

Informe final* del Proyecto AE023
Modelado de la propagación del virus del Nilo en el norte de América

Responsable: Dr. Enrique Martínez Meyer
Institución: Universidad Nacional Autónoma de México
Instituto de Biología
Departamento de Zoología
Dirección: Apartado Postal 70-153, Coyoacán, México, DF, 04510 , México
Correo electrónico: emm@ibiologia.unam.mx
Teléfono/Fax: 56229169 directo 56229161 ext.47845
Fecha de inicio: Enero 15, 2003
Fecha de término: Octubre 26, 2006
Principales resultados: Cartografía, Informe final
Forma de citar el informe final y otros resultados:** Martínez Meyer, E. 2006. Modelado de la propagación del virus del Nilo en el norte de América. Universidad Nacional Autónoma de México. Informe final SNIB-CONABIO proyecto No. AE023 México D. F.

Resumen:

Proyecto financiado parcialmente por la Fundación Gonzalo Río Arronte
La llegada del Virus del Nilo al hemisferio occidental en 1999 (Nash, 2001) ha provocado un amplio análisis con respecto al futuro potencial de esta enfermedad emergente en esta región y en el mundo. Aunque hasta ahora el objetivo principal de dichos análisis se han enfocado a las implicaciones en el ámbito de salud pública, la introducción del virus en un sistema biológico nuevo que presenta varias especies vector y reservorio potenciales, ofrece una oportunidad fascinante para el estudio del desarrollo e integración de sistemas infecciosos. Las especies potenciales de mosquitos vectores que pueden o no transmitir el virus de un hospedero a otro han sido estudiados a detalle (Bernard, 2001; Nasci, 2001; Sardelis, 2001; Sardelis, 2001; Turell, 2000; Turell, 2001). En cambio, las especies de aves que sirven como hospedero del virus han recibido relativamente poca atención (Swayne, 2000; Swayne, 2001; Komar, 2001; Komar, 2001), aunque están en desarrollo algunos estudios sobre la viabilidad de algunas especies como reservorios (Komar, 2001; McLean, 2002) (N. Komar, pers. comm.). Sólo existe un trabajo publicado en el que se analiza el papel de las aves en la propagación del Virus del Nilo en el hemisferio occidental (Rappole, 2000). Sin embargo, debido a que este estudio se publicó cuando recién se había detectado el virus en los Estados Unidos, se basó en varios supuestos acerca de especies de aves como potenciales reservorios del virus que resultaron incorrectos y, por lo tanto, debilita sus argumentos de discusión. El papel que juegan las aves en la propagación del Virus del Nilo, sin embargo, amerita mayor atención. En el hemisferio oriental, se sospecha que las aves migratorias transportan al virus (Ernek, 1977; Nir, 1967; Watson, 1972), aunque la evidencia directa es escasa. Por otro lado, el papel de las aves como agentes transportadores a largas distancias y vectores de dispersión del virus en el hemisferio occidental ha sido explorado y probado de manera preliminar en los Estados Unidos por A. Townsend Peterson y sus colegas (Peterson et al., sometido) este estudio sugiere que las aves migratorias están fuertemente implicadas en la propagación del virus en esta región.

-
- * El presente documento no necesariamente contiene los principales resultados del proyecto correspondiente o la descripción de los mismos. Los proyectos apoyados por la CONABIO así como información adicional sobre ellos, pueden consultarse en www.conabio.gob.mx
 - ** El usuario tiene la obligación, de conformidad con el artículo 57 de la LFDA, de citar a los autores de obras individuales, así como a los compiladores. De manera que deberán citarse todos los responsables de los proyectos, que proveyeron datos, así como a la CONABIO como depositaria, compiladora y proveedora de la información. En su caso, el usuario deberá obtener del proveedor la información complementaria sobre la autoría específica de los datos.

**PROYECTO: AE023 MODELADO DE LA PROPAGACIÓN DEL VIRUS
DEL NILO EN EL NORTE DE AMÉRICA**

INFORME FINAL

Responsable del Proyecto:

Dr. Enrique Martínez Meyer

Investigador

Instituto de Biología, UNAM

Departamento de Zoología

Tel: 5622-9169

Fax: 5550-0164

Correo-e: emm@ibiologia.unam.mx

Participantes en el Proyecto:

Dr. A. Townsend Peterson

Dr. Adolfo Navarro Sigüenza

Biól. Constantino González Salazar

31 de marzo de 2006

Contenido

Introducción.....	3
Capítulo 1. Antecedentes	4
Capítulo 2. Métodos.....	11
Capítulo 3: Resultados y Conclusiones.....	14
Bibliografía Consultada.....	18
Apéndice.....	23

Introducción

El Virus del Oeste del Nilo (VON) es una enfermedad emergente en el continente americano, detectada por primera vez en 1999 en Nueva York, Estados Unidos. Esta enfermedad es transmitida principalmente a las aves por mosquitos del género *Culex* y con menos frecuencia infecta a algunos mamíferos, particularmente equinos, y eventualmente al hombre, razón por la cual se ha puesto mayor atención en las áreas gubernamentales de salud pública, tanto en Canadá, como Estados Unidos y México.

La propagación discontinua de la enfermedad en los Estados Unidos observada en los primeros meses después de su arribo sugirió que las aves estaban involucradas en este proceso. Ahora se conoce que las aves, particularmente las passeriformes, son su reservorio natural y también funcionan como agentes de dispersión. Esto es de particular importancia para el sector salud en todo el continente, ya que un número de especies de este grupo de aves migran hacia las zonas tropicales durante el invierno, lo que inevitablemente ha provocado la diseminación del patógeno a estas regiones.

En este estudio nos propusimos modelar la distribución geográfica las especies de passeriformes migratorios, tanto en sus zonas de anidación como de invernación, con el fin de producir escenarios predictivos de los patrones potenciales de propagación de esta enfermedad en todo el hemisferio norte del continente americano (desde Panamá a Canadá). En el planteamiento original se propuso hacer el análisis espacial también para los mosquitos del género *Culex*; sin embargo, la información sobre la distribución de estas especies no pudo ser obtenida, así que los análisis se limitaron a las aves. De esta forma, se pretende que las conclusiones de este estudio sirvan a la comunidad científica y a autoridades de salud pública de marco de referencia geográfico-ecológico sobre la distribución y propagación del Virus del Oeste del Nilo, para con ello contar con bases sólidas que permitan hacer evaluaciones de riesgo, tanto para la población humana, como para las especies vulnerables y en las que su supervivencia pueda estar en amenazada.

Capítulo 1. Antecedentes

Historia del Virus del Oeste del Nilo (VON)

El VON fue inicialmente aislado de muestras tomadas en Uganda en 1937 y subsecuentemente fue reconocido como un arbovirus relativamente benigno distribuido a lo largo de gran parte de África, el Medio Oriente y el sur de Europa (Hubálek y Halouzka 1999). En un principio se le identificó como la causa de enfermedades febriles relativamente leves en los seres humanos que también causaba cierta mortandad en las aves (Hubálek y Halouzka 1999), aunque el VON causó severos brotes de enfermedad en Sudáfrica en 1974 y en Argelia en 1994. A pesar de todo, el VON no fue considerado un problema de salud serio hasta que ocurrieron los brotes graves en Rumania en 1996-1997, que involucraron cientos de casos clínicos y una tasa de mortalidad en humanos del 9% (Hubálek y Halouzka 1999). Otros brotes recientes vienen, aparentemente, en intervalos más cortos y con efectos más severos tanto en humanos como en aves (Petersen y Roehrig 2001), sugiriendo para algunos la evolución de una variedad nueva y más virulenta (Enserink 2002, Petersen y Roehrig 2001).

El VON en América

La llegada del VON a la ciudad de Nueva York en 1999 tal vez permanecerá siempre bajo un halo de misterio. Considerando la biología de la transmisión del virus, el medio más plausible de llegada pudo haber sido ya sea a través de un ave o un mosquito infectado llegando a un puerto marino o aéreo. La sugerencia de que la introducción fue natural a través de migración normal o accidental de las aves es también válida (Rappole et al. 2000), aunque la infección del ave y el movimiento transcontinental a grandes distancias sería una combinación poco probable. De cualquier manera, tal vez no exista nunca una respuesta precisa acerca de cómo llegó el virus a América. Por el contrario, existe a la mano una visión más o menos clara acerca de dónde vino. Los primeros análisis indicaron una identidad casi completa de la secuencia del RNA entre muestras del virus aisladas de Nueva York y muestras previas tomadas en Israel

(Petersen y Roehrig 2001). Análisis subsecuentes confirmaron la similitud de las secuencias del VON de ambas regiones (Giladi et al. 2001), aunque aparentemente no hubo secuencias de otras regiones (e.g., África, Europa) disponibles para comparación. A pesar de ello, se puede indicar el origen de la cepa del VON que llegó a la ciudad de Nueva York, en el Medio Oriente.

Desde su llegada a este continente, el VON se ha propagado muy rápidamente (fig. 1). Desde su localización inicial en una zona muy puntual en la ciudad de Nueva York en 1999, el virus se expandió prácticamente en todo Estados Unidos tan sólo 4 años después. A principios de 2004, las únicas zonas de este país en donde no se ha registrado la presencia del VON, son al oeste, la zona conocida como Great Basin y la costa del Pacífico, desde el Centro de California hasta Alaska, con excepción de Puget Sound, en el estado de Washington, en donde se registró al virus en 2002. Actualmente sólo los estado de Oregon, Alaska y Hawai no han reportado actividad de VON.

En las demás regiones del Hemisferio Norte de este continente, la actividad del VON ha sido menos documentada. En México se ha registrado en Coahuila (Blitvich et al. 2003a), Tabasco (Estrada-Franco et al. 2003), Yucatán (Loroño-Pino et al. 2003) y posiblemente Chiapas (Ulloa et al. 2003). En el Caribe, se registró en 2001-2002 en Jamaica (Dupuis II et al. 2003), República Dominicana (Komar et al. 2003b), Guadalupe (Quirin et al. 2004) y las Islas Caimán (CDC 2002a). Aunque no hay registros del VON más al sur, es posible que esto se deba a que no se ha hecho una búsqueda intensa y los indicadores (e.g., mortandad de aves), son más difíciles de observar en zonas tropicales. Sin embargo, es altamente probable que su distribución actual sea mucho más extensa de lo que se conoce ahora, incluyendo todo el Caribe, Centroamérica y una gran parte de Sudamérica. Existe evidencia de que los ciclos migratorios de las aves puedan estar jugando un papel importante en la propagación a larga distancia de esta enfermedad (Peterson et al. 2003, Rappole et al. 2000).



Figura 1. Patrones de propagación conocida del Virus del Nilo en el norte de América hasta 2003. En negro se representa la distribución en 1999; gris oscuro corresponde a 2000; gris claro a 2001; polígono interior (línea clara) a 2002 y polígono exterior (línea oscura) a 2003.

Ciclos de Transmisión

El ciclo de transmisión principal involucra a mosquitos ornitofílicos como vectores y a las aves como reservorios, aunque se conocen por lo menos cuatro excepciones, como se describe a continuación.

Ciclo principal: Aves-Mosquitos-Aves

Como se mencionó, el ciclo principal involucra a los mosquitos como vectores y a las aves como reservorios. De entre éstas, los taxa más importantes como reservorios para mantener el ciclo de transmisión no se tienen bien

establecidos (Komar et al. 2003a) y es posible que varíen geográficamente. Algunos datos recientes de campo y laboratorio pueden aportar algo de información valiosa. Se ha podido demostrar infección por picadura de mosquitos en una amplia variedad de aves, incluyendo 25 especies pertenecientes a nueve órdenes bajo experimentos controlados (Komar et al. 2003a) y aún más en campo (en donde se supone que fueron infectados por mosquitos), incluyendo varias especies en Europa (Hubálek and Halouzka 1999) y muchas otras de todas partes del mundo infectadas en el zoológico de la ciudad de Nueva York (Ludwig et al. 2002, Steele et al. 2000); así como cientos de especies en Estados Unidos (Komar 2003) y varias en el Caribe (Dupuis II et al. 2003, Komar et al. 2003b). Los efectos del virus en estas especies van desde benignos, por ejemplo en varias especies europeas (Hubálek and Halouzka 1999, McIntosh et al. 1969), hasta casi universalmente letales (Komar et al. 2003a, Taylor et al. 1956).

En general, parece que las especies del orden Passeriformes representan los reservorios más competentes, aunque miembros de otros órdenes también es posible que lo sean. Por ejemplo, una o más especies de los nueve órdenes expuestos experimentalmente resultaron infectados (Komar et al. 2003a), pero de las siete especies que no alcanzaron niveles infecciosos de viremia ninguna fue passeriforme. Asimismo, la duración del periodo de contagio entre las aves varió de 0 a 5.5 días, en donde los 10 valores mínimos pertenecieron todos a especies no passeriformes. En términos de aptitud como reservorios, dentro de las 10 especies con los valores máximos, sólo una de ellas no fue passeriforme; y de las 10 especies con los valores mínimos, ninguna perteneció a este orden, lo que sugiere que las aves passeriformes son particularmente importantes como reservorios del VON (Komar et al. 2003a).

Con respecto a los mosquitos, las especies en las que se ha documentado infección por VON incluyen por lo menos 43 en Europa (Hubálek and Halouzka 1999). En el Continente Americano, aunque ya se ha registrado el patógeno en algunas docenas de especies (Andreadis et al. 2001a, b, Bernard et al. 2001, Sardelis and Turell 2001, Sardelis et al. 2001, Turell et al. 2001), to parece indicar que las especies del género *Culex* son las más importantes para mantener los

ciclos locales de transmisión. Por ejemplo, de 32,814 mosquitos examinados de la zona de Nueva York y Nueva Jersey en 1999, de los cuales 14,798 pertenecieron a géneros distintos a *Culex*, sólo los individuos de este género resultaron infectados (Petersen and Roehrig 2001).

Sin embargo, especies como *Ochlerotatus japonicus* y *Aedes albopictus* mostraron niveles más altos de aptitud como vectores que siete especies de *Culex* evaluadas experimentalmente (revisado en Komar 2003). Una consideración importante es que especies de mosquitos ornitófilas, pero que también se alimentan de otros vertebrados, como mamíferos y reptiles (vectores puente), es posible que sean los responsables de la mayor parte de las infecciones a humanos, equinos y otros taxa en donde se ha documentado infección (lagartos, murciélagos, ardillas, conejos, zorrillos y otros).

Ciclos Alternativos

Aunque el ciclo de transmisión ave-mosquito-ave es seguramente el responsable de la mayor parte de la transmisión y propagación del VON, otros ciclos han sido documentados y demuestran la complejidad del sistema. Primero, existe transmisión potencial ave-garrapata-ave, documentado en Europa (Hubálek and Halouzka 1999). El VON ha sido aislado tanto de garrapatas argásidas (suaves) como de las amblyommine (duras), que son más generalistas y se ha demostrado experimentalmente que algunas especies pueden transmitir VON a las aves; aunque las especies de garrapatas americanas evaluadas resultaron negativas (Anderson et al. 2003).

Otra ruta de transmisión es la infección vertical de los mosquitos a sus crías. Esto ha sido demostrado experimentalmente (aunque en tasas de transmisión bajas) en *Aedes albopictus*, *Ae. aegypti*, *Culex tritaeniorhynchus* y *Cx. pipiens* (revisado en Komar 2003).

Bajo circunstancias particulares grupos taxonómicos diferentes de las aves son capaces de mantener niveles de infección de VON lo suficientemente altos como para reinfectar mosquitos. Por ejemplo, se ha documentado que *Rana ridibunda* es un hospedero competente en Rusia (Hubálek and Halouzka 1999),

aunque varias especies de anfibios y reptiles de América evaluadas no lo fueron (Klenk and Komar 2003). Asimismo, aunque se ha comprobado infección por VON en varias especies de mamíferos, se cree que sólo *Lemur fulvus* es capaz de mantener ciclos de transmisión (Rodhain et al. 1985).

Por último, es muy interesante el hecho de que el VON es un arbovirus (virus cuyo origen son los artrópodos) que se puede transmitir sin la intervención de un vector. Diversos medios de transmisión directa de ave a ave han sido registrados. Por ejemplo, se ha documentado experimentalmente infección oral en 5 de 11 especies analizadas (Komar et al. 2003a). Otra forma documentada de transmisión es mediante contacto directo (sin conocerse el modo exacto), ya que individuos de cuatro especies de aves de 18 evaluadas fueron contagiados al ser mantenidos en encierros que contenían individuos infectados (Komar et al. 2003a).

Efectos del VON en aves y otros vertebrados

Una alta mortalidad es un efecto frecuente en las aves de Norteamérica expuestas al VON, posiblemente debido a una falta de inmunidad por falta de exposiciones previas y/o a un aumento en la virulencia de las cepas de VON que circulan en esta región (Petersen and Roehrig 2001). Los síntomas clínicos comunes de la enfermedad en las aves que preceden a la muerte por encefalitis en un lapso de 24 horas incluyen: aletargamiento, posturas inusuales, falta de control motriz y ataxia (Komar et al. 2003a). Es interesante que en el Viejo Mundo, las aves infectadas con VON no presentan ningún síntoma (Hubálek and Halouzka 1999).

Se han registrado por lo menos 198 especies de aves que mueren por infección de VON (Komar 2003). En México, durante el 2003 se reportaron 10 individuos pertenecientes a nueve especies que murieron por infección de VON y se encontraron anticuerpos de este virus (indicativo de que hubo infección) en 233 individuos de 56 especies en diferentes estados a lo largo de la República.

En otros vertebrados, incluyendo anfibios, reptiles y mamíferos, se ha documentado infección y mortandad por VON. El problema es especialmente importante en equinos, en donde se ha registrado una mortandad hasta del 40%.

El padecimiento letal que causan en los mamíferos es una meningitis o encefalitis severa. Debido a las características de transmisión, la población humana se encuentra en un alto riesgo de infección, y los estratos de edad extremos (niños pequeños y ancianos) son los más vulnerables a presentar cuadros clínicos severos.

Las consecuencias negativas potenciales, tanto ecológicas como de salud pública, fueron las que motivaron el desarrollo de este proyecto. Es claro que el papel más preponderante en los ciclos de transmisión del VON lo tienen las aves (principalmente passeriformes) y los mosquitos (particularmente del género *Culex*). De la misma manera, hay evidencia que el fenómeno de la migración invernal de las aves puede ser un proceso que acelere de manera muy importante el proceso de propagación del agente infeccioso. El objetivo principal del estudio entonces, fue modelar la distribución geográfica de ambos grupos en el norte del Continente Americano (desde Canadá hasta Panamá), siguiendo como estrategia el modelado de la distribución de las aves passeriformes migratorias en sus áreas anidación y de invernación, y al mismo tiempo modelar la distribución de los mosquitos *Culex* en toda la región. Esto con el fin de obtener un marco de referencia geográfico-ecológico que permita hacer evaluaciones de riesgo de infección de VON. Lamentablemente, no fue posible obtener las bases de datos de los registros de presencia de los mosquitos, así que el estudio se limitó a la modelación estacional de las aves passeriformes migratorias.

Capítulo 2. Métodos

Usando el algoritmo genético GARP y sistemas de información geográfica, se modeló el nicho ecológico y la distribución geográfica, desde Canadá hasta Panamá, de las 178 especies de aves passeriformes migratorias (Apéndice), tanto en su ámbito de anidación como de invernación. Los mapas individuales de cada temporada fueron agregados entre sí para producir un mapa de riqueza de especies para la temporada de anidación y otro para la de invernación.

Datos biológicos

Se recopiló la información correspondiente a las localidades de registros de las especies de aves de tres bases de datos: (1) el Atlas de las Aves de México (Navarro y Peterson, datos no publicados), que es una compilación de registros de todas las especies que habitan nuestro país y que están depositadas en diversas colecciones científicas alrededor del mundo, (2) el Breeding Bird Survey (<http://www.mbr-pwrc.usgs.gov/bbs/>) y (3) el Christmas Bird Count (<http://www.audubon.org/bird/cbc/>). De todos los datos obtenidos, se seleccionaron sólo aquellos correspondientes a la temporada de anidación (abril a junio) y de invernación (diciembre a febrero).

Datos geográficos

Para generar los modelos de nicho ecológico con GARP, se usaron coberturas digitales climáticas y topográficas. Las coberturas climáticas se obtuvieron del Intergovernmental Panel on Climate Change (http://ipcc-ddc.cru.uea.ac.uk/obs/get_30yr_means.html) y corresponden a interpolaciones globales de climatologías promedio de 1961-1990 de los siguientes parámetros climáticos: temperatura media, temperatura máxima, temperatura mínima, precipitación, frecuencia de heladas, radiación solar, humedad y presión de vapor. Las coberturas topográficas utilizadas fueron obtenidas del proyecto Hydro 1k del USGS (<http://edc.usgs.gov/products/elevation/gtopo30/gtopo30.html>) y correspondieron a las variables de: pendiente, inclinación de la pendiente, índice

topográfico y elevación. Las coberturas climáticas tienen una resolución nativa (tamaño de celda) de 0.5 grados decimales (aprox. 50 km por lado) y las topográficas de 0.01 grados decimales (aprox. 1 km por lado). A todas las coberturas se les cambió el tamaño de celda a 0.1 grados decimales (aprox. 10 km por lado) para realizar los modelos.

Modelado de nichos ecológicos y distribuciones geográficas

La producción de los mapas de distribución geográfica por medio del modelado del nicho de las especies se llevó al cabo con el algoritmo genético GARP, utilizando el programa DesktopGarp ver. 1.1.6 (<http://www.lifemapper.org/desktopgarp/>). Para ello, se utilizaron los siguientes parámetros dentro del programa:

- (1) 50% de puntos de entrenamiento
- (2) se produjeron 20 modelos, con un nivel de convergencia de 0.01 y 1000 iteraciones
- (3) se usaron los 4 tipo de reglas

En la sección de los mejores modelos (Best Subsets), los parámetros usados fueron:

- (1) Medida de omisión Extrínseca
- (2) Criterio de omisión Suave, seleccionando 2 modelos (20% de la distribución)
- (3) De estos 2 modelos, se seleccionó aquel que estuvo más cercano a la mediana (50% de límite de comisión).

De esta forma, al final se obtuvo un modelo por especie por temporada (anidación e invernación), en donde los valores de los píxeles eran de 1 (presencia) y 0 (ausencia).

Varios de los mapas obtenidos del modelado presentaron diferentes grados de sobrepredicción (a menudo se le interpreta como la distribución potencial de la especie). Para aproximar estos mapas de distribución potencial a una distribución que correspondiera mejor con la conocida (o histórica), se llevó al cabo un recorte de la siguiente manera: en el sistema de información ArcView 3.2, se trazó un polígono que correspondiera con los límites de distribución para cada temporada,

según el American Ornithologist Union (1998) y la predicción que quedara fuera de ese polígono fue reclasificada de presencia a ausencia.

Finalmente, los mapas de distribución “histórica” obtenidos para cada especie y por cada temporada fueron sumados en ArcView para producir un mapa de riqueza correspondiente a cada temporada. En estos mapas, los valores de los píxeles indican el número de especies esperadas, según los modelos.

Capítulo 3. Resultados y Conclusiones

Se produjeron un total de 358 mapas, correspondiendo 179 mapas para cada temporada. De éstos, 178 son de especies individuales y un mapa de riqueza de especies por temporada (fig. 2).

Los patrones de distribución de las especies muestran que para la temporada de anidación (abril-junio), las zonas de mayor riqueza de especies se concentra en la frontera central y centro-este de Canadá con Estados Unidos. El número de especies en estas zonas va de 80 a 93. Otras regiones de gran concentración de especies son las Montañas Rocosas, el Great Basin y la costa oeste de los Estados Unidos, con números que van desde las 50 hasta las 70 especies.

Para México, el norte del país es la región que presenta la mayor riqueza de especies, particularmente en la frontera con Estados Unidos en los estados de Chihuahua y Sonora, alcanzando número de hasta 53 especies. En la región del noreste también hay áreas con una riqueza importante, particularmente en la zona norte de Coahuila, en donde se alcanzan valores de hasta 45 especies. La riqueza se va reduciendo gradualmente hacia el sur, pero siempre observándose un patrón claro de más especies en las sierras que en el Altiplano, hasta llegar al Eje Neovolcánico. Al sur de éste, los números apenas llegan a las 30 especies.

El escenario obtenido para la temporada de invierno es muy distinto. Las zonas de mayor riqueza de especies se concentran en el centro de México, particularmente en la Sierra Madre Occidental (particularmente en Jalisco y Durango) y en la Sierra Madre Oriental (en la región Huasteca y en los límites de Puebla y Veracruz) y en las sierras que están al sur de la Depresión del Balsas. En todas estas partes, la riqueza alcanza números de 80 a 89 especies. Otras regiones con números de especies muy altos (70-80) se concentran en la frontera de México y Estados Unidos, tanto den Chihuahua y Sonora, como en Nuevo León y Tamaulipas; asimismo en la Sierra Madre del Sur y las sierras de Chiapas. Es importante destacar que son las zonas serranas en esta temporada también las que albergan los números más altos de especies; y las zonas planas, como la

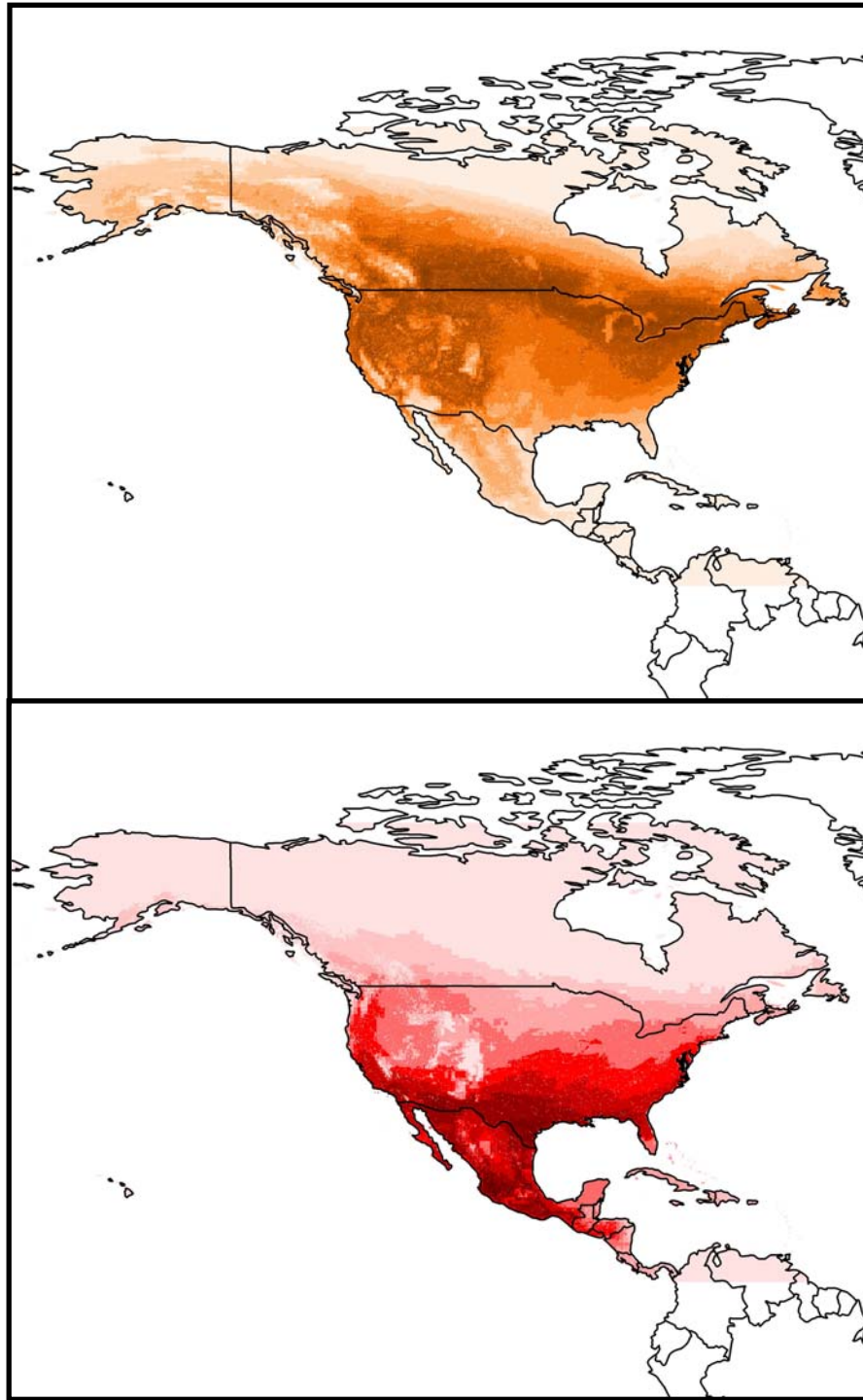


Figura 2. Patrones de distribución de la riqueza de especies de aves migratorias en Norteamérica en la temporada de anidación (abril a junio; módulo superior) e invernación (diciembre a febrero; módulo inferior). Los colores oscuros representan las zonas de mayor riqueza de especies y viceversa.

Península de Yucatán y el Altiplano, tienen relativamente pocas especies migratorias (entre 30 y 35).

Los resultados muestran que no existen zonas de bajo riesgo en todo el subcontinente para la presencia del VON. Para el caso de México la situación es un tanto más delicada, ya que alberga las zonas de más alta riqueza de especies durante la época invernal. Si se presentaran brotes epidémicos las consecuencias para algunos grupos de aves y otros vertebrados (como los caballos), así como para ciertas clases de edad de la población humana pueden ser considerablemente negativas (Male 2003). Aunque hay pocos estudios de los impactos del VON en las poblaciones silvestres de aves, se sabe que hay algunos que son particularmente sensibles. Tal es el caso de los córvidos, que en ciertas regiones de Estados Unidos han visto reducciones poblacionales importantes que han llegado hasta 40% y casi 70% (Caffrey and Peterson 2003, Caffrey et al. 2003, Eidson et al. 2001a, Yaremych et al. 2004), e incluso a la extinción local (Komar et al 2001a). En otras especies, como *Cyanocitta cristata* y *Poecile spp.*, también se han detectado reducciones importantes (Bonter and Hochachka 2003).

En el Continente Americano existen un número elevado de especies de distribución restringida que pueden llegar a situaciones críticas por efecto del VON. En particular, los miembros de la familia Corvidae en México son un grupo al que hay que poner particular atención, ya que existen 8 especies endémicas (*Cyanolyca mirabilis*, *Aphelocoma guerrerensis*, *C. nana*, *Cyanocorax dickeyi*, *C. Sanblasianus*, *C. beecheii*, *Corvus imparatus* y *C. sinaloae*) y es uno de los grupos que presentan las tasas de mortalidad más altas por infección del VON, así como las codornices, que también tienen varias especies de distribución restringida y algunas se encuentran de por sí ya en una situación de amenaza (Bernard et al. 2001).

El futuro del VON en el Nuevo Mundo

Es muy probable que la propagación del VON por el Continente Americano llegue a todas partes. Las migraciones de las aves y de los humanos tienen el potencial de propagar al virus de norte a sur y viceversa (Rappole and Hubálek

2003). Es por ello que se vuelve crítico conocer las rutas migratorias de las aves para poder anticipar posibles zonas de infestación. En ese sentido, La zona sur de México y Centroamérica se vuelve importante, porque allí se concentran las aves que migran del este y del oeste de las latitudes altas del continente, lo que permitiría la propagación no nada más latitudinal, sino longitudinal también (Chesser and Levey 1998, Powell and Bjork 1995). Es posible incluso, que este continente sea la ruta para que el VON invada el este de Asia y Oceanía, ya que existen aves que hacen migraciones transcontinentales por Alaska hacia Siberia y el sureste de Asia, como es el caso de *Phylloscopus borealis*.

Es necesario reforzar los sistemas de monitoreo del VON. En la actualidad existen diferentes sistemas ya implementados y que tienen resultados favorables, principalmente en los Estados Unidos; entre ellos está el reporte telefónico de aves muertas, muestreos de poblaciones de mosquitos y el monitoreo de anticuerpos en especies vivas (“sentinelas”) (Brownstein et al. 2004, Guptill et al. 2003). Un reto mayor es en los países con una infraestructura menos desarrollada y con zonas de importancia primordial para la propagación del VON, como es el caso de México. Sería muy conveniente que se lograra una mayor colaboración entre las autoridades de salud pública, la academia y la sociedad que permitiera una concientización del problema y acciones coordinadas para reducir los posibles efectos, tanto para las personas, como para la fauna doméstica y silvestre. Este estudio provee información que permite tener un panorama geográfico de las zonas y las especies que requieren especial atención.

Bibliografía Consultada

- Anderson, J. F., Main, A. J., Andreadis, T. G., Wikel, S. K. and Vossbrinck, C. R. (2003) Transstadial transfer of West Nile virus by three species of ixodid ticks (Acari: Ixodidae). *J. Med. Entomol.* 40: 528–533.
- Andreadis, T. G., Anderson, J. F., Munstermann, L. E., Wolfe, R. J. and Florin, D. A. (2001a) Discovery, distribution, and abundance of the newly introduced mosquito *Ochlerotatus japonicus* (Diptera: Culicidae) in Connecticut, USA. *J. Med. Entomol.* 38: 774–779.
- Andreadis, T. G., Anderson, J. F. and Vossbrinck, C. R. (2001b) Mosquito surveillance for West Nile virus in Connecticut, 2000: Isolation from *Culex pipiens*, *Cx. restuans*, *Cx. salinarius*, and *Culiseta melanura*. *Emerg. Infect. Dis.* 7: 1–11.
- AOU (American Ornithologists Union) (1998). *Check-list of North American Birds*. 6^o Edt. Allen Press, Lawrence, Kansas, U.S.A. 829 pp.
- Bernard, K. A., Maffei, J. G., Jones, S. A., Kauffman, E. B., Ebel, G. D., Dupuis II, A. P., Ngo, K. A., Nicholas, D. C., Young, D. M., Shi, P.-Y., Kulasekera, V. L., Eidson, M., White, D. J., Stone, W. B., Team, N. S. W. N. V. S. and Kramer, L. D. (2001) West Nile virus infection in birds and mosquitoes, New York State, 2000. *Emerg. Infect. Dis.* 7: 1–13.
- Bibby, C. J., Collar, N. J., Crosby, M. J., Heath, M. F., Imboden, C., Johnson, T. H., Long, A. J., Stattersfield, A. J. and Thirgood, S. J. (1992) *Putting biodiversity on the map: priority areas for global conservation*. Cambridge, U.K.: International Council for Bird Preservation.
- Blitvich, B. J., Fernández-Salas, I., Contreras-Cordero, J. F., Marlenee, N. L., González-Rojas, J. I., Komar, N., Gubler, D. J., Calisher, C. H. and Beaty, B. J. (2003a) Serologic evidence of West Nile Virus infection in horses, Coahuila state, Mexico. *Emerg. Infect. Dis.* 9: 853–856.
- Blitvich, B. J., Marlenee, N. L., Hall, R. A., Calisher, C. H., Bowen, R. A., Roehrig, J. T., Komar, N., Langevin, S. A. and Beaty, B. J. (2003b) Epitope-blocking enzyme-linked immunosorbent assays for the detection of serum antibodies to West Nile virus in multiple avian species. *J. Clin. Microbiol.* 41: 1041–1047.
- Bonter, D. N. and Hochachka, W. M. (2003) Declines of chickadees and corvids: possible impacts of West Nile virus. *Amer. Birds* 103: 22–25.
- Brownstein, J. S., Holford, T. R. and Fish, D. (2004) Enhancing West Nile virus surveillance, United States. *Emerg. Infect. Dis.* 10: 1129–1133.
- Caffrey, C. and Peterson, C. C. (2003) West Nile virus may not be a conservation issue in northeastern United States. *Amer. Birds* 103: 14–21.
- Caffrey, C., Weston, T. J. and Smith, S. C. R. (2003) High mortality among marked crows subsequent to the arrival of West Nile virus. *Wildlife Soc. Bull.* 31: 870–872.
- CDC (2002a) West Nile virus activity — United States, 2001. *MMWR* 51: 497–501.

- CDC (2002b) Laboratory-acquired West Nile virus infections — United States, 2002. *MMWR* 51: 1133–1135.
- CDC (2003) West Nile virus infection among turkey breeder farm workers — Wisconsin, 2002. *MMWR* 52: 1017–1019.
- Chesser, R. T. and Levey, D. J. (1998) Austral migrants and the evolution of migration in New World birds: diet, habitat, and migration revisited. *Amer. Nat.* 152: 311–319.
- Clayton, D. H. and Moore, J. (1997) *Host-parasite evolution: general principles and avian models*. Oxford: Oxford University Press.
- Davis, B. S., Chang, G. J., Cropp, B., Roehrig, J. T., Martin, D. A., Mitchell, C. J., Bowen, R. and Bunning, M. L. (2001) West Nile virus recombinant DNA vaccine protects mouse and horse from virus challenge and expresses in vitro a noninfectious recombinant antigen that can be used in enzyme-linked immunosorbent assays. *J. Virol.* 75: 4040–4047.
- Docherty D. E., Long, R. R., Griffin, K. M. and Saito, E. K. (2004) Corvidae feather pulp and West Nile virus detection. *Emerg. Infect. Dis.* 10: 907–909.
- Dupuis II, A. P., Marra, P. P. and Kramer, L. D. (2003) Serologic evidence of West Nile Virus transmission, Jamaica, West Indies. *Emerg. Infect. Dis.* 9: 860–863.
- Eidson, M. (2001) “Neon needles” in a haystack — the advantages of passive surveillance for West Nile virus. *Ann. N. Y. Acad. Sci.* 953: 38–53.
- Eidson, M., Komar, N., Sorhage, F., Nelson, R., Talbot, T., Mostashari, F. and McLean, R. (2001a) Crow deaths as a sentinel surveillance system for West Nile virus in the northeastern United States, 1999. *Emerg. Infect. Dis.* 7: 615–620.
- Eidson, M., Kramer, L. D., Stone, W., Hagiwara, Y., Schmitt, K., et al. (2001b) Dead bird surveillance as an early warning system for West Nile virus. *Emerg. Infect. Dis.* 7: 631–635.
- Eidson, M., Miller, J., Kramer, L., Cherry, B., Hagiwara, Y., et al. (2001c) Dead crow densities and human cases of West Nile virus, New York state, 2000. *Emerg. Infect. Dis.* 7: 662–664.
- Estrada-Franco, J. G., Navarro-López, R., Beasley, D. W. C., Coffey, L., Carrara, A.-S., Travassos-da-Rosa, A., Clements, T., Wang, E., Ludwig, G. V., Campomanes-Cortes, A., Paz-Ramírez, P., Tesh, R. B., Barrett, A. D. T. and Weaver, S. C. (2003) West Nile Virus in Mexico: evidence of widespread circulation since July 2002. *Emerg. Infect. Dis.* 9: 1604–1607.
- Giladi, M., Metzker-Cotter, E., Martin, D. A., Siegman-Igra, Y., Korczyn, A. D., Rosso, R., Berger, S. A., Campbell, G. L. and Lanciotti, R. S. (2001) West Nile encephalitis in Israel, 1999: the New York connection. *Emerg. Infect. Dis.* 7: 659–661.
- Guptill, S. C., Julian, K. G., Campbell, G. L., Price, S. D. and Marfin, A. A. (2003) Early season avian deaths from West Nile virus as warnings of human infection. *Emerg. Infect. Dis.* 9: 483–484.
- Hubálek, Z. and Halouzka, J. (1999) West Nile fever — a reemerging mosquito-borne viral disease in Europe. *Emerg. Infect. Dis.* 5: 643–650.

- Klenk, K. and Komar, N. (2003) Poor replication of West Nile virus (New York 1999 strain) in three reptilian and one amphibian species. *Amer. J. Trop. Med. Hyg.* 69: 260–262.
- Komar, N. (2001) West Nile virus surveillance using sentinel birds. *Ann. N. Y. Acad. Sci.* 951: 58–73. Komar, N. (2003) West Nile virus: epidemiology and ecology in North America. *Adv. Virus Res.* 61: 185–234.
- Komar, N., Burns, J., Dean, C., Panella, N. A., Dusza, S. and Cherry, B. (2001a) Serological evidence for West Nile virus infection in birds in Staten Island, New York, after an outbreak in 2000. *Vector Borne Zoonotic Dis.* 1: 191–196.
- Komar, N., Panella, N. A., Burns, J. E., Dusza, S. W., Mascarenhas, T. M. and Talbot, T. O. (2001b) Serologic evidence for West Nile virus infection in birds in the New York City vicinity during an outbreak in 1999. *Emerg. Infect. Dis.* 7: 621–625.
- Komar, N., Langevin, S., Hinten, S., Nemeth, N., Edwards, E., Hettler, D., Davis, B., Bowen, R. and Bunning, M. (2003a) Experimental infection of North American birds with the New York 1999 strain of West Nile virus. *Emerg. Infect. Dis.* 9: 311–322.
- Komar, O., Robbins, M. B., Klenk, K., Blitvich, B. J., Marlenee, N. L., Burkhalter, K. L., Gubler, D. J., González, G., Peña, C. J., Peterson, A. T. and Komar, N. (2003b) West Nile virus transmission in resident birds, Dominican Republic. *Emerg. Infect. Dis.* 9: 1299–1302.
- Lanciotti, R. S. (2003) Molecular amplification assays for the detection of flaviviruses. *Adv. Virus Res.* 61: 67–99.
- Lanciotti, R. S., Roehrig, J. T., Deubel, V., Smith, J., Parker, M., Steele, K., Crise, B., Volpe, K. E., Crabtree, M. B., Scherret, J. H., Hall, R. A., Mackenzie, J. S., Cropp, C. B., Panigrahy, B., Ostlund, E., Schmitt, B., Malkinson, M., Banet, C., Weissman, J., Komar, N., Savage, E., Stone, W., McNamara, T. and Gubler, D. J. (1999) Origin of the West Nile virus responsible for an outbreak of encephalitis in the northeastern United States. *Science* 286: 2333–2337.
- Le Guenno, B., Bougermouth, A., Azzam, T. and Bouakaz, R. (1996) West Nile: a deadly virus? *Lancet* 348: 1315.
- Lindsay, R., Barker, I., Nayar, G., Drebot, M., Calvin, S., Scammell, C., Sachvie, C., Fleur, T. S., Dibernardo, A., Andonova, M. and Artsob, H. (2003) Rapid antigen-capture assay to detect West Nile virus in dead corvids. *Emerg. Infect. Dis.* 9: 1406–1410.
- LoGiudice, K., Ostfeld, R. S., Schmidt, K. A. and Keesing, F. (2003) The ecology of infectious disease: effects of host diversity and community composition on Lyme disease risk. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 100: 567–571.
- Loroño-Pino, M. A., Blitvich, B. J., Farfán-Ale, J. A., Puerto, F. I., Blanco, J. M., Marlenee, N. L., Rosado-Paredes, E. P., García-Rejón, J. E., Gubler, D. J., Calisher, C. H. and Beaty, B. J. (2003) Serologic evidence of West Nile Virus infection in horses, Yucatan state, Mexico. *Emerg. Infect. Dis.* 9: 857–859.

- Ludwig, G. V., Calle, P. P., Mangiafico, J. A., Raphael, B. L., Danner, D. K., Hile, J. A., Clippinger, T. L., Smith, J. F., Cook, R. A. and McNamara, T. (2002) An outbreak of West Nile virus in a New York City captive wildlife population. *Amer. J. Trop. Med. Hyg.* 67: 67–75.
- Male, T. (2003) Potential impact of West Nile Virus on American avifaunas. *Conserv. Biol.* 17: 928–930.
- Marfin, A. A., Petersen, L. R., Eidson, M., Miller, J., Hadler, J., Farello, C., Werner, B., Campbell, G. L., Layton, M., Smith, P., Bresnitz, E., Carter, M., Scaletta, J., Obiri, G., Bunning, M., Craven, R. C., Roehrig, J. T., Julian, K. G., Hinten, S. R., Gubler, D. J. and ArboNET (2001) Widespread West Nile virus activity, eastern United States, 2000. *Emerg. Infect. Dis.* 7: 730–735.
- McIntosh, B. M., Dickinson, D. B., McGillivray, G. M. and Sweetnam, J. (1969) Ecological studies on Sindbis and West Nile viruses in South Africa. V. The response of birds to inoculation of virus. *South Afr. J. Med. Sci.* 34: 77–82.
- Nasci, R., Savage, H. M., White, D. J., Miller, J., Cropp, B. C., Godsey, M. S., Kerst, A. J., Bennett, P., Gottfried, K. and Lanciotti, R. S. (2001) West Nile virus in overwintering *Culex* mosquitoes, New York City, 2000. *Emerg. Infect. Dis.* 7: 1–2.
- New, M., Hulme, M. and Jones, P.D. (1999) Representing twentieth century space-time climate variability. Part 1: development of a 1961-90 mean monthly terrestrial climatology. *J. Clim.* 12: 829-856.
- Ostfeld, R. S. and Keesing, F. (2000) The function of biodiversity in the ecology of vector-borne zoonotic diseases. *Can. J. Zool.* 78: 2061–2078.
- Panella, N. A., Kerst, A. J., Lanciotti, R. S., Bryant, P., Wolf, B. and Komar, N. (2001) Comparative West Nile virus detection in organs of naturally infected American Crows (*Corvus brachyrhynchos*). *Emerg. Infect. Dis.* 7: 754–755.
- Petersen, L. R. and Roehrig, J. T. (2001) West Nile virus: a reemerging global pathogen. *Emerg. Infect. Dis.* 7: 1–10.
- Peterson, A. T., Vieglais, D. A. and Andreasen, J. (2003) Migratory birds as critical transport vectors for West Nile Virus in North America. *Vector Borne Zoonotic Dis.* 3: 39–50.
- Powell, G. V. N. and Bjork, R. (1995) Implications of intratropical migration on reserve design — a case-study using *Pharomachrus mocinno*. *Conserv. Biol.* 9: 354–362.
- Quirin, R., Salas, M., Zientara, S., Zeller, H., Labie, J., Murri, S., Lefrançois, T., Petitclerc, M. and Martinez, D. (2004) West Nile virus, Guadeloupe. *Emerg. Infect. Dis.* 10: 706–708.
- Rappole, J. and Hubálek, Z. (2003) Migratory birds and West Nile virus. *J. Appl. Microbiol.* 94: 47–58.
- Rappole, J., Derrickson, S. R. and Hubálek, Z. (2000) Migratory birds and spread of West Nile virus in the Western Hemisphere. *Emerg. Infect. Dis.* 6: 319–328.

- Rodhain, F., Petter, J. J., Albignac, R., Coulanges, P. and Hannoun, C. (1985) Arboviruses and lemurs in Madagascar: experimental infection of Lemur fulvus with yellow fever and West Nile viruses. *Amer. J. Trop. Med. Hyg.* 34: 816.
- Sardelis, M. R. and Turell, M. J. (2001) *Ochlerotatus j. japonicus* in Frederick County, Maryland: discovery, distribution, and vector competence for West Nile virus. *J. Amer. Mosquito Control Assoc.* 17: 137–141.
- Sardelis, M. R., Turell, M. J., Dohm, D. J. and O’Guinn, M. L. (2001) Vector competence of selected North American *Culex* and *Coquillettidia* mosquitoes for West Nile virus. *Emerg. Infect. Dis.* 7: 1–11.
- Schmidt, K.A. and Ostfeld, R.S. (2001) Biodiversity and the dilution effect in disease ecology. *Ecology* 82: 609–619.
- Stattersfield, A. J., Crosby, M. J., Long, A. J. and Wege, D. C. (1999) *Endemic bird areas of the world: priorities for global conservation*. Cambridge, U.K.: BirdLife International.
- Steele, K. E., Linn, M. J., Schoepp, R. J., Komar, N., Geisbert, T. W., Manduca, R. M., Calle, P. P., Raphael, B. L., Clippinger, T. L., Larsen, T., Smith, J., Lanciotti, R. S., Panella, N. A. and McNamara, T. S. (2000) Pathology of fatal West Nile virus infections in native and exotic birds during the 1999 outbreak in New York City, New York. *Vet. Pathol.* 37: 208–224.
- Taylor, R. M., Work, T. H., Hurlbut, H. S. and Rizk, F. (1956) A study of the ecology of West Nile virus in Egypt. *Amer. J. Trop. Med. Hyg.* 5: 579–620.
- Turell, M. J., O’Guinn, M. L., Dohm, D. J. and Jones, J. W. (2001) Vector competence of North American mosquitoes (Diptera: Culicidae) for West Nile virus. *J. Med. Entomol.* 38: 130–134.
- Turell, M. J., Bunning, M., Ludwig, G. V., Ortman, B., Chang, J., Speaker, T., Spielman, A., McLean, R., Komar, N., Gates, R., McNamara, T., Creekmore, T., Farley, L. and Mitchell, C. J. (2003) DNA vaccine for West Nile virus infection in fish crows (*Corvus ossifragus*). *Emerg. Infect. Dis.* 9: 1077–1081.
- Ulloa, A., Langevin, S. A., Méndez-Sánchez, J. D., Arredondo-Jiménez, J. I., Raetz, J. L., Powers, A. M., Villareal-Treviño, C., Gubler, D. J. and Komar, N. (2003) Serologic survey of domestic animals for zoonotic arbovirus infections in the Lacandón Forest region of Chiapas, Mexico. *Vector Borne Zoonotic Dis.* 3: 3–9.
- Yaremych, S. A., Warner, R. E., Mankin, P. C., Brawn, J. D., Raim, A. and Novak, R. (2004) West Nile virus and high death rate in American Crows. *Emerg. Infect. Dis.* 10: 709–711.

Apéndice

Lista de las especies de aves passeriformes migratorias que se analizaron en este estudio

<i>Agelaius phoeniceus</i>	<i>Catharus ustulatus</i>	<i>Empidonax wrightii</i>
<i>Agelaius tricolor</i>	<i>Certhia americana</i>	<i>Eremophila alpestris</i>
<i>Aimophila aestivalis</i>	<i>Chondestes grammacus</i>	<i>Euphagus carolinus</i>
<i>Aimophila cassinii</i>	<i>Cistothorus palustris</i>	<i>Euphagus cyanocephalus</i>
<i>Ammodramus bairdii</i>	<i>Cistothorus platensis</i>	<i>Geothlypis trichas</i>
<i>Ammodramus caudacutus</i>	<i>Coccothraustes vespertinus</i>	<i>Guiraca caerulea</i>
<i>Ammodramus henslowii</i>	<i>Contopus cooperi</i>	<i>Helmitheros vermivorus</i>
<i>Ammodramus leconteii</i>	<i>Corvus brachyrhynchos</i>	<i>Hirundo rustica</i>
<i>Ammodramus maritimus</i>	<i>Dendroica caerulescens</i>	<i>Hylocichla mustelina</i>
<i>Ammodramus nelsoni</i>	<i>Dendroica coronata</i>	<i>Icteria virens</i>
<i>Ammodramus savannarum</i>	<i>Dendroica discolor</i>	<i>Icterus abeillei</i>
<i>Amphispiza belli</i>	<i>Dendroica dominica</i>	<i>Icterus bullockii</i>
<i>Amphispiza bilineata</i>	<i>Dendroica graciae</i>	<i>Icterus cucullatus</i>
<i>Anthus rubescens</i>	<i>Dendroica magnolia</i>	<i>Icterus galbula</i>
<i>Anthus spragueii</i>	<i>Dendroica nigrescens</i>	<i>Icterus parisorum</i>
<i>Bombycilla cedrorum</i>	<i>Dendroica occidentalis</i>	<i>Icterus spurius</i>
<i>Bombycilla garrulus</i>	<i>Dendroica palmarum</i>	<i>Ixoreus naevius</i>
<i>Calamospiza melanocorys</i>	<i>Dendroica pensylvanica</i>	<i>Junco hyemalis</i>
<i>Calcarius lapponicus</i>	<i>Dendroica petechia</i>	<i>Lanius excubitor</i>
<i>Calcarius mccownii</i>	<i>Dendroica pinus</i>	<i>Lanius ludovicianus</i>
<i>Calcarius ornatus</i>	<i>Dendroica tigrina</i>	<i>Limnothlypis swainsonii</i>
<i>Calcarius pictus</i>	<i>Dendroica townsendi</i>	<i>Loxia curvirostra</i>
<i>Cardellina rubrifrons</i>	<i>Dendroica virens</i>	<i>Loxia leucoptera</i>
<i>Carduelis flammea</i>	<i>Dumetella carolinensis</i>	<i>Melospiza georgiana</i>
<i>Carduelis hornemanni</i>	<i>Empidonax albigularis</i>	<i>Melospiza lincolnii</i>
<i>Carduelis lawrencei</i>	<i>Empidonax difficilis</i>	<i>Melospiza melodia</i>
<i>Carduelis pinus</i>	<i>Empidonax flaviventris</i>	<i>Mimus polyglottos</i>
<i>Carduelis tristis</i>	<i>Empidonax hammondii</i>	<i>Mniotilta varia</i>
<i>Carpodacus cassinii</i>	<i>Empidonax minimus</i>	<i>Molothrus ater</i>
<i>Carpodacus mexicanus</i>	<i>Empidonax oberholseri</i>	<i>Myadestes townsendi</i>
<i>Carpodacus purpureus</i>	<i>Empidonax occidentalis</i>	<i>Myiarchus cinerascens</i>
<i>Catharus guttatus</i>	<i>Empidonax traillii</i>	<i>Myiarchus crinitus</i>

<i>Myiarchus tyrannulus</i>	<i>Spiza americana</i>	<i>Wilsonia pusilla</i>
<i>Oporornis formosus</i>	<i>Spizella arborea</i>	<i>Xanthocephalus</i>
<i>Oporornis tolmiei</i>	<i>Spizella atrogularis</i>	<i>xanthocephalus</i>
<i>Oreoscoptes montanus</i>	<i>Spizella breweri</i>	<i>Zonotrichia albicollis</i>
<i>Parula americana</i>	<i>Spizella pallida</i>	<i>Zonotrichia atricapilla</i>
<i>Passerculus sandwichensis</i>	<i>Spizella passerina</i>	<i>Zonotrichia leucophrys</i>
<i>Passerella iliaca</i>	<i>Spizella pusilla</i>	<i>Zonotrichia querula</i>
<i>Passerina amoena</i>	<i>Stelgidopteryx serripennis</i>	
<i>Passerina ciris</i>	<i>Sturnella magna</i>	
<i>Passerina cyanea</i>	<i>Sturnella neglecta</i>	
<i>Phainopepla nitens</i>	<i>Tachycineta bicolor</i>	
<i>Pheucticus ludovicianus</i>	<i>Tachycineta thalassina</i>	
<i>Pheucticus melanocephalus</i>	<i>Thryomanes bewickii</i>	
<i>Pinicola enucleator</i>	<i>Toxostoma bendirei</i>	
<i>Pipilo chlorurus</i>	<i>Toxostoma rufum</i>	
<i>Pipilo erythrophthalmus</i>	<i>Troglodytes aedon</i>	
<i>Pipilo maculatus</i>	<i>Troglodytes troglodytes</i>	
<i>Piranga flava</i>	<i>Turdus migratorius</i>	
<i>Piranga ludoviciana</i>	<i>Tyrannus forficatus</i>	
<i>Piranga rubra</i>	<i>Tyrannus verticalis</i>	
<i>Plectrophenax nivalis</i>	<i>Tyrannus vociferans</i>	
<i>Polioptila caerulea</i>	<i>Vermivora celata</i>	
<i>Pooecetes gramineus</i>	<i>Vermivora crissalis</i>	
<i>Pyrocephalus rubinus</i>	<i>Vermivora luciae</i>	
<i>Quiscalus quiscula</i>	<i>Vermivora peregrina</i>	
<i>Regulus calendula</i>	<i>Vermivora pinus</i>	
<i>Regulus satrapa</i>	<i>Vermivora ruficapilla</i>	
<i>Salpinctes obsoletus</i>	<i>Vermivora virginiae</i>	
<i>Sayornis phoebe</i>	<i>Vireo atricapillus</i>	
<i>Sayornis saya</i>	<i>Vireo bellii</i>	
<i>Seiurus aurocapillus</i>	<i>Vireo cassinii</i>	
<i>Seiurus motacilla</i>	<i>Vireo flavifrons</i>	
<i>Seiurus noveboracensis</i>	<i>Vireo gilvus</i>	
<i>Setophaga ruticilla</i>	<i>Vireo griseus</i>	
<i>Sialia currucoides</i>	<i>Vireo plumbeus</i>	
<i>Sialia mexicana</i>	<i>Vireo solitarius</i>	
<i>Sialia sialis</i>	<i>Vireo vicinior</i>	
<i>Sitta canadensis</i>	<i>Wilsonia citrina</i>	