from 10 California condors (*Gymnogyps californianus*). DNA was extracted from the blood samples and endpoint PCR was performed to detect and identify hemosporidia (*Plasmodium*, *Haemoproteus*, *Leucocytozoon*). Bacterial colonies were isolated from the choana and cloaca samples in LB medium and PCR and 16Sr gene sequencing of the colonies were performed for identification. None of the blood samples tested positive for hemosporidia. Regarding bacteria, 31 bacteria isolates were obtained, corresponding to 8 bacterial species in the 10 California condors. Of the 8 bacterial species, 19 isolates corresponded to choana samples, where 13 isolates belonged to the genus *Staphylococcus spp.* (41.93%), 3 to the genus *Bacillus spp.* (9.67%), 2 to *Escherichia spp.* (6.45%) and 1 to *Pseudomonas sp.* (3.22%). The isolates corresponding to the cloacal samples were 12, of which 6 corresponded to the genus *Escherichia spp.* (19.35%), 5 to *Enterococcus spp.* (16.12%) and 1 to *Salmonella sp.* (3.22%). This is the first study in search of avian hemosporidia in California condors from the Sierra de San Pedro Mártir, Baja California, México, and is also part of the first project to identify bacteria in the same population of California condors.

Keywords: identification, microbiota, birds, condor, hemosporidia

CONTENIDO

	Pág.
LISTA DE CUADROS	i
LISTAS DE FIGURAS	ii
INTRODUCCIÓN	1
REVISIÓN DE LITERATURA	3
Aves de la familia Cathartidae	3
El cóndor de California	4
San Pedro Mártir y el Proyecto de reintroducción del cóndor de California	6
Aves de la familia Cathartidae como carroñeros	8
Microbiota en aves de la familia Cathartidae	9
<i>Microbiota en el sistema respiratorio</i>	9
<i>Microbiota en el sistema digestivo</i>	10
Géneros de bacterias patógenas en aves y humanos que son parte de la microbiota de aves de la familia Cathartidae	12
Hemosporidios aviares	15
Hemosporidios aviares en aves de la familia Cathartidae	16
MATERIALES Y MÉTODOS	18
RESULTADOS Y DISCUSIÓN	27
CONCLUSIÓN	42
LITERATURA CITADA	44

LISTA DE CUADROS

Cuadro	Pág.
1. Géneros de bacterias patógenas en aves, que son parte de la microbiota de aves de la familia Cathartidae.....	13
2. Géneros de bacterias patógenas en humanos, que son parte de la microbiota de aves de la familia Cathartidae.....	14
3. Oligonucleótidos universales utilizados para la amplificación del gen 16S rDNA	22
4. Condiciones de termociclador para la amplificación del gen 16S rDNA	23
5. Oligonucleótidos utilizados para la amplificación del gen citobromo <i>b</i> de hemosporidios aviares	24
6. Condiciones de termociclador para la amplificación del gen citobromo <i>b</i> de hemosporidios aviares con los oligonucleótidos HAEMNFI y HAEMNR3	25
7. Especies de bacterias en la microbiota de cloaca y cloaca en 10 cóndores de California de la Sierra de San Pedro Mártir	27
8. Comparación de especies de bacterias en la microbiota de coana y cloaca en 10 cóndores de California de la SSPM	37
9. Resultados de la amplificación del gen citobromo <i>b</i> de hemosporidios aviares	39

LISTA DE FIGURAS

Figura		Pág.
1.	Cóndor de California en la Sierra de San Pedro Mártir	4
2.	Cóndor de California juvenil (izquierda) y maduro (derecha) en la Sierra de San Pedro Mártir	5
3.	Ubicación de la Sierra de San Pedro Mártir, Baja California, México (Departamento de Geología del CICESE, 2001)	6
4.	Gel de Agarosa al 1% con ADN posterior a la extracción de ADN de muestras de sangre	21
5.	Gel de Agarosa al 1% con resultados de PCR de aislados bacterianos	23
6.	Especies bacterianas en coana y cloaca en los 10 cóndores muestreados	34

INTRODUCCIÓN

El cóndor de California pertenece a la familia Cathartidae, la cual, se encuentra entre los grupos de aves terrestres que tienen hábitos carroñeros obligados, éstos, tienen la capacidad de brindar un servicio de descomposición y digestión de desechos orgánicos, que los vuelve importantes para la salud del ecosistema, el clima y el mantenimiento de aguas limpias, dando un gran beneficio para el ser humano (Buechley y Şekercioğlu., 2016; Grilli et al., 2019).

A nivel mundial, todas las especies de buitres, zopilotes y cóndores enfrentan un futuro incierto y con algún riesgo de amenaza, registrándose una disminución en sus poblaciones desde hace mucho tiempo. Los más grandes problemas a los que se enfrentan es la destrucción e invasión de su hábitat, intoxicación por plomo, veneno, cebos y fármacos, sistemas eólicos, depredación por pumas y coyotes, caza y agentes patógenos (Ogada et al., 2012; Rebman, 2012; Ilyas., 2014).

Por otro lado, las aves silvestres tienen una gran relevancia en la salud pública, ya que pueden llegar a ser reservorios o dispersadores de microorganismos patógenos de muchos tipos (bacterias, virus, parásitos y hongos).

El estudio de la composición de la microbiota intestinal es de gran importancia, sirviendo como un indicador de la salud y estado sanitario de las especies de aves (Ogada et al., 2012; Waite y Taylor., 2015).

En el caso del cóndor de California las bacterias anteriormente registradas varían con respecto a otras aves no carroñeras, ya que pueden ser altamente patógenas y la tolerancia del cóndor a tales bacterias sugiere que es con el propósito del aprovechamiento de la descomposición de la carroña (Marin et al., 2014; Sulzner et al., 2014).

Por lo anterior, se planteó como objetivo determinar la presencia de hemosporidios aviares en sangre por PCR y hacer una identificación de las bacterias en medio rico Luria Bertani por PCR del gen r16S a partir de muestras de cloaca y coana en cóndores de California de la Sierra de San Pedro Mártir, Baja California.

REVISIÓN DE LITERATURA

Aves de la familia Cathartidae

La familia Cathartidae del Orden Cathartiformes está constituida por buitres voladores, los cuales, principalmente se alimentan de carroña. A los miembros de esta familia de aves también se les llama buitres del nuevo mundo, pero no están emparentados con los buitres del viejo mundo, y se encuentran distribuidas geográficamente desde Canadá hasta América del Sur (O'Neal, 2016; Remsen et al., 2020). Los buitres que pertenecen a esta familia son 7 especies; el cóndor de California (*Gymnogyps californianus*), cóndor andino (*Vultur gryphus*), zopilote rey (*Sarcoramphus papa*), zopilote de cabeza negra (*Coragyps atratus*), zopilote cabeza roja (*Cathartes aura*), zopilote cabeza amarilla menor (*Cathartes burrovianus*) y el zopilote cabeza amarilla mayor (*Cathartes melambrotus*) (O'Neal, 2016; Sarasola et al., 2018).

Los buitres han llegado a ser los animales carroñeros más exitosos del mundo, tomando en cuenta su evolución fenotípica y habilidades a su favor, en su vista, vuelo alto, y un pH extremadamente ácido en su estómago. Sin embargo, actualmente el 60% de los buitres de todo el mundo se encuentra en alguna categoría de amenaza de extinción y disminución de sus poblaciones (Ogada et al., 2012).

El cóndor de california

El cóndor de California es el ave voladora más grande que existe en Norteamérica, con una envergadura de hasta 3 metros de largo (Rojo et al., 2003) y un peso que ronda los 10 Kg. Esta ave se caracteriza por su plumaje negro en la mayoría de su anatomía, exceptuando un patrón cambiante entre individuos de plumaje blanco en la cara interior de sus alas (Figura 1). Durante la inmadurez la cabeza y cuello presenta tonalidades negras y una porción de plumas, al llegar a la madurez la cabeza llega a ser calva y presentar tonalidades variables entre anaranjado, rosado y rojo (Figura 2).



Figura 1. Cóndor de California en la Sierra de San Pedro Mártir.



Figura 2. Cóndor de California juvenil (izquierda) y maduro (derecha) en la Sierra de San Pedro Mártir.

Particularmente la distribución de los cóndores de California varía de su original, ya que, por acción del hombre fueron llevados al estatus de en peligro de extinción durante el siglo XX, siendo reintroducidos en la actualidad por programas de reproducción en cautiverio y liberación en el sur y centro de California, el norte de Arizona y el sur de Utah dentro de Estado Unidos, y también una pequeña población en Baja California, México (Finkelstein et al., 2015). En 2022 se registró la última actualización de población total de cóndores, registrando 561 aves, de las cuales 214 se encuentran en cautiverio en zoológicos de Estados Unidos y algunos en el zoológico de Chapultepec en México, los restantes 347, se encuentran en estado salvaje, distribuidos entre Arizona, Utah y Baja California (USFWS, 2022).

San Pedro Mártir y el Proyecto de reintroducción del cóndor de California

La Sierra de San Pedro Mártir (SSPM) es el hábitat de los cóndores de California liberados en México, ubicada al norte de Baja California (delimitación entre las coordenadas 30°44' y 31°10' de latitud norte y 115°13' y 115°44' de longitud oeste) (Figura 3). Tiene un sistema montañoso formado por laderas, valles centrales y rocas, el clima de esta región se clasifica como mediterráneo; donde se combinan lluvias en invierno y temperaturas debajo del óptimo para el crecimiento de las plantas, en cambio, en el verano es caliente, seco y sin lluvias, donde las temperaturas suelen ser favorables para las plantas (Delgadillo, 2004).

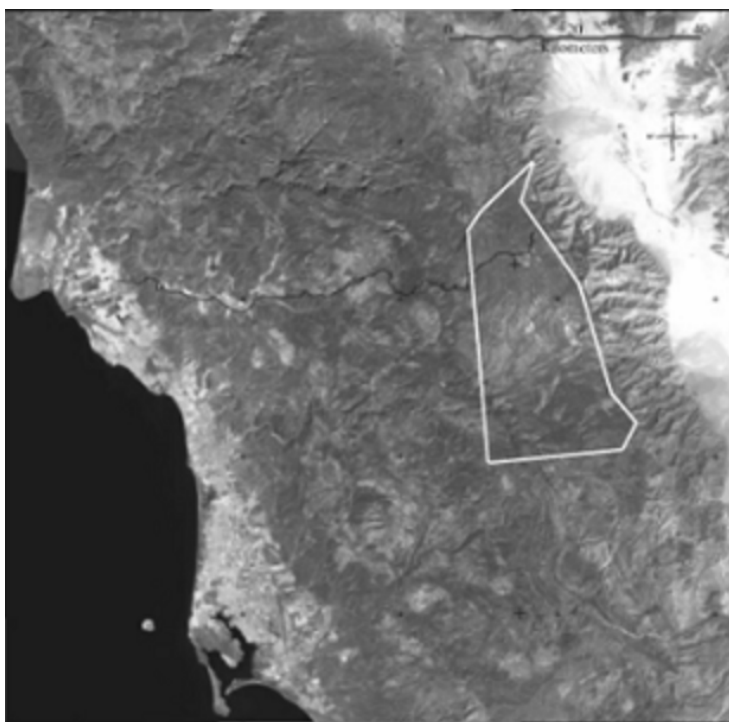


Figura 3. Ubicación de la Sierra de San Pedro Mártir, Baja California, México (Departamento de Geología del CICESE, 2001).

Desde 1947 la SSPM se ha convertido en un área natural protegida, esto, por la importante contribución de su ecosistema en la regulación del clima en la región central, de los valles de La Trinidad, San Telmo y San Quintín (Secretaría de Medio Ambiente y Recursos Naturales, 2018).

La recuperación del cóndor de California en México se dio inicio en 1999, con el objetivo general de “recuperar al cóndor de California en México y lograr su supervivencia saludable, su reproducción y su establecimiento a perpetuidad en el medio silvestre de la Sierra de San Pedro Mártir” (Secretaría de Medio Ambiente y Recursos Naturales et al., 2012).

El proceso de reintroducción ha sido largo, estando vigente hasta el día de hoy, todo empezó con una exhaustiva evaluación del área donde se decidió la reintroducción del cóndor, también un elaborado plan donde se seleccionaron las mejores bases para el establecimiento, la sobrevivencia saludable y la reproducción de una población de cóndores en la SSPM. Hasta el momento, y después de más de 20 años, el proyecto de reintroducción del cóndor de California ha dado resultados favorables, logrando la población de 40 cóndores de California en la SSPM hasta el presente año 2024, resultado de una ardua labor constante, pues estos buenos resultados se han logrado superando numerosos obstáculos para la sobrevivencia de éstas aves, como lo es la depredación, caza e intoxicaciones (Secretaría de Medio Ambiente y Recursos Naturales et al., 2012).

Aves de la familia Cathartidae como carroñeros

Con los buitres como carroñeros se destacan varias características específicas en el cambio de la escena donde se encuentra un animal muerto, alterando huesos, dispersando elementos y alterando significativamente la tasa de descomposición (Hoyo et al., 1992).

Reeves (2009) llevó a cabo un estudio en buitres de cabeza negra y cabeza roja, en el cual, también buscaron las alteraciones que causan al alimentarse y los cambios que pueden realizar en los huesos. El estudio se realizó en Texas, en un laboratorio de descomposición al aire libre. Para evaluar el impacto, se utilizaron 3 cerdos domésticos y 1 cabra, determinándose que los cuerpos fueron desarticulados en un orden específico, siempre comenzando por la mandíbula, seguían con el cráneo y las extremidades anteriores, también se observó a varios buitres dejando evidencia de su presencia en el lugar (excremento y plumas). Los cambios encontrados en los huesos fueron rasguños de hasta 4 cm de largo, principalmente observados en el cráneo, mandíbula, escápula, costillas, huesos largos y en vértebras; además, se encontraron rasguños más superficiales que al analizarlos al microscopio se caracterizaban por un cambio de color en la superficie del hueso. Cabe mencionar que los carroñeros llegaban a comer aproximadamente 24 horas después de la muerte del animal por su estado de descomposición. Es claro que la esqueletización se acelera de gran manera gracias a los buitres, en donde la pérdida total de carne fue en las primeras 24 a 36 horas.

Microbiota en aves de la familia Cathartidae

La microbiota se define como cualquier agente biológico que coloniza algún tejido en específico de un ser vivo, como virus, bacterias, hongos y parásitos (Quigley et al., 2013). La microbiota se puede dividir en dos categorías, residente o transitoria. La microbiota residente, corresponde a los microorganismos que se encuentran con alta regularidad y tienden a recolonizar. La microbiota transitoria es aquella que está constituida por microorganismos que normalmente provienen del medio ambiente y tienen una menor durabilidad en el hospedero (Tannock, 1995). A pesar de la importancia del conocimiento de la composición y estructura de la microbiota, ésta es poco conocida en las aves carroñeras (Vela et al., 2015).

La microbiota de esta familia de aves puede llegar a ser distinta a la de otras aves que no sean carroñeras, ya que las bacterias registradas pueden ser altamente patógenas, pero en el caso de estas aves, la tolerancia a tales bacterias sugiere que se encuentran ahí con el propósito del aprovechamiento de la descomposición de la carroña (Marin et al., 2014; Sulzner et al., 2014). Roggenbuck et al. (2014), también se propone que existe un evidente desarrollo de los buitres a la tolerancia de toxinas bacterianas que se encuentran en la carne en descomposición.

Microbiota en el Sistema Respiratorio: de acuerdo con Vela et al. (2015), en un estudio realizado en buitres en España, en el que muestrearon con

técnicas de hisopado en faringe y cultivo de las muestras en agar sangre, se registraron bacterias gram negativas de los géneros: *Citrobacter*, *Enterobacter*, *Escherichia*, *Hafnia*, *Moellerella*, *Proteus* y *Pseudomonas*, en tanto se encontraron los siguientes géneros de bacterias gram positivas: *Aerococcus*, *Alloicococcus*, *Arthrobacter*, *Clostridium*, *Enterococcus*, *Lactococcus*, *Leuconostoc*, *Listeria*, *Micrococcus*, *Staphylococcus* y *Streptococcus*.

Microbiota en el Sistema Digestivo: Oakley et al. (2021), en Estados Unidos, realizaron un estudio en zopilotes cabeza roja, utilizando muestras de hisopado en cloaca, con técnicas en laboratorio de PCR y secuenciación, registraron la presencia de bacterias de los géneros: *Fusobacterium*, *Clostridium*, *Anaerotruncus*, *Peptostreptococcus* y *Atopobium*. En un individuo en particular, se presentó una secuencia inusual, la cual, se relaciona estrechamente con gammaproteínas del género *Wohlfahrtiimonas* e *Ignatzschineria*, las cuales tienen hospederos dípteros. Se consideró anormal, ya que, no se tenía ninguna asociación anterior de estos géneros con esta familia de aves. El estudio de éstas gammaproteínas debería contribuir para entender mejor el papel de las moscas, buitres y su ecología en relación a estos géneros.

Por otro lado, Jacobs et al. (2019), realizaron un estudio en 22 cóndores de California en Estados Unidos, tomando muestras de cloaca y heces. Por medio de secuenciación de ADN metagenómico de las muestras, las especies que reportaron fueron: *Corynebacterium jeikeium*, *Corynebacterium kroppenstedtii*, *Corynebacterium ulcerans*, *Propionibacterium acnes*,

Propionibacterium avidum, *Clostridium perfringens*, *Clostridium celatum*, *Escherichia coli*, *Bacteroides ovals*, *Staphylococcus pseudintermedius*, *Stenotrophomonas maltophilias*, *Delfitia acidovorans*, *Bacteroides vulgatas*, *Shigella flexneri*, *Fusobacterium varium*, *Peptostreptococcus anerobius*, *Fusobacterium mortiferum* y *Lactobacillus johnsonii*.

En un estudio realizado en suero proveniente de cloaca de zopilotes cabeza negra de vida libre, Barbara (2015) observó la presencia de bacterias gram positivas como: *Bacillus sp.*, *Brevibacterium avium*, *Oerskovia sp.*, *Corynebacterium sp.*, *Enterococcus avium*, *E.casselifavus*, *E.durans*, *E.faecium*, *E. pseudoavium*, *Listeria sp.*, *Staphylococcus capitis*, *S.cohnii*, *S.gallinarum*, *S.lentus*, *S.sciuri* y *S.xylosus*, y bacterias gram negativas como: *Escherichia coli*, *Proteus mirabilis*, *Serratia marcescens*, *Serratia odorifera*, *Sphingomonas paucimobilis* y *Stenotrophomonas maltophilia*.

Roggenbuck et al. (2014) llevaron a cabo un estudio en Nashville, EUA, buscando establecer la microbiota con muestras de piel e intestino grueso de zopilotes de cabeza negra y cabeza roja. Utilizando técnicas de amplificación por PCR y una secuenciación profunda del gen 16Sr, registraron una dominancia clara de Clostridia y Fusobacteria en el intestino grueso de los animales y detectaron genes que codifican enzimas que degradan los tejidos y toxinas asociadas con *Clostridium perfringens* en el metagenoma del intestino grueso.

Géneros de bacterias patógenas en aves y humanos que son parte de la microbiota de aves de la familia Cathartidae

El conocimiento de si las bacterias comensales de una especie son patógenas o no en la especie residente, es bastante importante, no solo para la conservación de la especie en cuestión respecto a su salud, sino para la prevención de eventos de descontrol natural que podría llegar a afectar la salud pública (González-Acuña y Llanos-Soto., 2020).

Existen diversos estudios en aves domésticas y silvestres donde se confirma el siguiente listado de bacterias que son patógenas, además éstas mismas son parte de la microbiota normal de aves de la familia Cathartidae (Cuadro 1).

Cuadro 1. Géneros de bacterias patógenas en aves, que son parte de la microbiota de aves de la familia Cathartidae.

Género	Patogenicidad	Referencia
<i>Clostridium</i>	Bacterias con capacidad de producir toxinas e infecciones de orígenes endógenos y exógenos.	García et al. (2014)
<i>Staphylococcus</i>	<i>S. aureus</i> con factores de virulencia, resistente al sistema inmune en grandes colonizaciones, causa septicemias en aves.	Hernández-Aguilera et al. (2021)
<i>Fusobacterium</i>	Productora de endotoxinas y exotoxinas que producen necrosis y eritema.	(García, 2013)
<i>Escherichia</i>	<i>E. coli</i> : patógena aviar, causante de Colibacilosis.	Dovale y Mora (2019)
<i>Listeria</i>	Variedad de especies no patógenas y patógenas de relevancia (<i>ivanovii</i> , <i>innocua</i> y <i>monocytogenes</i>), causando septicemia.	(Orsi et al. 2011; Jadhav et al. 2012)

También en humanos se dan a conocer estudios donde se confirma el siguiente listado de bacterias que son patógenas, además éstas mismas son parte de la microbiota de aves de la familia Cathartidae (Cuadro 2).

Cuadro 2. Géneros de bacterias patógenas en humanos, que son parte de la microbiota de aves de la familia Cathartidae.

Género	Patogenicidad	Referencia
<i>Clostridium</i>	Enfermedades Gastrointestinales, algunas especies son patógenas en animales y con potencial zoonótico, tétanos.	(Apella y Araujo, 2005;Álvarez-Hernández et al. 2018)
<i>Staphylococcus</i>	<i>S. aureus</i> : patologías diversas, desde un absceso de piel hasta septicemias mortales y choque tóxico estafilocócico.	Hurtado et al. (2002)
<i>Fusobacterium</i>	<i>Fusobacterium necrophorum</i> y <i>nucleatum</i> asociadas a epiema y enfermedades periodontales.	(Feijoo et al. 2014; Lira, 2016)
<i>Escherichia</i>	Enteritis.	Margall et al. (1997)
<i>Listeria</i>	<i>Listeria monocytogenes</i> asociada raramente a enfermedades.	Torres et al. (2004)

Hemosporidios aviares

Los hemosporidios son protoozoarios transmitidos por vectores hematófagos (mosquitos, chinches, moscas), causando un daño tisular por su impacto patógeno (Ilguñas et al., 2019). Los hemosporidios se dividen en cuatro géneros, *Plasmodium*, *Haemoproteus*, *Leucocytozoon* y *Fallisia* (Valkiunias, 2005).

El ciclo de vida de estos, es desarrollado en dos grupos, las aves y los vectores, siendo el ave el hospedero intermediario (Valkiunias, 2005). Los mosquitos hematófagos (Familia: *Culicidae*) actúan como vectores de *Plasmodium* en aves, los vectores para el género *Haemoproteus* son las chinches chupadoras (Familia: *Ceratopogonidae*), y las moscas negras (Familia: *Hipoboscidae*) son los vectores para el hemosporidio *Leucocytozoon* (Santiago-Alarcón et al., 2012).

Entre los géneros de hemosporidios podemos encontrar una variedad de virulencia y sintomatología reportada en aves domésticas y algunas silvestres. Se ha reportado que *Plasmodium* es el género más patogénico provocando anemia, letargo, anorexia, plumas erizadas, diarrea, convulsiones, parálisis, piernas edematosas e incluso la muerte. Por otro lado *Haemoproteus* es el género más prevalente, y puede causar cojera, tasa de crecimiento bajo, pérdida del equilibrio, anemia y anorexia (Atkinson et al., 2008).

Hemosporidios aviares en aves de la familia Cathartidae

Los hemosporidios aviares que se han reportado más comúnmente en la familia Cathartidae son los géneros *Haemoproteus* y *Plasmodium*, que conforman un grupo muy grande y con una distribución amplia. Estos parásitos pueden afectar el ciclo de vida de las aves, dar apertura a enfermedades oportunistas y en ocasiones devienen en la muerte del animal (Alvarez, 2021). Cabe resaltar que los hemosporidios detectados en aves carroñeras son cercanos filogenéticamente al causante de la malaria, la cual es capaz de infectar a una gran variedad de vertebrados, propiciando una amplia distribución por todo el mundo (Lutz et al., 2016).

Pacheco et al. (2020), tomaron 208 muestras de sangre de cóndor de California en Arizona, en donde registraron en 3 aves con un resultado positivo a *P. homopolare*.

En un estudio realizado por Yabsley et al. (2018) en 6 estados de Estados Unidos, tomaron muestras de sangre y tejidos de zopilotes cabeza negra y cabeza roja. Utilizando la técnica de PCR registraron que de 95 muestras de zopilotes cabeza negra todas dieron un resultado negativas y de las 161 muestras de zopilotes cabeza roja 39 dieron positivos a *Haemoproteus catharti*.

H. Catharti tiene una mayor prevalencia en el este que en el oeste de Estados Unidos, se considera un registro inusual en los buitres del nuevo mundo,

por sus características distintas, como el número de pigmentos, forma, y contorno del parásito (Greiner et al., 2011).

En otro estudio realizado por Wahl. (2013), en Costa Rica, tomaron muestras de sangre de 17 zopilotes cabeza negra, con el objetivo de evaluar la presencia de *Haemoproteus*, *Leucocytozoon*, *Trypanosoma* y *Plasmodium*, registrándose una prevalencia del 35.5% de *Plasmodium* y ausencia de los demás agentes buscados.

En un estudio llevado a cabo en el Zoológico de São Paulo, Brasil, se buscaron secuencias de parásitos Hemosporidios mediante PCR en varios zopilotes rey, donde resultaron positivos 2 aves de 6, a *Plasmodium spp.* Linaje NYCNYC01 (Chagas et al., 2017).

MATERIALES Y MÉTODOS

Localización del área de estudio

El estudio se llevó a cabo en Sierra de San Pedro Mártir (30°44' y 31°10' de latitud norte y 115°13' y 115°44' de longitud oeste), ubicado en el municipio de Ensenada, Baja California, México.

Muestreo

La toma de muestras se realizó el 1^{er} y 2^{do} día del mes de mayo del año 2023, donde se contó con el apoyo de personal capacitado del proyecto de reintroducción del cóndor de California, donde se dio el seguimiento de los lineamientos regulatorios de captura y toma de muestras correspondientes; NOM-059-ECOL-1994 y NOM-126-SEMARNAT-2000.

Criterios de inclusión

Se incluyeron todas las aves capturadas, sin exclusión.

Captura de aves

Para la captura de aves se utilizó una red de 12 metros donde se utilizó carnada para atraer a las aves, una vez atraídas se lanzó la red donde se capturó manualmente cada individuo. Todas las aves capturadas se colocaron en el aviario del proyecto cóndor para disminuir el estrés en espera del manejo. En el manejo se realizó una evaluación general y toma de muestras, se registraron los datos y se procedió a la liberación del ave.

Registro de datos

Al hacer el manejo del ave lo primero que se realizó fue la identificación del ave con su numeración ya establecida anteriormente, además, a cada ave se le realizaron 2 exámenes físicos al inicio del manejo y al finalizar, donde se registró la frecuencia cardíaca, frecuencia respiratoria, presión intraocular de ambos ojos, presión sanguínea, temperatura y el estado de conducta; excitado o tranquilo.

Colecta de muestras

Las muestras de sangre fueron recolectadas de la vena metatarsiana del ave con una mariposa del número 23, estas fueron almacenadas en microtubos con EDTA y en microtubos sin anticoagulante con una cantidad de 0.5ml de sangre en cada tubo. Las muestras colectadas de cloaca y coana fueron tomadas con hisopos estériles, limpiando correctamente el área con etanol para evitar contaminaciones, estas fueron conservadas en tubos con medio de transporte Stewart. Todas las muestras se mantuvieron en refrigeración a 4°C hasta su traslado al Instituto de Investigaciones en Ciencias Veterinarias (IICV) de la Universidad Autónoma de Baja California (UABC).

Análisis de Laboratorio

Las muestras colectadas fueron procesadas en el Laboratorio de Biología Molecular del Instituto de Investigaciones en Ciencias Veterinarias (IICV) de la Universidad Autónoma de Baja California (UABC).

Cultivo microbiológico y aislamiento de colonias

Primeramente, se hizo una dilución en 1ml de cultivo líquido Luria Bertani (LB) directamente del hisopo de la muestra, luego se colocaron 100 μ L de la dilución en cajas de petri con agar LB donde se hizo dispersión con triángulo, una vez sembradas se incubaron por 48 horas a 37°C para el crecimiento de colonias bacterianas. Se identificaron las colonias mediante observación directa de las características macroscópicas como tamaño, consistencia, color y forma. Se tomó el criterio de observar el mínimo de 10 colonias por bacteria en una muestra para considerar su aislamiento. Para el aislamiento individual de bacterias se utilizaron técnicas de estriado y picado.

Extracción de ADN

Para poder realizar el proceso de extracción de ADN en las bacterias aisladas se llevó a cabo una resiembra de cada aislado en medio de cultivo líquido Luria Bertani (LB) a una temperatura de 37°C a 180 rpm durante 18 horas. Se utilizaron 3 ml de cultivo líquido centrifugando a 14,000 rpm durante 2 minutos para obtener una pastilla de cada aislado. La extracción de ADN se realizó utilizando el kit PureLink® Genomic DNA Mini Invitrogen by Thermo Fisher Scientific, 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 μ g/mL de Bromuro de Etidio en todas las muestras y se observó en luz ultravioleta.

Para poder realizar el proceso de extracción de ADN en las muestras de sangre realizamos una centrifugación a 14,000 rpm durante 2 minutos a nuestros tubos con EDTA, donde obtuvimos el plasma y el conjunto de células, estos se dividieron en 2 tubos, y para la extracción utilizamos el conjunto de células. La extracción de ADN se realizó utilizando el kit PureLink® Genomic DNA Mini Invitrogen by Thermo Fisher Scientific, 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 y se observó en luz ultravioleta (Figura 4).

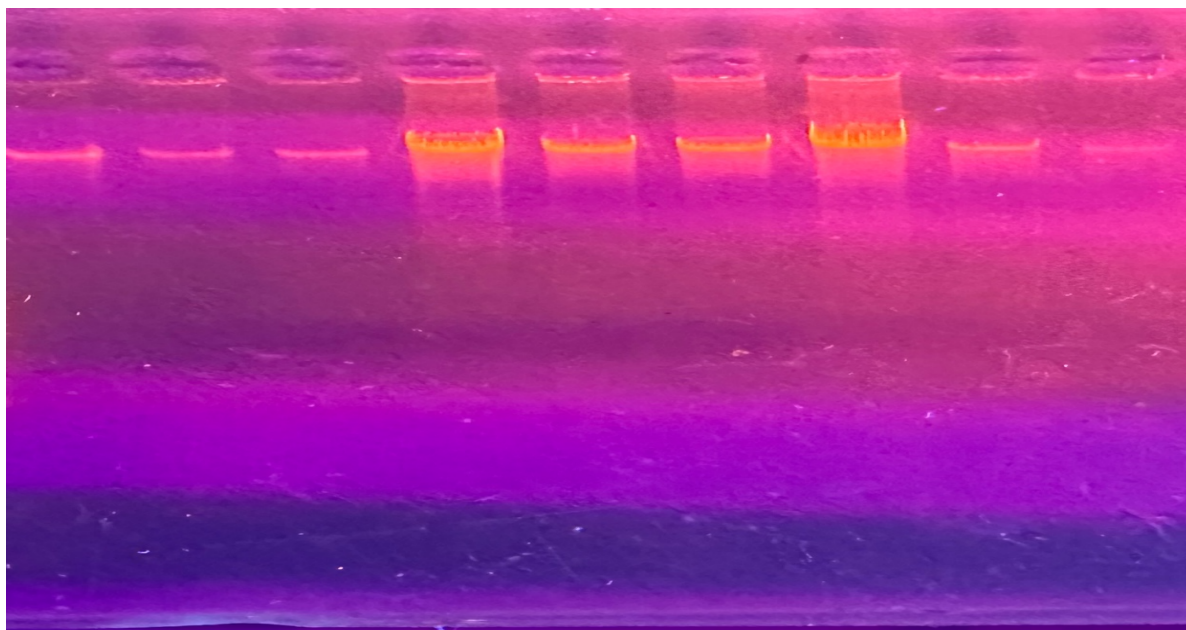


Figura 4. Gel de Agarosa al 1% con ADN posterior a la extracción de ADN de muestras de sangre.

Reacción en Cadena de la Polimerasa (PCR)

Para determinar la presencia de ADN bacteriano se amplificó el gen 16S rDNA mediante la técnica de PCR en tiempo final. Los oligonucleótidos universales utilizados (Negoro et al., 2013) se muestran en el Cuadro 3.

Cuadro 3. Oligonucleótidos universales utilizados para la amplificación del gen 16S rDNA.

Oligonucleótido	Secuencia	Posición en el gen
<i>UNI 8F</i>	5'-AGAGTTTGATCCTGGCTCAG-3'	8-27
<i>UNI 53SR</i>	5'-GTATTACCGCGGCTGCTGG-3'	517-535

La reacción se preparó mezclando 12.5 μ L de Master mix DreamTaq Hot Start Green PCR Master Mix 2x (Thermo Scientific, EU), 5 μ L (100ng) de ADN bacteriano, 1 μ L (10pmol) de cada uno de los oligonucleótidos (UNI 8F Y UNI 53SR) y agua hasta alcanzar un volumen final de 25 μ L. Se utilizó un termociclador marca Thermo Hybaid. Las condiciones para el PCR (Negoro et al., 2013) se muestran en el Cuadro 4. Los productos obtenidos se visualizaron en un gel de electroforesis en agarosa al 1% teñido con 0.5 g/ml, bromuro de Etidio en un transluminador de luz ultravioleta marca UVP TM (Figura 5).

Cuadro 4. Condiciones de termociclador para la amplificación del gen 16S rDNA.

Etapas	Temperatura	Tiempo	Número de ciclos
Desnaturalización inicial	94°C	5 min	1
Desnaturalización	94°C	45 seg	35
Alineamiento	60°C	45 seg	
Extensión	72°C	45 seg	
Extensión final	72°C	3 min	1

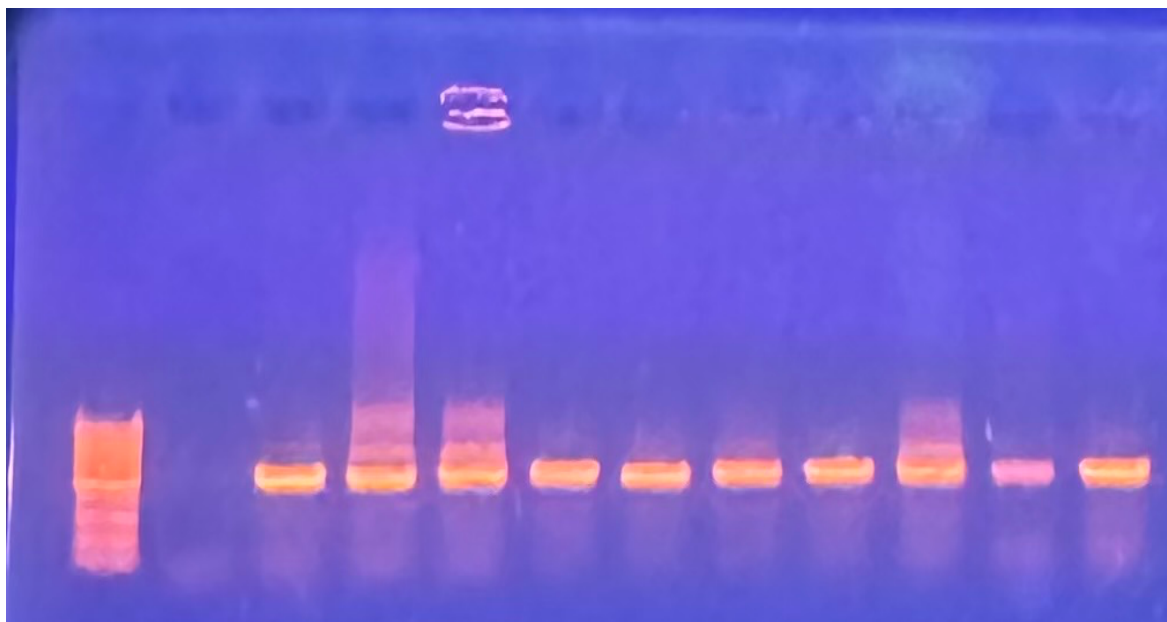


Figura 5. Gel de Agarosa al 1% con resultados de PCR de aislados bacterianos.

Para determinar la presencia de Hemosporidios aviares (*Haemoproteus*, *Plasmodium* y *Leucozytozoon*) se utilizaron oligonucleótidos específicos para el gen citocromo *b* del parásito mediante la técnica de PCR en tiempo final. Los oligonucleótidos utilizados se muestran en el Cuadro 5 (Hellgren et al., 2004).

Cuadro 5. Oligonucleótidos utilizados para la amplificación del gen citobromo *b* de hemosporidios aviares.

Oligonucleótido	Secuencia	Posición en el gen
<i>HAEMNFI</i>	5'-CATATATTAAGAGAAITATGGAG-3'	210-232
<i>HAEMNR3</i>	5'-ATAGAAAGATAAGAAATACCATTTC-3'	757-780

La reacción se preparó mezclando 12.5 µL de Master mix DreamTaq Hot Start Green PCR Master Mix 2x (Thermo Scientific, EU), 5 µL de ADN, 1.5µL (15pmol) de cada uno de los oligonucleótidos (*HAEMNFI* y *HAEMNR3*) y agua hasta alcanzar un volumen final de 25 µL. Se utilizó un termociclador marca Thermo Hybaid. Las condiciones para el PCR (Hellgren et al., 2004) se muestran en el Cuadro 6. Los productos obtenidos se visualizaron en un gel de electroforesis en agarosa al 1% teñido con 0.5 g/ml, bromuro de Etidio en un transluminador de luz ultravioleta marca UVP TM.

Cuadro 6. Condiciones de termociclador para la amplificación del gen citobromo *b* de hemosporidios aviares con los oligonucleótidos HAEMNFI y HAEMNR3.

Etapas	Temperatura	Tiempo	Número de ciclos
Desnaturalización inicial	94°C	3 min	1
Desnaturalización	94°C	30 seg	20
Alineamiento	50°C	30 seg	
Extensión	72°C	45 seg	
Extensión final	72°C	10 min	1

Secuenciación de productos de PCR

Se realizó diálisis en gota 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-Millpore los cuales se colocaron en una caja Petri con agua destilada. Se agregaron 22 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.) para su secuenciación con los mismos oligos universales.

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% para la identificación de bacterias (Su et al., 2014).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Detección del gen 16S rDNA y secuenciación

Los productos de PCR de los aislados presentaron fragmentos cercanos a 500pb del gen 16S rDNA. En total, de los 31 aislados sometidos a secuenciación del gen 16S rDNA, se revelaron 8 especies de bacterias distintas (Cuadro 7).

Cuadro 7. Especies de bacterias en la microbiota de cloaca y cloaca en 10 cóndores de California de la Sierra de San Pedro Mártir.

Género	Especie (cantidad de aislados)	Origen anatómico de la muestra
<i>Staphylococcus spp.</i>	<i>S. sciuri</i> (8)	Coana
	<i>S. aureus</i> (3)	
	<i>S. pseudintermedius</i> (2)	
<i>Bacillus spp.</i>	<i>B. subtilis</i> (3)	
<i>Pseudomonas spp.</i>	<i>Pseudomonas sp.</i> (1)	
<i>Escherichia spp.</i>	<i>Escherichia spp.</i> (2)	
	<i>Escherichia spp.</i> (6)	
<i>Enterococcus spp.</i>	<i>E. faecalis</i> (5)	Cloaca
<i>Salmonella spp.</i>	<i>S. enterica</i> (1)	

El género *Staphylococcus spp.* fue identificado en el 41.93% (13) de los aislados totales, las especies identificadas fueron *S. sciuri* (8), *S. aureus* (3) y *S.*

pseudintermedius (2). De acuerdo con Markey y colaboradores (2013), el género *Staphylococcus* es considerado como un patógeno oportunista con una sobrevivencia prolongada en el ambiente, las infecciones por este género suelen ser piógenas y estar asociadas a los abscesos y supuración, esta especie tiene la capacidad de infiltrarse en los tejidos después de una infección. Las dos principales especies de *Staphylococcus* patógenas suelen ser *S. aureus* y *S. pseudintermedius*. Los *Staphylococcus* los podemos encontrar distribuidos por todo el mundo en mamíferos y aves, estos colonizan normalmente la cavidad nasal, nasofaríngea, la piel, las membranas mucosas, y pueden ser transitorios en tracto intestinal.

Staphylococcus sciuri lo podemos encontrar normalmente en animales, humanos y en el medio ambiente. Esta especie también se ha encontrado en infecciones específicas en la medicina humana y veterinaria. Esta especie de *staphylococcus* está reconocida como comensal y por ser reservorio de genes de virulencia y resistencia para otras especies de *Staphylococcus*, sin embargo, está considerada como inofensiva (Nemeghaire et al., 2014).

Vargas et al., (2010) tomaron muestras de cloaca y glotis de 30 aves (26 *psittaciformes*, 3 *falconiformes* y un *galliniforme*) y 29 mamíferos (22 primates, 3 *artyodactyla*, 3 canívoros y un *perissodactyla*) del zoológico de Barranquilla, donde resultaron algunas coincidencias con nuestro trabajo, *Staphylococcus sciuri* se encontró aislada en 1 muestra de ave en epiglotis y también se aisló

Staphylococcus aureus en 3 aves en coana, 1 en un ave de muestra de cloaca y en mamíferos hubo un resultado de *S. aureus* de una muestra nasal.

Dentro de nuestros resultados, *S. aureus* y *S. pseudintermedius* como ya se mencionó anteriormente, son las especies de *Staphylococcus* con más relación a patologías, tanto en humanos, como en otros mamíferos y aves.

En perros con pioderma se relaciona estrechamente *S. pseudintermedius* (Vega, 2019), en tanto en humanos *S. pseudintermedius* y *S. aureus* se relacionan a infecciones de tejidos blandos con una gran probabilidad de ser por transmisión zoonótica (Mora, 2018). Respecto a las aves, se han reportado 13 cepas de *Staphylococcus aureus* en cadáveres de aves psitácidas, a pesar de que a *S. aureus* se le asocia con septicemia en aves, no es realmente común que cause algún efecto patógeno de relevancia (Hermans et al., 2000).

El género *Bacillus* spp. se identificó en el 9.67% (3) de los aislados, la especie identificada fue *Bacillus subtilis*. De acuerdo con Markey y colaboradores (2013), este género de bacteria lo podemos encontrar distribuido en el aire, el suelo y el agua, llegan a ser muy resistentes al medio ambiente por su capacidad de formar esporas, la patogenicidad de este género depende mucho de su especie en particular, las afecciones que puede llegar a causar *B. subtilis* son abortos en ovinos y mastitis en bovinos.

Por otro lado, *B. subtilis* en las aves ha sido utilizado como probiótico para mejorar el rendimiento productivo en pollos de engorda (González, 2009), el uso de *B. subtilis* como aditivo en gallinas ponedoras favorece la ganancia productiva mejorando la calidad, rendimiento, y la resistencia de la cáscara de huevo (Guo et al., 2017). También el uso prolongado de *B. subtilis* como probiótico disminuye la presencia de *Staphylococcus*, *E. coli* y clostridios en la microbiota intestinal (Forte et al., 2016). Esta especie de bacteria actúa claramente como beneficiosa para las aves, pudiéndola obtener los cóndores directamente del medio ambiente por ingesta oral, ya que se encontró en los aislados de muestras de coana.

El género *Salmonella spp.* se identificó en el 3.22% (1) de los aislados, la especie identificada fue *Salmonella enterica*. De acuerdo con Markey y colaboradores (2013), *Salmonella* habita el tracto intestinal de la mayoría de los animales (mamíferos, aves, réptiles), además, puede sobrevivir durante un periodo de 9 meses o más en el medio ambiente, agua, suelo, heces de animales y alimentos.

Esta bacteria tiene una gran relevancia en la salud pública por su potencial zoonótico y la gran distribución de esta. La salmonelosis ha sido desde hace muchos años una enfermedad de gran impacto tanto en los seres humanos como en aves por la gran pérdida productiva que puede ocasionar. El género *Salmonella spp.* no es realmente parte de la microbiota intestinal de las aves, aunque se puede encontrar presente en animales tanto sanos como enfermos. Los animales se infectan directamente del medio ambiente donde se encuentran

o por contacto con otros animales, y en ciertos casos por el ser humano. La bacteria coloniza el tracto digestivo de las aves y posteriormente se puede liberar en sus heces (Velilla et al., 2008; Cummings et al., 2010; Herrera et al., 2015). Marietto-Gonçalves y colaboradores (2010) registraron la presencia de *Salmonella spp.*, con una frecuencia del 1.12% en 89 aves de la familia *Psittaciformes* en proceso de rehabilitación para su vida libre.

Álvarez y colaboradores (2010) encontraron 25/400 muestras positivas en cloaca de aves de traspatio, de las cuales 11 eran *S. enterica*, coincidiendo con nuestros resultados con un bajo porcentaje de presencia en su total de muestreo.

El género *Pseudomonas sp.* se identificó en el 3.22% (1) de los aislados. Solo pudo ser identificada a nivel género. De acuerdo con Quinn y colaboradores (2011) *Pseudomonas spp.* es casi exclusivamente saprófita, están presentes generalmente en el agua, suelo y en carne en proceso de descomposición, la especie *P. aureginosa* se puede encontrar en membranas mucosas, heces y en piel. Las 3 especies patógenas de *Pseudomonas* son *P. aureginosa*, *P. pseudomallei* y *P. mallei*, sus principales hospederos son humanos y otros mamíferos.

Respecto a las aves, se ha registrado que *P. aureginosa* puede llegar a ser uno de los mayores problemas de pérdida en aves de engorde, causando un proceso patológico, caracterizado por enteritis, anemia y depresión (Peña, 2020) y encontrándose tanto en piel, como en agua, suelo y fómites.

Rodríguez y colaboradores (2008) registraron bacterias de la familia *Pseudomonadaceae* en el 32% de sus muestras de 161 aves migratorias pertenecientes al orden charadriiformes, concluyendo con la importancia del precedente de la presencia de estas bacterias en la microbiota de las aves, ya que fungen como reservorio de estos agentes patógenos para otras aves, mamíferos y humanos.

El género *Escherichia spp.* se identificó en el 25.80% (8) de los aislados, 6 aislados fueron en cloaca y 2 en coana. *Escherichia spp.* solo pudo ser identificado a nivel género. Esto se debe al hecho de que los porcentajes de similitud de secuenciación del gen 16Sr mostraron una similitud de 100% a 99.9% con *Shigella spp.* Brenner y colaboradores (1972), determinaron que la similitud en el genoma entre *Shigella* y *E. coli* oscilaban entre 80% a 90%. Debido a esto, Devanga-Raguphati et al. (2018), establecieron que se debe secuenciar el genoma completo e identificar polimorfismos de un solo nucleótido. Para su mayor estudio e identificación, es aconsejable realizar más técnicas moleculares.

Escherichia coli es un habitante natural de intestinos de todos los mamíferos. Generalmente es más común en carnívoros y omnívoros que en herbívoros. *E. coli* se elimina en las heces y puede sobrevivir en partículas fecales, polvo y agua durante semanas o meses. *Shigella* la podemos encontrar en tracto intestinal en humanos y otros primates (Markey et al., 2013), por otro lado Pachecho y colaboradores (2019) registraron *Shigella flexneri* en un estudio en cóndores de california de Arizona, EUA.

Tanto *E. coli* como *Shigella* tienen distintos factores de virulencia, como lo son sus endotoxinas, adhesinas, su cápsula antifagocítica y sideróforos. Las enfermedades que puede causar *E. coli* estan normalmente asociadas a colibacilosis, mastitis, septicemias y piometra (Markey et al., 2013). *Shigella* esta asociada a infecciones en el tubo digestivo (Carroll et al., 2016).

A pesar de que *Escherichia spp.* es considerada con gran frecuencia parte de la microbiota de mamíferos y muchas especies de aves tanto domésticas como silvestres, Marietto-Gonçalves y colaboradores (2010) registraron la presencia de *E. coli*, con una frecuencia del 19% en 89 aves de la familia *Psittaciformes* en proceso de rehabilitación para su vida libre, si relacionamos el porcentaje de frecuencia de la presencia de *Escherichia* es muy cercana a la nuestra con un 25.80%.

Se obtuvieron 19 aislados de coana y 12 de cloaca (Figura 6). De las muestras de cloaca el género con mayor abundancia relativa fue *Escherichia spp.* con 19.35% (6). De acuerdo con la literatura revisada, *Escherichia coli* es una de las especies bacterianas más comunes en la microbiota intestinal de los animales, incluyendo a las aves silvestres, similar a los resultados obtenidos en el presente estudio. Resultados similares fueron reportados por Corrêa y colaboradores en el 2013, de 15 muestras cloacales de aves psitácidas en cautiverio, 8 de ellas correspondieron a *E. coli*, resultando en una prevalencia del 53.33%. Cabe mencionar que las aves son de familia diferente y se encuentran en distinto estado de libertad a las del presente estudio. Stenkat et al., (2014) Se

obtuvieron resultados similares entre los aislados faríngeos y cloacales de 167 aves de 6 especies diferentes, la mayoría de las aves presentaron *E. coli*, con mayor prevalencia entre los aislados cloacales, también en farínge mostró resultados similares. Otras similitudes fueron la presencia de los géneros *Pseudomonas spp.*, *Bacillus spp.*, y *Staphylococcus spp.* en farínge.

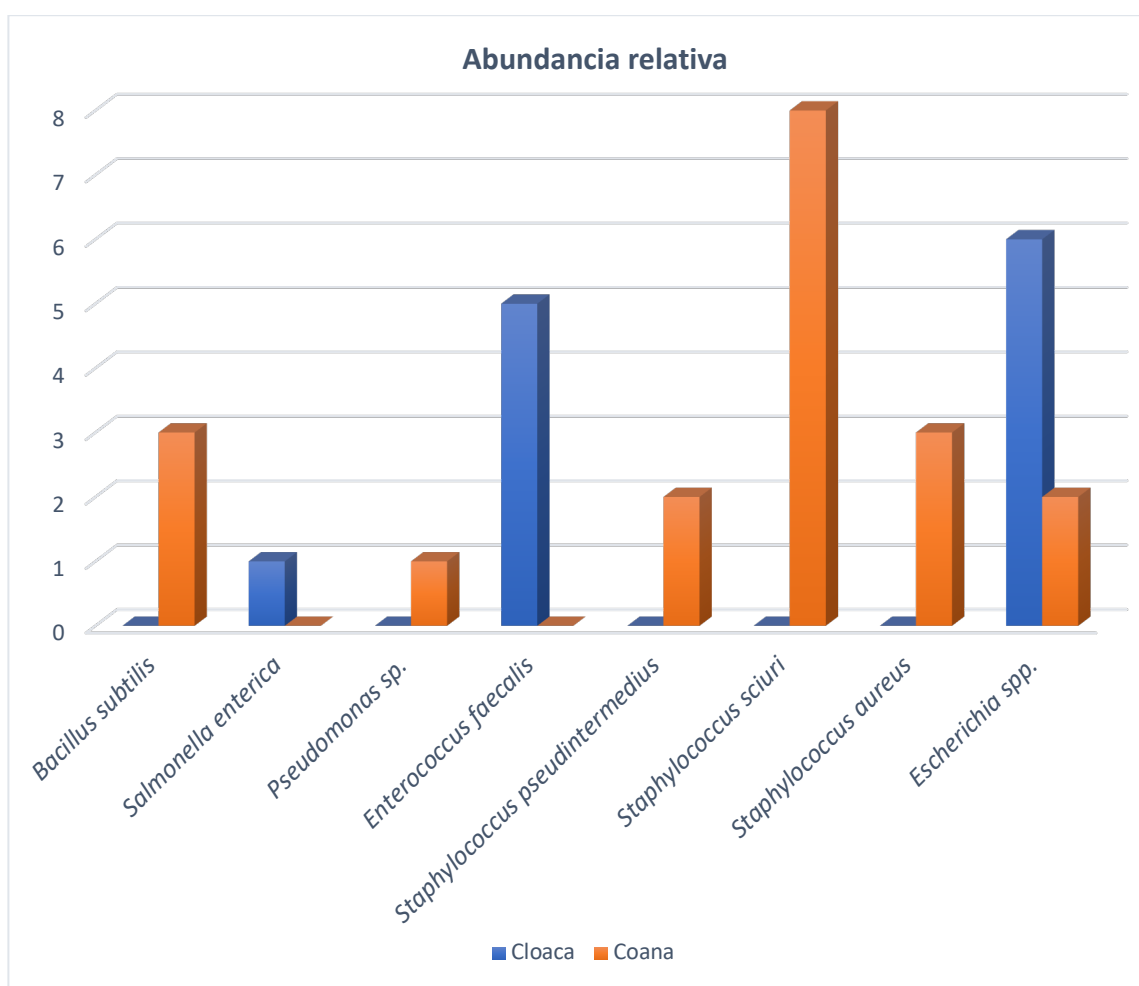


Figura 6. Especies bacterianas en coana y cloaca en los 10 cóndores muestreados.

Oakley y colaboradores en 2021, registraron resultados que difieren totalmente con nuestro estudio, los individuos muestreados por Oakley y colaboradores fueron zopilotes cabeza roja, cabe destacar que son de la misma familia que los cóndores de California estudiados en el presente estudio, los resultados fueron géneros de bacterias como *Fusobacterium*, *Clostridium*, *Anaerotruncus*, *Peptostreptococcus* y *Atopobium*, la toma de muestra fue igualmente por hisopados cloacales, sin embargo los métodos de identificación fueron por metagenómica.

El género *Enterococcus spp.* se identificó en el 16.12% (5) de los aislados, la especie identificada fue *Enterococcus faecalis* solamente en muestras de cloaca. El hábitat de *E. faecalis* es en el tracto intestinal de una variedad de animales, incluyendo a las aves. Esta bacteria tiene una variedad de factores de virulencia, como lo son la gelatinasa, proteína de superficie enterocócica, proteasas, entre otros. *E. faecalis* está estrechamente relacionada con infecciones oportunistas, infecciones del tracto urinario en perros, septicemias en pollos, mastitis y endocarditis en bovinos y corderos (Market et al., 2013).

De acuerdo con Alcalá (2018), de 385 aislados de muestras de cloaca en aves silvestres, registro 146 aislados del género *Enterococcus*, de 9 diferentes especies, entre todas ellas la dominante fue *E. faecalis*.

El género más aislado de muestras de coana fue *Staphylococcus spp.* con un 41.93% (13). En relación con la literatura revisada *Staphylococcus spp.* es uno

de los géneros de bacterias comúnmente conocido por estar presente en mamíferos y aves. Hernández-Aguilera en 2021 reportó una prevalencia del 72.19% de *Staphylococcus aureus* en aves psitácidas en Venezuela.

Se sabe que la microbiota en las aves puede variar por la localización del individuo, pero sobre todo puede variar por los hábitos alimenticios. Recordemos que los cóndores de California son aves carroñeras obligadas, es decir, se alimentan de animales en estado de descomposición y además presentan un pH más ácido en el estómago que otras aves silvestres o domésticas que tienen hábitos alimenticios diferentes como insectívoras, herbívoras u omnívoras.

De acuerdo con Vela et al. (2015), en un estudio realizado en aves carroñeras en España, encontramos similitudes en cuanto al género bacteriano encontrado en muestras de vías respiratorias como *Escherichia*, *Pseudomonas*, *Staphylococcus* y *Enterococcus*, los géneros que registraron diferentes al presente estudio fueron *Citrobacter*, *Enterobacter*, *Hafnia*, *Moellerella*, *Proteus*, *Aerococcus*, *Alloicococcus*, *Arthrobacter*, *Clostridium*, *Lactococcus*, *Leuconostoc*, *Listeria*, *Micrococcus*, y *Streptococcus*. Las diferencias las asociamos a las diferencias en la cantidad de muestra y a los métodos utilizados para el crecimiento de bacterias en el laboratorio, en este caso fueron métodos aeróbicos y anaeróbicos en agar sangre.

Se hizo una comparación entre los géneros bacterianos identificados en distintos cóndores de California en dos diferentes épocas (Cuadro 8) nuestra toma

de muestras se realizó el 1^{ro} y 2^{do} de mayo del año 2023, en comparativa con los datos obtenidos por Moreno (2022) se tomaron las muestras los días 22 y 23 de agosto del 2021. En los dos estudios se tomaron muestras a 10 cóndores de california de la Sierra de San Pedro Mártir, de los cuales, 4 de los individuos muestreados, son los mismos en ambos estudios.

Cuadro 8. Comparación de especies de bacterias en la microbiota de coana y cloaca en 10 cóndores de California de la SSPM.

Fecha de la toma de muestras	1 y 2 de mayo 2023		22 y 23 de agosto 2021
Especie (aislados)	Origen anatómico de la muestra	Especie (aislados)	Origen anatómico de la muestra
<i>S. pseudintermedius</i> (2)	Coana	<i>Enterobacter ludwigii</i> (1)	Coana
<i>S. sciuri</i> (8)		<i>S. sciuri</i> (7)	
<i>S. aureus</i> (3)		<i>S. aureus</i> (1)	
<i>B. subtilis</i> (3)		<i>Arthrobacter gandavensis</i> (1)	
<i>Pseudomonas</i> sp. (1)		<i>Proteus mirabilis</i> (1)	
<i>Escherichia</i> spp. (2)		<i>Escherichia</i> spp. (2)	
<i>Escherichia</i> spp. (6)	Cloaca	<i>Escherichia</i> spp. (3)	Cloaca
<i>E. faecalis</i> (5)		<i>E. faecalis</i> (1)	
<i>S. enterica</i> (1)		<i>E. hirae</i> (1)	
		<i>Proteus mirabilis</i> (2)	
		<i>Lysinibacillus fusiformis</i> (1)	

Las especies bacterianas que concordaron entre los dos estudios fueron 4, *S. sciuri* (8 - 7), *S. aureus* (3 - 1) en las muestras de coana, *E. faecalis* (5 - 1) en cloaca, y el género *Escherichia spp.* presente en coana (2 - 2) y en cloaca (6 - 3). Además, el género *Escherichia spp.* tuvo concordancia con la mayor abundancia relativa en las muestras de cloaca en los dos estudios. También hubo una concordancia con el género que más fue aislado en muestras de coana de los cóndores, siendo este *Staphylococcus spp.*

Por otro lado, las especies bacterianas que solo se registraron en nuestro estudio fueron 4, *S. pseudintermedius*, *B. subtilis*, *Pseudomonas spp.* en coana y *S. enterica* en cloaca. Las especies bacterianas que solo se registraron en los datos registrados de Moreno (2022) fueron 5, *E. ludwigii*, *A. gandavensis*, *P. mirabilis* en coana *P. mirabilis*, *E. hirae*, y *L. fusiformes* en cloaca.

Detección de hemosporidios aviáres

Las 10 muestras de sangre que se obtuvieron arrojaron un resultado negativo a la amplificación del gen citobromo *b* de hemosporidios aviáres (*Haemoproteus*, *Plasmodium* y *Leucocytozoon*) (Cuadro 9).

Cuadro 9. Resultados de la amplificación del gen citobromo *b* de hemosporidios aviáres

Número de seguimiento de individuo	Sexo	Madurez	Resultado
1	M	A	Negativo
2	H	A	Negativo
3	M	A	Negativo
4	M	A	Negativo
5	M	A	Negativo
6	M	A	Negativo
7	M	J	Negativo
8	-	J	Negativo
9	-	J	Negativo
10	M	J	Negativo

A = Adulto J = Joven M = Macho H = Hembra

La presencia de hemosporidios aviares en cóndores de California es realmente un área muy poco estudiada, actualmente solo se encuentra publicado un artículo al respecto, en donde se tomaron 208 muestras de sangre de cóndores de California ubicados en Arizona, EUA y únicamente 3 dieron positivos a *Plasmodium* (Pacheco et al., 2020). Considerando esto, se plantea la baja prevalencia que pueden llegar a tener los hemosporidios en cóndores de California y generalmente en aves de la familia Cathartidae.

Montalvo en 2021 realizó un estudio en Ecuador, en donde se tomaron muestras de sangre de 572 aves silvestres de 30 familias distintas (*Bucconidae*, *cardinalidae*, *clumbidae*, *cuculidae*, *emberizidae*, *falconidae*, *fringillid*, *furnariidae*, *hirundinidae*, *icteridae*, *melanopareiidae*, *mimidae*, *momoridae*, *parulidae*, *picidae*, *pipridae*, *polioptidilae*, *psittacidae*, *rallidae*, *stringidae*, *thamnophilidae*, *thraupidae*, *tinamidae*, *tityridae*, *trochilidae*, *troglodytidae*, *trogonidae*, *turdidae*, *tyrannidae*, *vireonidae*), dando como resultado 137 aves positivas a malaria aviar. Hay que tener presente la cantidad de muestra, la cual, es 57 veces más grande a la nuestras, la localización y la familia de aves es totalmente distinta, influyendo en gran manera en el resultado.

Se tiene que tener presente la relación que hay entre las condiciones climáticas y la enfermedad, se conoce que la malaria aviar tiene niveles altos de transmisión a baja altitud y una tasa de transmisión muy baja en elevaciones altas, también se tiene que considerar la temperatura y la precipitación (Atkinson y Samuel 2010; LaPointe et al., 2012; Zamora-Vilchis et al., 2012; Atkinson et al.,

2014), entre más altas sean estas, es más probable la transmisión, ya que estas condiciones favorecen a los vectores (Jones et al., 2013; Rojo et al., 2013).

CONCLUSIÓN

El cóndor de California es un ave de gran importancia, ya que, siendo un ave carroñera obligada, nos da un servicio de descomposición de materia orgánica, aportando a la descomposición de animales muertos en tierra y agua. Desafortunadamente el cóndor de California se ha encontrado en peligro de extinción desde los años 60, enfrentando amenazas como la caza, intoxicación por plomo, fármacos, depredación y posibles patógenos.

De las bacterias registradas en el presente estudio, todas ellas, exceptuando a *Bacillus subtilis* tienen algún antecedente de causar alguna patogenicidad en aves, en otros animales y en el ser humano. Por eso es indispensable el manejo higiénico y controlado de estas aves.

Se requieren más estudios donde se aíslen las bacterias con otros medios de crecimiento para obtener una mayor variedad de especies bacterianas, además, también se necesita utilizar métodos como la metagenómica para obtener la diversidad completa de microorganismos en estos animales.

La ausencia de Hemosporidios aviares la podríamos asociar al bajo número de muestras o al ambiente libre de estos parásitos debido a las condiciones no favorables para su desarrollo y transmisión. Es importante seguir con la búsqueda de éstos, ya que en aves domésticas los hemosporidios están asociados a la malaria aviar, que alteran la salud del animal

Es de gran importancia la búsqueda de posibles amenazas de diferentes orígenes para prevenir y estar al tanto de las posibles afecciones que se pueden llegar a presentar en la población de cóndores para su conservación.

LITERATURA CITADA

- Alcalá, L. 2018. *Escherichia coli*, *Enterococcus spp.* y *Staphylococcus spp.* en mamíferos y aves salvajes. Diversidad de especies y resistencia a los antibióticos. Tesis de Doctorado. Medicina y Sanidad Animal. Universidad de Zaragoza. Zaragoza, España.
- Álvarez-Hernández, D. A., A. M. González-Chávez, D. González-Hermosillo-Cornejo, G.A. Franyuti-Kelly, A. Díaz-Girón-Gidi, y R. Vázquez-López. 2018. Perspectivas históricas y vigentes sobre la infección por *Clostridium difficile*. Revista de Gastroenterología de México. 83(1):41-50.
- Álvarez, F., J.A. Copes, M. Álvarez, L. Nuñez Yegros, K. Suzuki, S.M. Gorretti, N. Zárate, L. Castro, N. Weiler, M. Faccioli y G.A. Leotta. 2010. Frecuencia de Salmonella entérica en aves de traspatio de la localidad de San Lorenzo, Departamento Central, República del Paraguay. Analecta Veterinaria. 30(1):33-35.
- Alvarez, J. 2021. Hemosporidios aviares (Haemosporida: *Plasmodium* y *Haemoproteus*) en el departamento de Arauca, región de la Orinoquía colombiana. Tesis de grado. Universidad de Caldas. Manizales, Colombia. (Abstr).
- Apella, M. C., y P. Z. Araujo. 2005. Microbiología de agua. Conceptos básicos. Tecnologías solares para la desinfección y descontaminación del agua. p.33-50.

- Atkinson, C. T. 2008. Parasitic diseases of wild birds. 1 st ed. Ames, Iowa, USA. 35p – 55.
- Atkinson, C. T. y M.D. Samuel. 2010. Avian malaria *Plasmodium relictum* in native Hawaiian forest birds: epizootiology and demographic impacts on apapane *Himatione sanguinea*. Journal of Avian Biology. 41(4):357-366.
- Atkinson, C. T., R. B. Utzurrum, D.A. Lapointe, R. J. Camp, L.H. Crampton, J.T. Foster and T. W. Giambelluca. 2014. Changing climate and the altitudinal range of avian malaria in the Hawaiian Islands - an ongoing conservation crisis. Global Change Biology. 20:2426-2436.
- Barbara, J. C. 2015. Avaliação do perfil sanitário de urubu-de-cabeça-preta (*Coragyps atratus*) em ambiente urbano. Tesis de Maestria. Facultad de medicina veterinaria y zootecnia. Universidade de São Paulo. São Paulo, Brasil. p.43-44.
- Brenner, D.J., G.R. Fanning, A.G. Steigerwalt, I. Ørskov y F. Ørskov. 1972. Polynucleotide sequence relatedness among three groups of pathogenic *Escherichia coli* strains. Infection and Immunity. 6(3): 308-315.
- Buechley, E. R., and Ç. H. Şekercioğlu. 2016. The avian scavenger crisis: Looming extinctions, trophic cascades, and loss of critical ecosystem functions. Biological Conservation. 198:220-228.
- Carroll, K. C., J.A. Hobden, S. Miller, S. Morse, T. Mietzner, B. Detrick, T.G. Mitchell, J.H. McKerrow and J.A. Sakanari. 2016. Microbiología médica. 27ma ed. McGraw-Hill Interamericana. Italia. p.237 – 239.

- Chagas, C. R., G. Valkiūnas, L.O. Guimarães, E.F. Monteiro, F.J. Guida, R.F. Simões, P.T. Rodrigues, E.J. Albuquerque and K. Krchgatter. 2017. Diversity and distribution of avian malaria and related haemosporidian parasites in captive birds from a Brazilian megalopolis. *Malaria Journal*. 16(83):1-20.
- Corrêa, I. M. D. O., F. Flores, G.H. Schneiders, L.Q. Pereira, B.G. Brito y M. Lovato. 2013. Detecção de fatores de virulência de *Escherichia coli* e análise de *Salmonella spp.* em psitacídeos. *Pesquisa Veterinária Brasileira*. 33:241-246.
- Cummings, K.J., L.D. Warnick, M. Elton, Y.T. Gröhn, P.L. McDonough and J.D. Siler. 2010. The effect of clinical outbreaks of salmonellosis on the prevalence of fecal *Salmonella* shedding among dairy cattle in New York. *Foodborne Pathog Dis*. 7(7):815-23.
- Delgadillo, J. 2004. El bosque de coníferas de la Sierra de San Pedro Mártir, Baja California. Instituto Nacional de Ecología. México. p. 2-23.
- Departamento de Geología del CICESE. 2001. Programa de conservación y manejo del Parque Nacional Sierra de San Pedro Mártir. Disponible en: https://dof.gob.mx/nota_detalle_popup.php?codigo=5124675#:~:text=El%20Parque%20Nacional%20Sierra%20de%20San%20Pedro%20M%C3%A1rtir%20se%20ubica,la%20ciudad%20de%20Ensenada. Fecha de acceso: 17 de agosto de 2023.
- Devanga-Raguphati, N.K., D.P. Muthuirulandi, F.Y. Inbanathan y B. Veeraraghavan. 2018. Accurate differentiation of *Escherichia coli* and

Shigella serogroups: challenges and strategies. New Microbes and New Infections. 21: 58-62.

Dovale, L., y L. Mora. 2019. Identificación de genes asociados a *Escherichia coli* patógena aviar (APEC) en aislados de *Escherichia coli* de aves comerciales. (Abstr.).

Feijoo, M. L. V., M.R. Arias, A.C Paz, y J. de la Fuente Aguado. 2014, Empiema por *Fusobacterium necrophorum*. Galicia Clínica. 75(3)131-132.

Finkelstein, M., Z. Kuspa, N. F. Snyder and N. J. Schmitt. 2015. California Condor (*Gymnogyps californianus*). version 2.0. In The Birds of North America. 1ed. P. G. Bodewald New York. p. 5-10.

Forte, C., G. Acuti, E. Manuali, P.P. Casagrande, S. Pavone, M.M Trabalza and M. Franciosini. 2016. Effects of two different probiotics on microflora, morphology, and morphometry of gut in organic laying hens. Poultry Science. 95(11):2528-2535.

García, H. G., M. N. Ledesma, S.F. Godoy, y B. O. Urquiza. 2014. Determinación de la cantidad de *Clostridium perfringens* y la Longitud de las vellosidades intestinales en pollos de engorda de 6 semanas de edad aparentemente sanos. Los Avicultores y su Entorno. 100:136-142.

González-Acuña, D., y S. Llanos-Soto. 2020. Una revisión sistemática de los patógenos virales y bacterianos de aves silvestres en Chile. Revista chilena de infectología. 37(4):422-442.

González, G.B. 2009. *Bacillus subtilis* se considera seguro para pollos de engorde, para el consumidor y para el medio ambiente. Albéitar Portal Veterinaria.

- Greiner, E. C., A.M. Fedynich, S.L. Webb, T.L. DeVault and O.E. Rhodes Jr. 2011. Hematozoa and a new haemoproteid species from Cathartidae (New World Vulture) in South Carolina. *Journal of Parasitology*. 97(6):1137-1139. (Abstr.).
- Grilli, M.G., K.L. Bildstein, and S. A. Lambertucci. 2019. Nature's clean-up crew: quantifying ecosystem services offered by a migratory avian scavenger on a continental scale. *Ecosyst.Serv.* 39:100990.
- Guo, J. R., X. F. Dong, S. Liu and J.M Tong. 2017. Effects of long-term *Bacillus subtilis* CGMCC 1.921 supplementation on performance, egg quality, and fecal and cecal microbiota of laying hens. *Poultry science*. 96(5):1280-1289.
- Hellgren, O., J. Waldenström, y S. Bensch. 2004. A new PCR assay for simultaneous studies of *Leucocytozoon*, *Plasmodium*, and *Haemoproteus* from avian blood. *Journal of parasitology*. 90(4): 797-802.
- Hermans, K., L.A. Devriese, P. De Herdt, C. Godard and F. Haesebrouck. 2000. *Staphylococcus aureus* infections in psittacine birds. *Avian Pathology*. 29(5):411-415.
- Hernández-Aguilera, V., C. Rodríguez-Leo, I. Aponte, A. Colangelo, S. Abou-Orm, L. Pérez-Ybarra, U. Elianee, y M. Viettri. 2021. Identificación de *Staphylococcus aureus* y determinación de su resistencia a antimicrobianos en aves psitácidas en cautiverio y en sus cuidadores (Venezuela). *Revista Kasmera*. 49(2): 1-10.

- Herrera, Y., S. Perdomo y J. Cardona. 2015. Psitacosis y salmonelosis: zoonosis que involucran a las aves. *Revista Colombiana de Ciencia Animal-RECIA*. 7(1):100-108.
- Hoyo, J., A. Elliot and J. Sargatal. 1992. *Handbook of the birds of the world*. 1st ed. Lynx Edicions, Barcelona. p.39-42
- Hurtado, M. P., M. A. De la Parte, y A. Brito. 2002. *Staphylococcus aureus*: Revisión de los mecanismos de patogenicidad y la fisiopatología de la infección estafilocócica. *Revista de la Sociedad Venezolana de Microbiología*. 22(2):112-118.
- Ilgūnas, M., D. Bukauskaite, V. Palinauskas, T. Lezhova, K. Fragner, E. Platonova, H. Wissenböck and G. Valkiūnas. 2019. Patterns of *Plasmodium homocircumflexum* virulence in experimentally infected passerine birds. *Malaria Journal*. 18(1):174.
- Ilyas, S. 2014. Diclofenac-affirmation of Carson's concerns. *Journal of Biodiversity & Endangered Species*. 2(4):139-141.
- Jacobs, L., B.H. McMahon, J. Berendzen, J. Longmire, C. Gleasner, N.W. Hengartner, M. Vuyisich, J.R. Chon, M. Jenkins, A.W. Bartlow and J.M. Fair. 2019. California condor microbiomes: Bacterial variety and functional properties in captive-bred individuals. *PloS one*, 14(12):e0225858.
- Jadhav, S., M. Bhawe, and E. A. Palombo. 2012. Methods used for the detection and subtyping of *Listeria monocytogenes*. *Journal of microbiological methods*. 88(3): 327-341.

- Jones, M., Z. Cheviron y M. Carling. 2013. Spatial patterns of avian malaria prevalence in *Zonotrichia capensis* on the western slope of the Peruvian Andes. *Journal of Parasitology*. 99(5):903-5.
- LaPointe, D. A., C.T. Atkinson and M.D. Samuel. 2012. Ecology and conservation biology of avian malaria. *Annals of the New York Academy of Sciences*, 1249(1):211-26.
- Lira, D. P. 2016. *Fusobacterium nucleatum* ¿Un patógeno periodontal promotor de carcinogénesis colorrectal?. *Revista de la Asociación Dental Mexicana*. 73(6):280-285.
- Lutz, H. L., B.D. Patterson, J.C. Kerbis, W.T. Stanley, P.W. Webala, T.P. Gnoske, S.J. Hackett and M.J. Stanhope. 2016. Diverse sampling of East African haemosporidians reveals chiropteran origin of malaria parasites in primates and rodents. *Mol Phylogenet Evol*. 99(7):7-15.
- Margall, N., A. Domínguez, G. Prats, y L. Salleras. 1997. *Escherichia coli* enterohemorrágica. *Revista española de salud pública*. 71:437-443.
- Marietto-Gonçalves, G. A., S.M. de Almedia, E.T. de Lima y R.L. Andreatti. 2010. Detecção de *Escherichia coli* e *Salmonella spp.* em microbiota intestinal de Psittaciformes em fase de reabilitação para soltura. *Brazilian Journal of Veterinary Research and Animal Science*. 185-189.
- Marin, C., M.D. Palomeque, F. Marco-Jimenez and S. Vega. 2014. Wild griffon vultures (*Gyps fulvus*) as a source of *Salmonella* and *Campylobacter* in eastern Spain. *PLoS One*. 9(4):e94191.

- Markey, B., F. Leonard, M. Archambault, A. Cullinane and D. Maguire. 2013. Clinical Veterinary Microbiology. 2th ed. Mosby Elsevier. Dublin. p. 106 - 109, 195, 239 - 245.
- Montalvo, E.A. 2021. Prevalencia de la malaria aviar a lo largo de la Costa Ecuatoriana para determinar el efecto de la humedad y la precipitación sobre la incidencia de estos parásitos. Tesis de Mestría. Magíster en Biodiversidad y Cambio climático. Universidad Tecnológica Indoamérica. Quito, Ecuador.
- Mora-Martínez, J. P. 2018. Revisión sistemática sobre la bacteria *Staphylococcus pseudointermedius* relacionada a problemas zoonóticos. Tesis de Licenciatura. Facultad de Ciencias de la Salud. Universidad de las Américas. Puebla, México.
- Moreno, A. J. 2022. Identificación molecular de microbiota en aves silvestres en Baja California, México. Tesis de Maestría. Instituto de Investigaciones en Ciencias Veterinarias. Universidad Autónoma de Baja California. Mexicali, B.C., México.
- Negoro, E. Iwasaki, H., Tai, K., Ikegaya, S., Takagi, K., Kishi, S. y Ueda, T. 2013. Utility of PC amplification and DNA microarray hybridization of 16S DNA for rapid diagnosis of bacteremia associated with hematological diseases. international Journal of Infectious Diseases, 17(4), e271-6276.
- Nemeghaire, S., M. A. Argudín, A.T. Fessler, T. Hauschild, S. Schwarz y P. Butaye. 2014. The ecological importance of the *Staphylococcus sciuri* species group as a reservoir for resistance and virulence genes. Veterinary Microbiology. 171(3-4):342-356. (Abstr.).

- O'Neal M. 2016. Vultures. Their evolution, ecology and conservation. 1st ed. CRC Press Taylor & Francis Group. 56-70 p.
- Oakley, B.B., T. Melgarejo, P.H. Bloom, N. Abedi, E. Blumhagen and M.D. Saggese. 2021. Emerging Pathogenic Gammaproteobacteria *Wohlfahrtiimonas chitiniclastica* and *Ignatzschineria* Species in a Turkey Vulture (*Cathartes aura*). Journal of Avian Medicine and Surgery. 35(3):280-289.
- Ogada, D. L., F. Keesing and M.Z. Virani. 2012. Dropping dead: causes and consequences of vulture population declines worldwide. Annals of the New York Academy of Sciences. 1249(1):57-71. (Abstr.).
- Orsi, R. H., H. C. den Bakker, and M. Wiedmann. 2011. *Listeria monocytogenes* lineages: genomics, evolution, ecology, and phenotypic characteristics. International Journal of Medical Microbiology. 301(2):79-96.
- Pacheco, M. A., C.N. Parish, T.J. Hauck, R.F. Aguilar and A.A. Escalante. 2020. The endangered California Condor (*Gymnogyps californianus*) population is exposed to local haemosporidian parasites. Scientific reports. 10(1):1-8.
- Peña, J. A. 2020. Pseudomoniasis en aves de engorde línea Ross Ap en la Granja Granada. Trabajo de Grado. Medicina Veterinaria. Universidad de Pamplona. Santander, Colombia.
- Quigley, E. M., C. Staton and E.F. Murphy. 2013. The gut microbiota and the liver Pathophysiological and clinical implications. Journal of Hepatology. 58:1020-1027.

- Quinn, P. J., B.K. Markey, F.C. Leonard, E.S. FitzPatrick, S. Fanning and P.J. Hartigan. 2011. Veterinary Microbiology and Microbial Disease. 2th ed. Wiley – Blackwell. UK. p. 287 – 290.
- Rebman R. 2012. Vultures. 1st ed. Cavendish Square Publ. New York. p. 48.
- Reeves, N. M. 2009. Taphonomic effects of vulture scavenging. Journal of Forensic Sciences. 54(3):523-528.
- Remsen, J. V., J. I. Areta, E. Bonaccorso, S. Claramunt, A. Jaramillo, J. F. Pacheco, M.B. Robbins, F.G. Stiles, D.F. Stotz and K.J. Zimmer. 2020. A Classification of the Bird Species of South America. American Ornithological Society. 2(6):4-10.
- Rodríguez, J., P. López, J. Muñoz, N. Rodríguez, y J. Fuentes. 2008. *Pseudomonas* sp. en aves migratorias y residentes (*charadriiformes*) en el estado sucre, Venezuela. Revista multidisciplinaria del consejo de Investigación de la Universidad de Oriente. 20(3):277-282.
- Roggenbuck, M., I. Bærholm, N. Blom, J. Bælum, M.F. Bertelsen, T. Sicheritz-Pontén, S.J. Sorensen, M.T. Gilbert, G.R. Graves and L.H. Hansen. 2014. The microbiome of New World vultures. Nature communications. 5(1):1-8.
- Rojo, A., y E. de la Cruz. 2003. La recuperación del cóndor de California en México. Gaceta Ecológica. (67):33-44.
- Rojo, M.Á., F. Campos, M.Á. Hernández, S. Días, E. Santos, T. Santamaría y L. Corrales. 2013. Prevalence of haematozoan parasites in the White-throated Dipper *Cinclus cinclus* in southern Europe. Bird Study. 60(2):247-256.

- Santiago-Alarcón, D., V. Palinauskas y H. M. 2012. Diptera vectors of avian haemosporidian parasites: untangling parasite life cycles and their taxonomy. *Biol Rev.* 87:928-964.
- Sarasola, J., J. Grande and J. Negro. 2018. Birds of prey. Biology and conservation in the XXI century. Springer. p.373.
- Secretaría de Medio Ambiente y Recursos Naturales, Comisión Nacional de Áreas Naturales Protegidas, e Instituto Nacional de Ecología. 2012. Programa de acción para la conservación de la especie: Cóndor de California (*Gymnogyps Californianus*). Cruz, J. L., I. Cruz y E. De la cruz (Eds.). Disponible en: https://www.gob.mx/cms/uploads/attachment/file/511227/PACE_C_de_California_2012.pdf. Fecha de acceso: 09 de agosto de 2023.
- Secretaría de Medio Ambiente y Recursos Naturales. 2018. Parque Nacional de San Pedro Mártir, región con importantes reservas forestales de bosque. Disponible en: <https://www.gob.mx/semarnat/articulos/parque-nacional-sierra-de-san-pedro-martir-region-con-importantes-reservas-forestales-de-bosque>. Fecha de acceso: 10 de agosto de 2023.
- Stenkat, J., M.E. Krautwald-Junghanns, A. Schmitz, A. Eilers and V. Schmidt. 2014. Aerobic cloacal and pharyngeal bacterial flora in six species of free-living birds. *Journal of applied microbiology.* 117(6):1564-1571.
- Su, H., McKelvey, J., Rollins, D., Zhang, M., Brightsmith, D. J., Derr, J., y Zhang, S. 2014. Cultivable bacterial microbiota of northern bobwhite (*Colinus virginianus*): a new reservoir of antimicrobial resistance?. *PloS one.* 9(6):e99826.

- Sulzner, K., T. Kelly, W. Smith and C.K. Johnson. 2014. Enteric pathogens and antimicrobial resistance in turkey vultures (*Cathartes Aura*) feeding at the wildlife–livestock interface. *Journal of Zoo and Wildlife Medicine*. 45(4):931-934.
- Tannock, G. W. 1995. Normal microflora. 1st ed. Chapman and Hall. Londres.p.38.
- Torres, K. J., S. C. Sierra, R. A. Poutou, H. Vera, A. K. Carrascal, y M. Mercado, M. 2004. Incidencia y diagnóstico de *Listeria monocytogenes*; microorganismo zoonótico emergente en la industria de alimentos.
- USFWS. 2022. California Condor Poulation Graph. Disponible en: <https://www.fws.gov/media/california-condor-population-graph-1980-2022>. Fecha de acceso: 30 de Octubre de 2024.
- Valkiūnas, G. 2005. Avian malaria parasites and other Haemosporidia. 1 st ed. CRC Press, Boca Raton, Florida, USA. p.227.
- 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.
- Vega, L. G. A. 2019. Detección de *Staphylococcus pseudintermedius* y *Staphylococcus aureus* aislados de piodermias caninas mediante PCR-RFLP. Tesis de Licenciatura. Facultad de Medicina Veterinaria. Universidad Nacional Mayor de San Marcos. Lima, Perú.
- Vela, A. I., E. Casas-Díaz, J.F. Fernández-Garayzábal, E. Serrano, S. Agustí, M.C. Porrero, V. Sánchez, I. Marco, S. Lavín and L. Domínguez. 2015.

- Estimation of cultivable bacterial diversity in the cloacae and pharynx in Eurasian griffon vultures (*Gyps fulvus*). *Microbial ecology*. 69(3):597-607.
- Velilla, A., H. Terzolo y S. Feingold. 2008. Avances en el diagnóstico molecular de Salmonella. *Mundo alimentario*. 29-3.
- Wahl, M. 2013. Blood-borne parasites in the Black Vulture (*Coragyps atratus*) in northwestern Costa Rica. *Vulture News*. 64:22-31.
- Waite, D. W., and M. W. Taylor. 2015. Exploring the avian gut microbiota: current trends and future directions. *Frontiers in microbiology*. 6:673.
- Yabsley, M. J., R.E. Vanstreels, E.S. Martinsen, A.G. Wickson, A.E. Holland, S.M. Hernandez, A.R. Thompson, S.L. Perkins, C.J. West, A.L. Bryan, C.A. Cleveland, E. Jolly, J.D. Brown, D. McRuer, S. Behmke and J.C. Beasley. 2018. Parasitaemia data and molecular characterization of *Haemoproteus catharti* from New World vultures (*Cathartidae*) reveals a novel clade of Haemosporida. *Malaria Journal*. 17(1):1-10.
- Zamora-Vilchis, I., S.E. Williams and C.N. Johnson. 2012. Environmental temperature affects prevalence of blood parasites of birds on an elevation gradient: implications for disease in a warming climate. *PLoS ONE*. 7(6):e3920.