

Informe final* del Proyecto HB016 Aves de México I

Responsable: Dra. Patricia Escalante Pliego
Institución: Universidad Nacional Autónoma de México
Instituto de Biología
Departamento de Zoología
Colección Nacional de Aves
Dirección: Av. Universidad # 3000, Ciudad Universitaria, Coyoacán, México, DF, 04510
Correo electrónico: tilmatura@ibiologia.unam.mx
Teléfono/Fax: 5622 9150
Fecha de inicio: Agosto 31, 2009.
Fecha de término: Septiembre 25, 2013.
Principales resultados: Código de barras, bases de datos, fotografías, informe final.
Forma de citar el informe final y otros resultados:** Escalante, P. 2014. Aves de México I. Universidad Nacional Autónoma de México, Instituto de Biología. **Informe Final. SNIB-CONABIO, proyecto HB016.** México, D.F.

Resumen:

Este proyecto es la primera parte de un proyecto más amplio cuyo objetivo es obtener los códigos de barras de las aves residentes de México y Mesoamérica, usando como base el trabajo ya realizado en los últimos 15 años en la Colección Nacional de Aves del Instituto de Biología de la UNAM (CNAV). Durante estos años, a la par de otros proyectos, se han realizado actividades de colecta de las aves de México, principalmente en áreas tropicales del sureste del país y recientemente en bosques templados de esta región. Sin embargo, también se tienen otras regiones representadas aunque en menor proporción. Se hizo un estudio piloto de las posibilidades de la CNAV en el 2007, utilizando tanto muestras de tejidos congeladas como pieles de estudio de entre 10 y 30 años de edad. La práctica de preservación de tejidos comenzó en la Colección hace 15 años aproximadamente. Con las pieles se obtuvieron resultados mixtos, por lo que por el momento no se planea recurrir a las pieles, pero la colección de tejidos congelados anexa es una fuente excelente para comenzar este proyecto. Hasta la fecha se cuenta entonces con 661 códigos de barras de 254 especies de aves residentes de México. En este proyecto se plantea concluir la curación de la base de datos de estos 661 registros mediante la inclusión de las fotografías y la georeferenciación de las localidades restantes. Así mismo se plantea, tanto seguir ocupando la valiosa colección de tejidos como seguir contribuyendo a su crecimiento y representación mediante 3 salidas de campo más. Conjuntando todo este trabajo se reunirán 1,111 códigos de barras de al menos 350 especies de aves residentes en el país. Adicionalmente, el análisis de esta información contribuirá a estudios filogenéticos y filogeográficos que se llevan a cabo en la Colección.

-
- * 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.

Informe Final

Códigos de barras de las Aves de México: Primera Parte

Responsable: Patricia Escalante, Instituto de Biología UNAM

Resumen

Este proyecto fue la primera parte de un proyecto más amplio cuyo objetivo es obtener los códigos de barras de las aves residentes de México y Mesoamérica, usando como base el trabajo ya realizado en los últimos 15 años en la Colección Nacional de Aves del Instituto de Biología de la UNAM (CNAV) y proyectos en marcha.

En este proyecto se concluyó casi por completo la curación de la base de datos de estos 661 registros mediante la inclusión de las fotografías, la edición de los datos y la georeferenciación de las localidades restantes. Así mismo se realizaron varias salidas de campo, se preparó y curó todo ese material y se procesaron parte de las muestras obtenidas en las mismas. También se ocuparon algunos tejidos de proyectos previos ya almacenados en la CNAV.

Se reunieron hasta el momento un total de 1,359 (de 1,442 ensayados) códigos de barras de al menos 331 especies de aves residentes en el país. Adicionalmente, se analizaron a mayor profundidad tres grupos donde los resultados preliminares nos indicaron que las especies reconocidas contenían más de una especie filogenética.

Introducción y antecedentes del proyecto

En la región centroamericana (incluyendo México, Guatemala, Belice, Honduras y Nicaragua) se reportan 878 especies de aves residentes, más 198 migratorias o invernantes, 16 de ocurrencia marina solamente, y 44 accidentales, de acuerdo a la AOU CheckList. El grupo de interés para este proyecto son las 878 especies residentes en la región mesoamericana, porque las aves migratorias están siendo ensayadas en sus regiones reproductivas por otros colegas.

Objetivos

Los objetivos originales fueron:

General:

Contribuir significativamente a la biblioteca de códigos de barras del ADN de las aves residentes de México.

Particulares:

- Completar la información de los **661** códigos de barras ya obtenidos de 256 especies residentes de México.
- Determinar **270** códigos de barras (3 placas de 94 pozos considerando algunos que fallen) del ADN de aproximadamente 150 especies de aves de México (*algunas de ellas ya representadas con alguna muestra*) en más de una localidad geográfica para tener un indicio de su variabilidad geográfica y de la necesidad de explorar más finamente sus límites de especies, a partir principalmente del acervo acumulado en los proyectos de los últimos 10 años aproximadamente.
- Complementar la biblioteca de códigos de barras del ADN de las aves de México con **180** muestras (2 placas de 90 pozos aprox) colectadas de material fresco en áreas no representadas en la colección de tejidos de la CNAV de 100 especies más, *algunas de ellas ya representadas pero no sus poblaciones/subespecies*.
- Con estas metas se completaría una biblioteca de al menos *1,111 códigos de barras de un tercio de las aves de México, aproximadamente 350 especies al menos*.
- Analizar la variación geográfica en el fragmento CO1 en los siguientes grupos en que se han detectado diferencias geográficas importantes: *Arremonops spp., Cyanocompsa parellina, Uropsila leucogastra.*

Métodos usados

Se llevaron a cabo salidas de colecta a los estados de Guerrero, Oaxaca, Michoacán, Jalisco y Sinaloa como parte del proyecto. Al estado de Chiapas se hará una salida cuando se liberen los fondos adicionales. Los ejemplares se mantuvieron en hielo seco en el campo y se prepararon en el Laboratorio de la Colección Nacional de Aves donde se llevó a cabo también todo el trabajo curatorial.

En el laboratorio, los tejidos se pusieron en un congelador a -70 grados centrígrados. Las determinaciones taxonómicas se hicieron de acuerdo a las guías en forma preliminar en el campo y por comparación con los ejemplares de la CNAV en el laboratorio. En el laboratorio las muestras se prepararon de la siguiente forma:

El protocolo de extracción se llevó a cabo de acuerdo a las instrucciones del kit de extracción DNAEasy de Qiagen, y fue el siguiente:

Lisis y purificación: se colocó un pedacito de tejido (1mm) en un tubo con un buffer y Proteinasa K para que se rompieran las estructuras que encierran el citoplasma y liberar su contenido al medio. El lisado se pasó a una columna para su centrifugación. Durante la centrifugación el ADN se pegaba a la membrana y los contaminantes se pasaron y descartaron, así como los inhibidores de enzimas. Se hicieron dos lavados, el ADN se dejó en agua o en buffer. Para visualizarlo se corrió un gel de agarosa de 2% y se confirmaba que se obtuvo ADN genómico en cada tubo.

Amplificación de CO1: el código de barras del ADN es un fragmento del gen mitocondrial CO1 de 650 pb aproximadamente. Se corrió una PCR para cada muestra, usando como primers (cebadores), los siguientes diseñados para aves:

BirdF1 TTCTCCAACCACAAAGACATTGGCAC

CO1BirdR2 ACGTGGGAGATAATTCAAATCCTGG

Para una reacción de 25 μ l de volumen final fueron agregados 6.25 μ l de trehalosa al 10%, 2 μ l de ddH₂O, 1.25 μ l de buffer 10x, 0.625 μ l de MgCl₂, 1.25 μ l de primer BirdF1 y CO1BirdR2 al 10 μ M, 0.0625 μ l de dNTPs 10 mM y .06 μ l de *taq* polimerasa (5u/ μ) y 2 μ l de ADN genómico. La reacción se llevó a cabo bajo las siguientes condiciones: una desnaturalización inicial de 94°C por 1 minuto, 5 ciclos de 94°C por 30 segundos, una alineación de 48° por 40 segundos y una extensión de 72°C por un minuto. Seguido por 3

ciclos de 94°C por 30 segundos, 47°C por 40 segundos y 72°C por un minuto. Seguido de 30 ciclos de 94°C por treinta segundos, 53°C por 1.30 minutos y 72°C por 1.30 minutos con una extensión final de 72°C por 5 minutos seguido por un tiempo de espera de 4°C. Todos los productos se verificaron a través de electroforesis en un gel de agarosa al 2%. Se armaron 3 placas con los productos de PCR para enviar a secuenciar al Laboratorio en el Biodiversity Institute of Ontario en la Universidad de Guelph. También en este laboratorio se llevó a cabo la alineación de las secuencias y se subieron al portal del proyecto Birds of Mexico (BOM).

Resultados

Finalmente se obtuvieron un total de 1,359 (de 1,442 ensayados) códigos de barras de al menos 331 especies de aves residentes en el país. El total de 331 obtenidas (328 de ellas aves residentes de México, las otras migratorias) en las bases de datos BOM y BOMNO indican que esta meta en número de especies se cubrió en un 95% en el proyecto.

Las 328 especies residentes, del total de 878 especies residentes en México, representan el 37% de avance en esta fauna. Aunque no se tiene pensado contemplar las especies 100% migratorias dado que es más importante que ellas sean ensayadas en sus territorios de reproducción, sin embargo, en el caso de las parcialmente migratorias es muy difícil separar a las migratorias (si no es en el mes de junio) y se incluyen involuntariamente.

Actualmente se está trabajando en 4 masnucritos para enviar a publicación. Se ha recibido una estudiante de licenciatura y dos más tienen su tesis en revisión.

En el Anexo 1 se presenta el resumen del proyecto en BOLD, la representatividad geográfica, el porcentaje de distancias genéticas en la base de datos a nivel de especie, género, familia y orden. En esta tercera figura se puede apreciar que hay un alto porcentaje de distancias intraespecíficas que sobrepasan en criterio del 2.2% que se sugiere para el nivel de especie en aves, o en general con el fragmento del código de barras. En la discisión se abunda en este resultado.

Siguiendo en el Anexo 1 se encuentra la gráfica en la cual se concentran 200 comparaciones intraespecíficas. No se grafican las 331 especies porque en 131 de ellas solamente de cuenta con muestras de 1 población analizadas. En 200 especies se cuenta ya

con más de una población, muchas veces de más de un área geográfica alopátrica. En la gráfica se aprecian un 25% de especies cuyas máximas distancias genéticas se ubican arriba del 2.2% sugerido para en el nivel de especie.

En el Cuadro que se presenta a continuación en el Anexo se presentan estas 25% de especies y las distancias máximas que presentan.

Nosotros hemos trabajado a profundidad en 3 de estas especies, *Cyanocompsa parellina*, grupo *Arremonops* y *Uropsila leucogastra*. Se anexan en este Apéndice imágenes de los resultados de estos trabajos hechos en forma paralela a este proyecto.

Discusión

Cuántos de esos Códigos de Barras pueden ser utilizados como referentes para la identificación adecuada de las especies en estudio y sus diferentes niveles de utilización.

De acuerdo a los criterios del proyecto iBOL 1155 de estos registros cumplen con las características de los códigos de barras y todos pueden ser utilizados como referentes. El identification engine usa todos estos registros. Ahora, que se dé una identificación adecuada depende del usuario. Si su muestra se pega al 3% no le va a dar una identificación adecuada al 100% pero seguramente le indicará el grupo de especies a las que más se acerca. Pero si se acerca al 5-10% solamente se estará acercando al nivel de género.

Si la pregunta se refiere a la biblioteca de códigos de barras, es decir, si ya no necesitamos hacer más muestras de algunas especies, yo descartaría muy pocas que se ve que ya no va a haber nada nuevo. Es decir, tomando en cuenta la taxonomía actual basada sobre todo en la morfología y el canto, y lo acumulado en información genética, estas especies son las que yo considero que ya no hacen falta de incluir más en la base de datos (en el orden del árbol de distancias por NJ:

Myiarchus nuttingi

Myiarchus tyrannulus

Myiarchus yucatanensis
Pitangus sulphuratus
Arremonops rufivirgatus
Arremonops chloronotus
Junco phaeonotus
Pipilo maculatus
Atlapetes pileatus
Agelaius phoeniceus
Basileuterus rufifrons
Basileuterus belli
Cyanocompsa parellina
Habia fuscicauda
Saltator atriceps
Uropsila leucogastra
Certhia americana
Melanoptila glabirostris
Myiadestes occidentalis
Turdus grayi
Turdus rufopalliatus
Anas platyrhynchos
Hylocharis leucotis

Posiblemente:

Attila spadiceus
Myioborus miniatus
Parula superciliosa
Granatellus venustus
Passerina leclancherii
Tiaris olivacea
Cyanocorax yucatanicus
Melanotis caerulescens

Mimus gilvus
Catharus aurantiirostris
Catharus occidentalis
Picoides villosus
Melanerpes pygmaeus
Crotophaga sulcirostris
Columbina inca
Columbina passerina
Columbina talpacoti

El árbol completo de identificación (dendrograma) y su interpretación

Se presenta en un pdf anexo.

Conclusiones

Este trabajo está demostrando que aún hay bastantes problemas taxonómicos con las Aves de México. Nos esperábamos un 10% de especies con esta situación pero el 25% encontrado demuestra que la diversidad aviaría en México está subestimada. Hay que tomar en cuenta que estas comparaciones solamente se están haciendo dentro de nuestro país, es decir, entre regiones, pero si el 90% de las aves no son endémicas de México, esperamos que al comparar poblaciones con este marcador molecular (o con otros) este porcentaje del 25% va a subir. Esto ya lo estamos viendo con algunas especies migratorias, o aparentemente no migratorias, pero aún no lo hemos analizado.

Se prepara para publicación un análisis geográfico de estas disparidades y se mencionará a la CONABIO en los agradecimientos.

Apéndice 1. Resumenes del proyecto Aves de México 1.

BOLD Systems - Project - Mozilla Firefox

Archivo Editar Ver Histórico Marcadores Herramientas Ayuda
Instituto de Biología, UNAM Zimbra: Bandeja de entrada (1) BOLD Systems - Project

www.boldsystems.org/views/projectmenu.php?8

BOLDSYSTEMS v2.5 Management & Analysis

Home | Taxonomy Browser | Identify Specimen | FAQs | Documentation

MERGED: {BOM,BOMNO}

PROJECT DATA VIEWS

- [View All Records](#)
- [Search/Filter](#)

PROJECT OPTIONS

- [List All Projects](#)
- [Register Primers](#)
- [View All Primers](#)

PUBLICATION

Project Summary- Specimens, Localities, and GenBank

UPLOADS

- [Sequences](#)
- [Data Spreadsheets](#)
- [Specimen Labels](#)
- [Trace Files](#)

SEQUENCE ANALYSIS

- [Taxon ID Tree](#)
- [Distance Summary](#)
- [Sequence Composition](#)
- [Nearest Neighbor Summary](#)
- [Specimen Age vs Seq Length](#)
- [Alignment Browser](#)
- [Accumulation Curve](#)

IDENTIFICATIONS

SPECIMEN AGGREGATES

- [Distribution Map](#)
- [Image Library](#)

Summary Stats

	Specimens (% complete)	Species (% complete)
COI-5P	1359 / 1442 (94.2%)	333 / 343 (97.1%)
ND2	42 / 1442 (2.9%)	1 / 343 (0.3%)

Sequence Data Report

IMPROVED 09/01/11

	Seqs lacking successful traces:	Marker(s)
Seqs with stop codons:	3	COI-5P[2] ND2[1]
Contaminated seqs:	0	
Protruberant records flagged:	18	

Specimen Data Report

	Specimen records:	Lacking geo reference:	Lacking country:	Lacking photographs:	Non-barcode compliant:	Specimen Depositories:
	1442	58	5	474	264	

Project Details

Description:
Project Tags:
Marker(s): COI-5P, ND2

Sequence Quality Stats

	High (<1% Ns)	Medium (<2% Ns)	Low (<4% Ns)	Unreliable (>4% Ns)
COI-5P	89.74	7.4	1.76	1.1
ND2	95.24	4.76	0	0

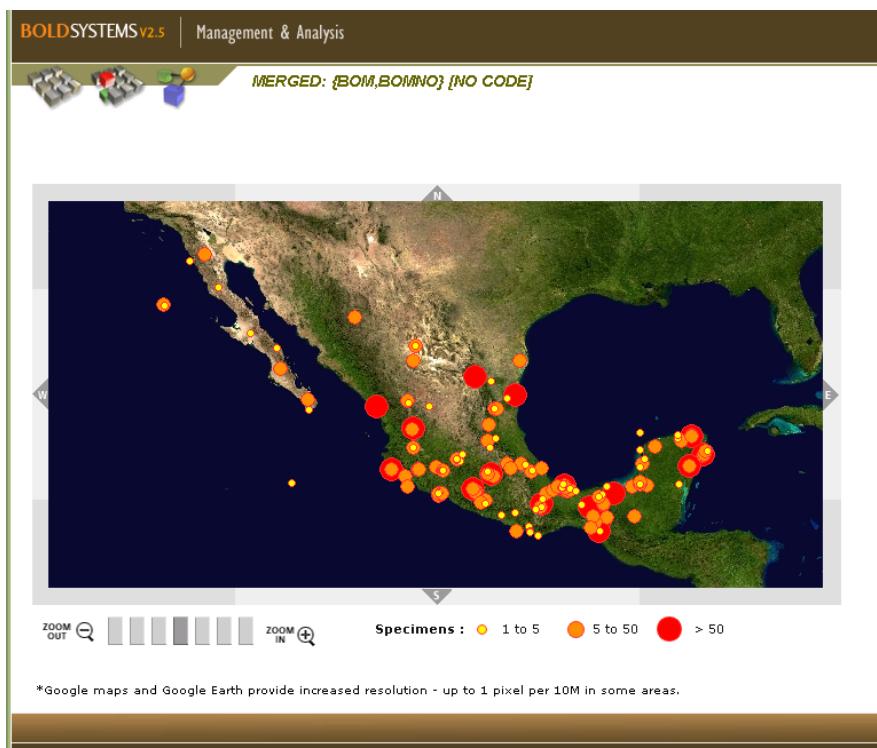
Trace Quality Stats

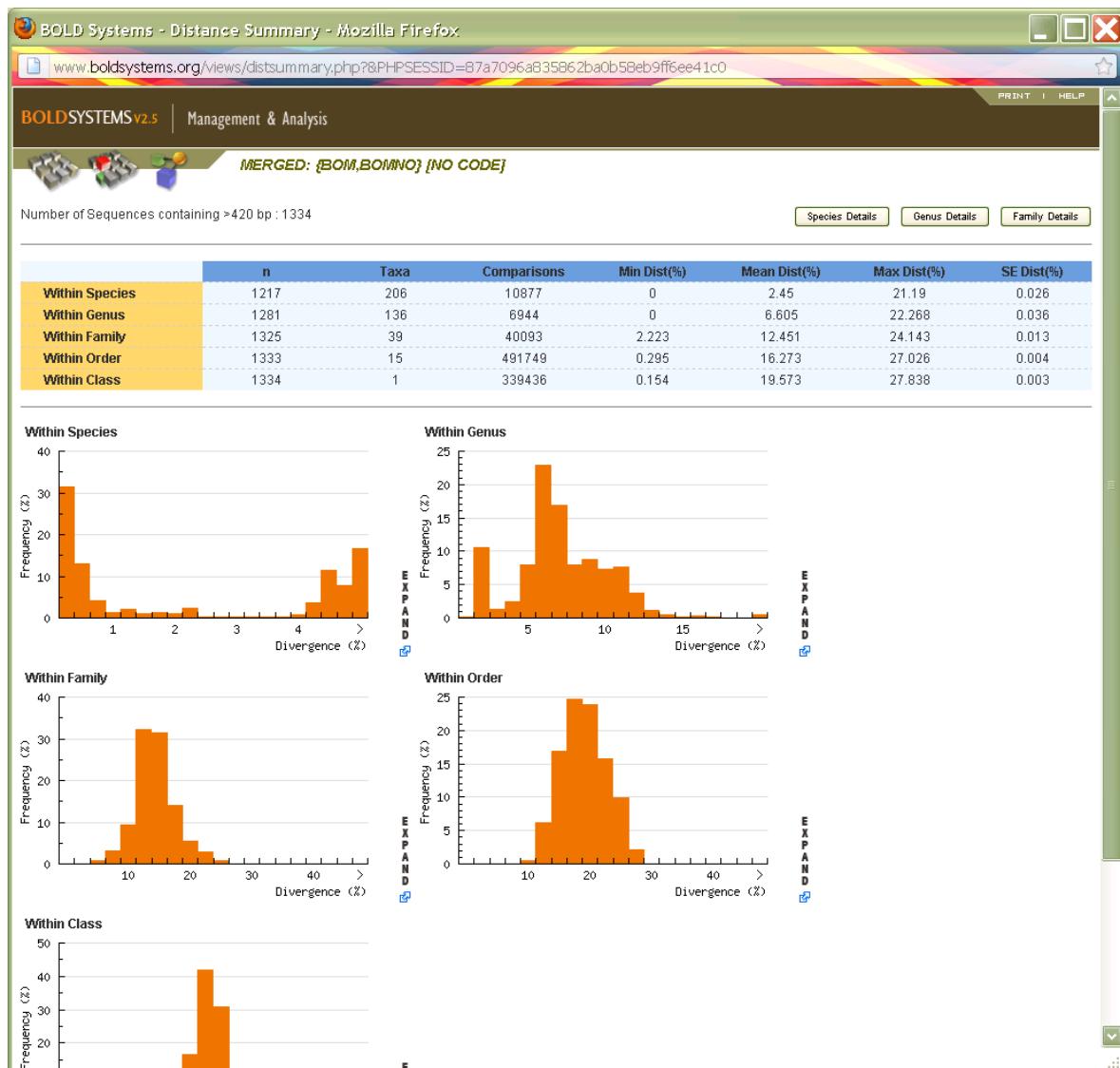
	High(%)	Medium(%)	Low(%)	Failed(%)	Total
COI-5P	60.76	23.42	6.31	9.51	3104
ND2	85.37	8.54	2.44	3.65	82

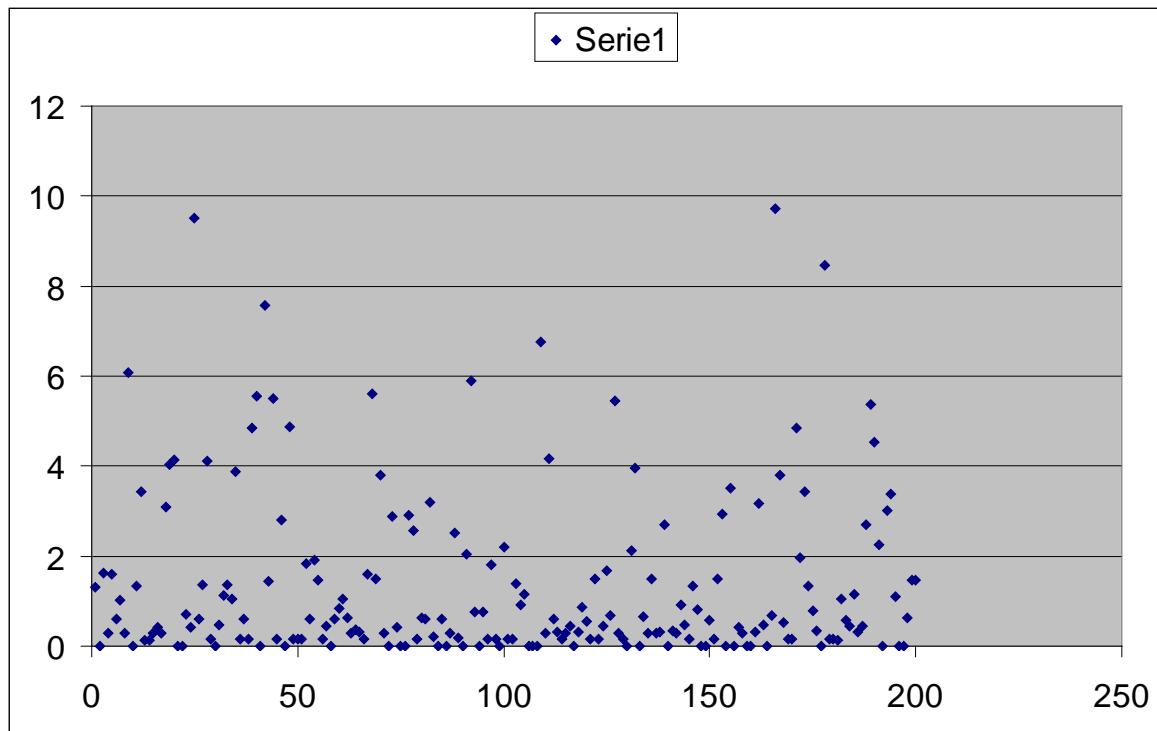
Sequence Length Distribution - COI-5P

Sequence Length Distribution - ND2

Attached Files [Add File](#)







Grafica que muestra las compraciones intraespecíficas extremas de 200 especies en sus códigos de barras arregladas en orden alfabético.

Cuadro de las especies que presentan poblaciones alopátricas con un porcentaje de distancia genética mayor al 2.2% recomendado para el nivel de especie en Aves.

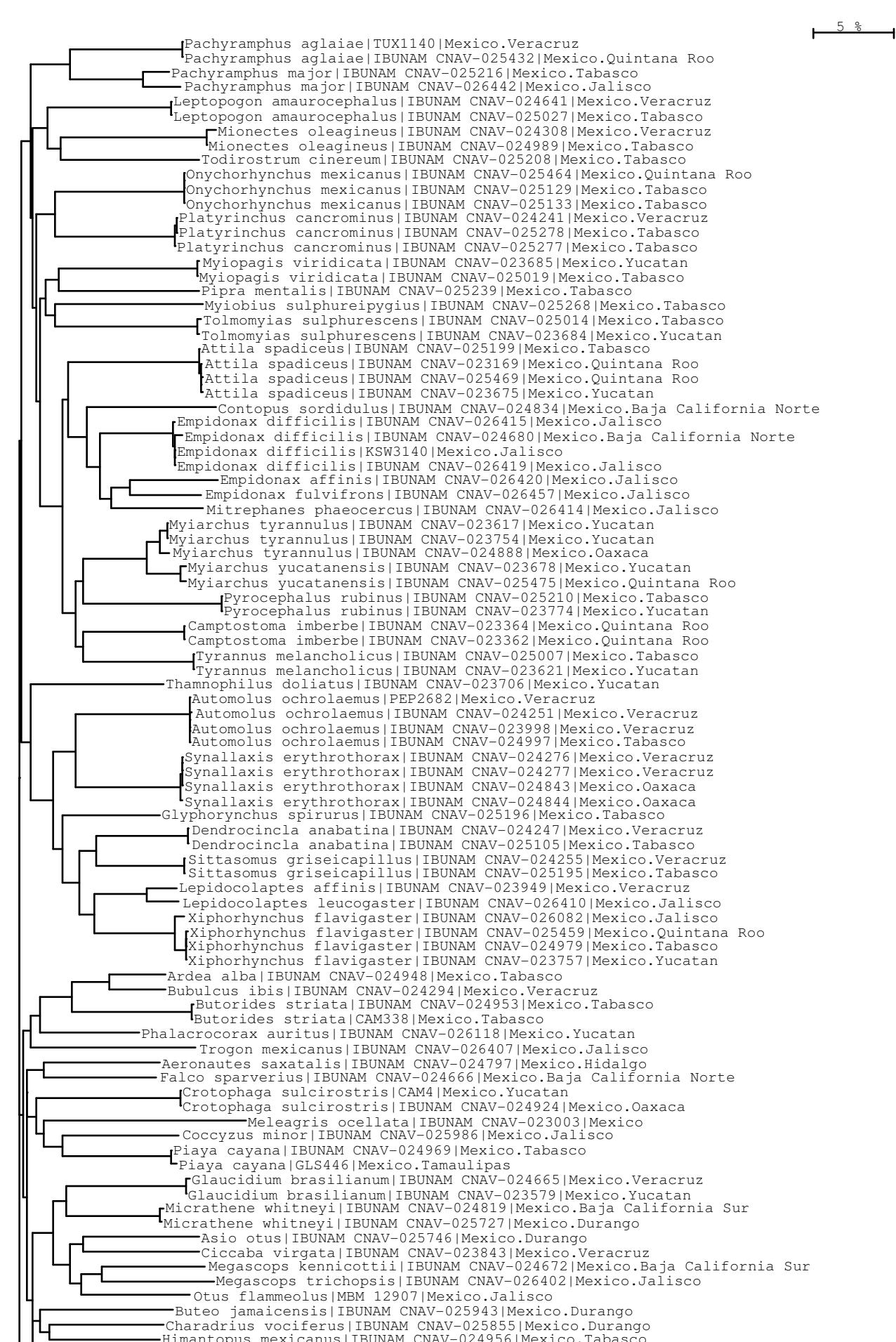
<i>Vireo cassinii</i>	2.25	<i>Aphelocoma ultramarina</i>	4.04
<i>Geothlypis speciosa</i>	2.52	<i>Auriparus flaviceps</i>	4.11
<i>Diglossa baritula</i>	2.56	<i>Ara chloropterus</i>	4.15
<i>Pheucticus melanocephalus</i>	2.71	<i>Melanerpes aurifrons</i>	4.17
<i>Tyrannus melancholicus</i>	2.71	<i>Vireo brevipennis</i>	4.52
<i>Caprimulgus vociferus</i>	2.81	<i>Campephilus guatemalensis</i>	4.86
<i>Cyclarhis gujanensis</i>	2.89	<i>Thryomanes bewickii</i>	4.86
<i>Dendroica petechia</i>	2.92	<i>Cardinalis cardinalis</i>	4.87
<i>Polioptila caerulea</i>	2.93	<i>Uropsila leucogastra</i>	5.38
<i>Vireo gilvus</i>	3.02	<i>Myioborus miniatus</i>	5.45
<i>Aphelocoma californica</i>	3.09	<i>Campylorhynchus gularis</i>	5.5
<i>Saltator coerulescens</i>	3.17	<i>Camptostoma imberbe</i>	5.55
<i>Eugenes fulgens</i>	3.19	<i>Cyanocompsa parellina</i>	5.62
<i>Vireo griseus</i>	3.38	<i>Habia rubica</i>	5.89
<i>Thryothorus maculipectus</i>	3.42	<i>Amazilia rutila</i>	6.07

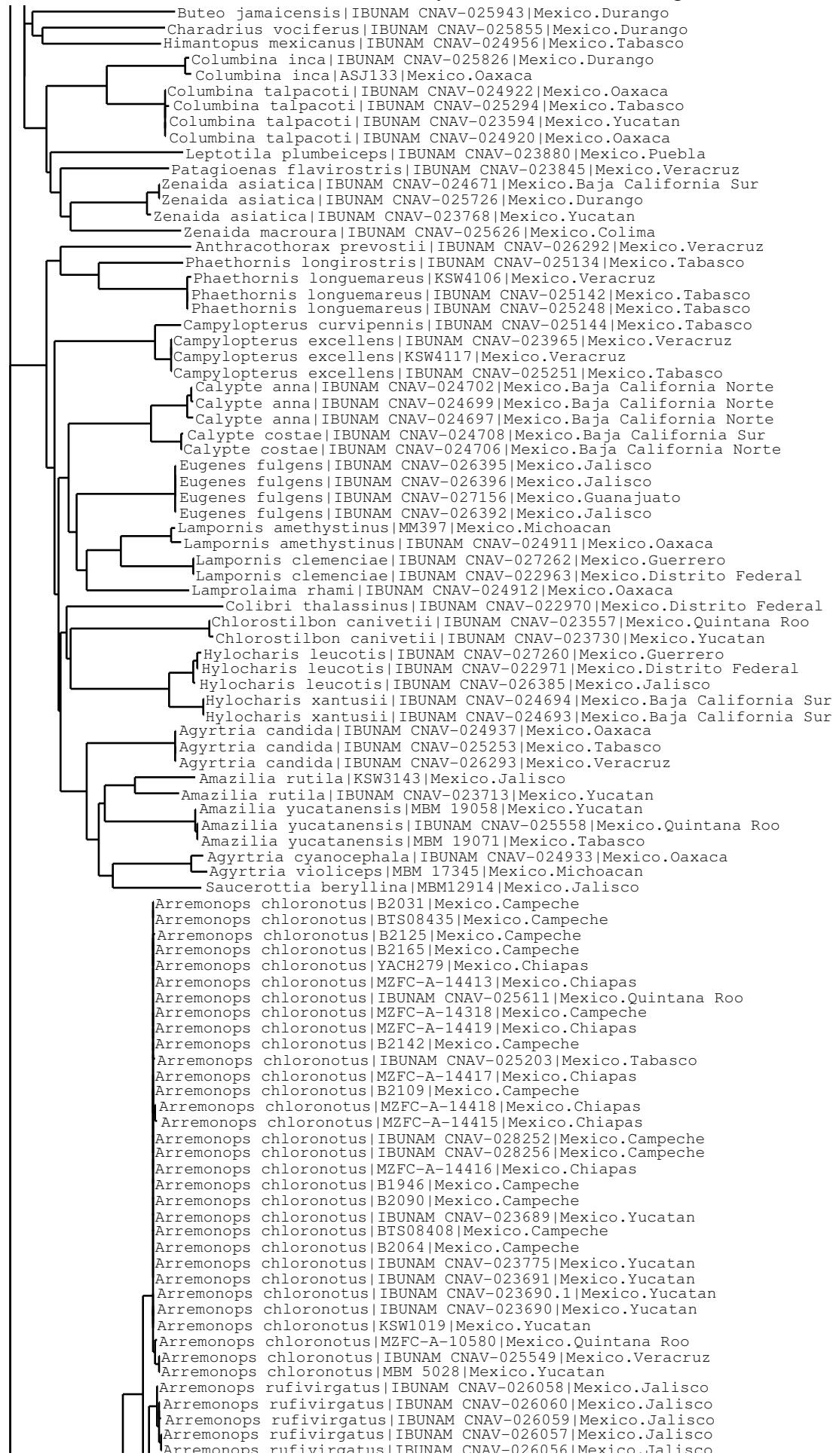
<i>Amazona farinosa</i>	3.43	<i>Leptotila verreauxi</i>	6.77
<i>Psaltriparus minimus</i>	3.5	<i>Campylopterus hemileucurus</i>	7.58
<i>Cyanocorax yncas</i>	3.79	<i>Troglodytes aedon</i>	8.46
<i>Stelgidopteryx serripennis</i>	3.8	<i>Arremonops rufivirgatus</i>	9.5
<i>Buarremom virenticeps</i>	3.87	<i>Sporophila torqueola</i>	9.71
<i>Pachyramphus major</i>	3.96		

BOLD TaxonID Tree

Project : BOM Birds of Mexico I [BOMNO]
Date : 3-May-2011
Data Type : Nucleotide
Distance Model : Kimura 2 Parameter
Marker : COI-5P
Codon Positions : 1st, 2nd, 3rd
Labels : Country & Province, SampleID,
Filters : Length > 200
Colorization : [blue]=Stop Codons [red]=Contamination or misidentification

Sequence Count : 628
Species count : 235
Genus count : 158
Family count : 43
Unidentified : 0





Arremonops rufivirgatus|IBUNAM CNAV-026059|Mexico.Jalisco
 Arremonops rufivirgatus|IBUNAM CNAV-026057|Mexico.Jalisco
 Arremonops rufivirgatus|IBUNAM CNAV-026056|Mexico.Jalisco
 Arremonops rufivirgatus|BTS08108|Mexico.Michoacan
 Arremonops rufivirgatus|GMS923|Mexico.Oaxaca
 Arremonops rufivirgatus|MZFC-A-16615|Mexico.Guerrero
 Arremonops rufivirgatus|BTS08172|Mexico.Michoacan
 Arremonops rufivirgatus|BTS08187|Mexico.Michoacan
 Arremonops rufivirgatus|BTS08188|Mexico.Michoacan
 Arremonops rufivirgatus|BTS08212|Mexico.Michoacan
 Arremonops rufivirgatus|BTS08213|Mexico.Michoacan
 Arremonops rufivirgatus|BTS08171|Mexico.Michoacan
 Arremonops rufivirgatus|BTS08161|Mexico.Michoacan
 Arremonops rufivirgatus|OMVP193|Mexico.Oaxaca
 Arremonops rufivirgatus|MZFC-A-11659|Mexico.Oaxaca
 Arremonops rufivirgatus|MBM 14059|Mexico.Oaxaca
 Arremonops rufivirgatus|BTS08286|Mexico.Chiapas
 Arremonops rufivirgatus|BTS08297|Mexico.Chiapas
 Arremonops rufivirgatus|BTS08304|Mexico.Chiapas
 Arremonops rufivirgatus|BTS08303|Mexico.Chiapas
 Arremonops rufivirgatus|BTS08318|Mexico.Chiapas
 Arremonops rufivirgatus|IBUNAM CNAV-028222|Mexico.Chiapas
 Arremonops rufivirgatus|MZFC-A-16813|Mexico.Tamaulipas
 Arremonops rufivirgatus|MZFC-A-16799|Mexico.Tamaulipas
 Arremonops rufivirgatus|MZFC-A-16798|Mexico.Tamaulipas
 Arremonops rufivirgatus|MZFC-A-13325|Mexico.Queretaro
 Arremonops rufivirgatus|MZFC-A-16801|Mexico.Tamaulipas
 Arremonops rufivirgatus|MZFC-A-9711|Mexico.Queretaro
 Arremonops rufivirgatus|MZFC-A-9697|Mexico.Queretaro
 Arremonops rufivirgatus|MZFC-A-9627|Mexico.Queretaro
 Arremonops rufivirgatus|MZFC-A-16328|Mexico.San Luis Potosi
 Arremonops rufivirgatus|MZFC-A-18802|Mexico.Tamaulipas
 Arremonops rufivirgatus|CONACYT290|Mexico.San Luis Potosi
 Arremonops rufivirgatus|MZFC-A-9621|Mexico.Queretaro
 Arremonops rufivirgatus|MZFC-A-15117|Mexico.San Luis Potosi
 Arremonops rufivirgatus|GLS443|Mexico.Tamaulipas
 Arremonops rufivirgatus|IBUNAM CNAV-024532|Mexico.Veracruz
 Arremonops rufivirgatus|IBUNAM CNAV-024534|Mexico.Veracruz
 Arremonops rufivirgatus|IBUNAM CNAV-024877|Mexico.Oaxaca
 Arremonops rufivirgatus|IBUNAM CNAV-024528|Mexico.Veracruz
 Arremonops rufivirgatus|IBUNAM CNAV-024529|Mexico.Veracruz
 Arremonops rufivirgatus|TUX11|Mexico.Veracruz
 Arremonops rufivirgatus|IBUNAM CNAV-024530|Mexico.Veracruz
 Arremonops rufivirgatus|IBUNAM CNAV-024533|Mexico.Veracruz
 Arremonops rufivirgatus|IBUNAM CNAV-027711|Mexico.Veracruz
 Arremonops rufivirgatus|IBUNAM CNAV-024878|Mexico.Oaxaca
 Arremonops rufivirgatus|TUX1417|Mexico.Veracruz
 Arremonops rufivirgatus|IBUNAM CNAV-027642|Mexico.Yucatan
 Arremonops rufivirgatus|IBUNAM CNAV-028142|Mexico.Yucatan
 Arremonops rufivirgatus|IBUNAM CNAV-027646|Mexico.Yucatan
 Arremonops rufivirgatus|IBUNAM CNAV-027645|Mexico.Yucatan
 Arremonops rufivirgatus|IBUNAM CNAV-027644|Mexico.Yucatan
 Arremonops rufivirgatus|IBUNAM CNAV-025542|Mexico.Quietana Roo
 Arremonops rufivirgatus|IBUNAM CNAV-025541|Mexico.Quietana Roo
 Arremonops rufivirgatus|IBUNAM CNAV-025545|Mexico.Quietana Roo
 Arremonops rufivirgatus|IBUNAM CNAV-025543|Mexico.Quietana Roo
 Arremonops rufivirgatus|IBUNAM CNAV-025544|Mexico.Quietana Roo
 Thraupis abbas|IBUNAM CNAV-024051|Mexico.Veracruz
 Chlorospingus ophthalmicus|KSW4107|Mexico.Veracruz
 Arremon aurantiirostris|IBUNAM CNAV-025317|Mexico.Tabasco
 Arremon aurantiirostris|IBUNAM CNAV-025234|Mexico.Tabasco
 Buarremon brunneinucha|IBUNAM CNAV-024509|Mexico.Veracruz
 Buarremon virenticeps|IBUNAM CNAV-022945|Mexico.Distrito Federal
 Buarremon virenticeps|IBUNAM CNAV-022931|Mexico.Distrito Federal
 Buarremon virenticeps|IBUNAM CNAV-027431|Mexico.Michoacan
 Atlapetes pileatus|IBUNAM CNAV-026516|Mexico.Jalisco
 Atlapetes pileatus|IBUNAM CNAV-026893|Mexico.Puebla
 Atlapetes pileatus|IBUNAM CNAV-026868|Mexico.Morelos
 Atlapetes pileatus|IBUNAM CNAV-022942|Mexico.Distrito Federal
 Junco insularis|IBUNAM CNAV-024770|Mexico.Baja California Norte
 Junco insularis|MGL-222x|Mexico.Baja California Norte
 Junco insularis|IBUNAM CNAV-024769|Mexico.Baja California Norte
 Junco insularis|GFB3042|Mexico.Baja California Norte
 Junco phaeonotus|IBUNAM CNAV-024771|Mexico.Baja California Sur
 Junco phaeonotus|IBUNAM CNAV-025824|Mexico.Durango
 Oriturus superciliosus|IBUNAM CNAV-025861|Mexico.Durango
 Passerculus sandwichensis|AGH-MNF18|Mexico.Durango
 Aimophila rufescens|IBUNAM CNAV-027509|Mexico.Guanajuato
 Aimophila rufescens|IBUNAM CNAV-024527|Mexico.Veracruz
 Aimophila ruficeps|IBUNAM CNAV-027492|Mexico.Guerrero
 Aimophila ruficeps|IBUNAM CNAV-026529|Mexico.Jalisco
 Aimophila notosticta|IBUNAM CNAV-024879|Mexico.Oaxaca
 Pipilo albicollis|IBUNAM CNAV-027201|Mexico.Oaxaca
 Pipilo albicollis|MBM 17624|Mexico.Guerrero
 Pipilo albicollis|MBM 17625|Mexico.Guerrero
 Aimophila cassini|IBUNAM CNAV-025747|Mexico.Durango
 Amphispiza bilineata|AGH s n|Mexico.Durango
 Spizella atrogularis|IBUNAM CNAV-024762|Mexico.Baja California Norte
 Spizella passerina|IBUNAM CNAV-025825|Mexico.Durango
 Oryzoborus funereus|ASJ77|Mexico.Oaxaca
 Sporophila americana|IBUNAM CNAV-024915|Mexico.Oaxaca
 Euthlypis lachrymosa|IBUNAM CNAV-024893|Mexico.Oaxaca
 Basileuterus hellmayri|TRINAM CNAV-026888|Mexico.Puebla

