

13 años de monitoreo de Influenza aviar en aves acuáticas migratorias en la Costa Sur de Guatemala

Dione Méndez, imendez@ces.uvg.edu.gt / David Morán, dmoran@ces.uvg.edu.gt / Lucía Ortiz, lortiz@ces.uvg.edu.gt / Carlos Serrano, quiqueser@gmail.com / María Eugenia Morales-Betoulle, anasilvia.gonzalez-reiche@mssm.edu / Danilo Álvarez, dalvarez@ces.uvg.edu.gt / Ana S. González Reiche, anasilvia.gonzalez-reiche@mssm.edu / María L. Müller-Theissen, mullermarial@gmail.com / Daniel R Pérez*, dperez1@uga.edu / Celia Cerdón-Rosales, ccordon@ces.uvg.edu.gt

Centro de Estudios en Salud, Universidad del Valle de Guatemala, Guatemala

* Department of Population Health, Poultry Diagnostic and Research Center, College of Veterinary Medicine, University of Georgia, USA.

RESUMEN: Entre 2007 y 2019 se colectaron hisopados traqueales y cloacales de aves acuáticas migratorias cazadas en la costa sur de Guatemala para detectar virus de influenza A (IAV). Las muestras se evaluaron con PCR para IAVs. Se obtuvieron muestras de 4507 aves correspondientes a 34 especies, 21 géneros y 6 órdenes. La mayoría de las muestras (98.1%) eran de la familia Anatidae, con predominancia de *Anas discors* (92.4%). Un total de 657 aves-cazadas muestreadas (14.57%, IC 13.6 - 19.3) fueron positivas para IAV. La prevalencia de IAV fue proporcionalmente mayor en especies anátidas diferentes a *A. discors* (14.28%, IC 11.2 - 16.3), resaltando *Dendrocygna bicolor* con 28.5% (IC 22.3 - 31.4), *Anas clypeata* con 22.5% (IC 18.2 - 23.7), y *Anas americana* con 22.2% (IC 21.3 - 23.2). Se observó una relación entre la especie y el sitio de captura con la prevalencia de IAV. La heterogeneidad de los sitios respecto a positividad de IAV en las especies de aves acuáticas y diversidad de especies presentes, parece indicar que las condiciones del hábitat afectan la circulación del virus, y la prevalencia de estos virus es diferente según la especie. Este esfuerzo de 13 años de monitoreo de Influenza A es único en Guatemala y la región. Los humedales de Guatemala, tienen el potencial de ser sitios de transmisión a los humanos y re-cambio genético de estos virus en poblaciones de aves acuáticas migrantes.

PALABRAS CLAVE: virus, Influenza A, aves acuáticas, Anatidae, Costa Sur.

Patterns of avian influenza infection rates during a 13-year period in hunted harvested migratory waterfowl in the southern wetlands of Guatemala

ABSTRACT: Between 2007 and 2019, tracheal and cloacal swabs were collected from migratory harvested waterfowl on the southern coast of Guatemala to detect influenza A viruses (IAV). The samples were tested with PCR for IAV. Samples of 4507 birds corresponding to 34 species, 21 genera and 6 orders were obtained. Most of the samples (98.1%) were from the Anatidae family, with a predominance of *Anas discors* (92.4%). 657 of the sampled birds (14.57%, CI 13.6 - 19.3) were positive for IAV. The prevalence of IAV was proportionally higher in other Anatidae species than in *A. discors* (14.28%, CI 11.2 - 16.3), the higher was *Dendrocygna bicolor* with 28.5% (CI 22.3 - 31.4), followed by *Anas clypeata* with 22.5% (CI 18.2 - 23.7), and *Anas americana* with 22.2% (CI 21.3 - 23.2). The analysis showed a relation between species and capture site with the prevalence of IAV. The heterogeneity of the sites regarding IAV positivity in the aquatic bird species and the diversity of species present seems to indicate that the habitat conditions affect the circulation of the virus, and the prevalence of these viruses is different according to the species. This 13-year Influenza A monitoring effort is unique in Guatemala and the region. We now know that there is a great diversity of influenza A viruses in the wetlands of Guatemala, and that these have the potential to be sites of transmission to humans or domestic animals and genetic re-change of these viruses in migrant waterfowl populations.

KEY WORDS: virus, Influenza A, waterfowl, Anatidae, Guatemala South Coast.

Introducción

En las recientes décadas ha habido un incremento en la emergencia de enfermedades infecciosas en el mundo (Allen et al. 2017; Townsend et al. 2020). Entre 1950 y el 2010 se estimaba la emergencia de 335 nuevos patógenos que afectaban a los humanos (Vandegrift et al. 2010). Más del 60% de las enfermedades infecciosas de los humanos están asociadas a patógenos originados en poblaciones de animales silvestres y domésticos (Karesh et al. 2012). La emergencia de enfermedades infecciosas es una amenaza para la salud pública que puede llevar a eventos pandémicos como el caso reciente de SARS-CoV2 (Barouki et al. 2021). La emergencia de enfermedades también es una amenaza para los animales y la vida silvestre. Los animales silvestres en muchas ocasiones actúan como reservorios de los patógenos, y estos circulan en las poblaciones con un impacto muy bajo o nulo; sin embargo, el ingreso de nuevos patógenos o mutaciones pueden cambiar la dinámica y llegar a causar impactos graves en estas poblaciones. Un ejemplo de cómo puede cambiar la relación de los patógenos con sus hospederos reservorio es el caso de los virus de Influenza y New Castle; todos estos virus se consideran enfermedades emergentes en las aves silvestres, quienes actúan como reservorio pero donde se han registrado casos de mortalidad ante el ingreso de nuevas variantes (Kuiken et al. 2006). En las últimas décadas varias poblaciones de especies silvestres se han visto amenazadas, llegando incluso a peligro de extinción, como resultado de la emergencia de enfermedades infecciosas (Allen et al. 2017).

La influenza A es una de las enfermedades zoonóticas más prevalentes en la actualidad. Cada año alrededor de 500,000 personas mueren por influenza. Además ha provocado cuatro pandemias en el siglo XX y XXI: la de 1918, 1957, 1968, y 2009 (Vandegrift et al. 2010; Jhung et al. 2011). Los virus de influenza A (IAV) infectan especies animales silvestres y domésticas, incluyendo el humano. Los virus se dividen en subtipos de acuerdo a dos proteínas que se encuentran en la superficie del virus, la hemoaglutinina (HA) y la neuroaminidasa (NA) (Byrd-Leotis, Cummings, y Steinhauer 2017). Se sabe de 18 subtipos HA y 11 subtipos NA de los virus de influenza A (Ferreri et al. 2019; B et al. 2006). Se han encontrado aves silvestres infectadas con la mayoría de los subtipos conocidos de virus de influenza A, del H1-H16 y del N1 al N9 (Dhingra et al. 2018; Ferreri et al. 2019) y se considera que los reservorios principales de los IAV son las aves acuáticas del orden anseriformes y charadriiformes (Diskin et al. 2020). Las cepas de IAV que circulan en aves han contribuido con material genético a la mayoría de los virus de la influenza humana conocidos (Ferreri et al. 2019). La transmisión de los virus de influenza entre especies reservorios y mamíferos está conectado, y usualmente los IAV se transmiten de manera directa o indirecta y provocan la circulación transitoria o endémica en nuevas poblaciones o especies (Munster y Fouchier 2009).

En las aves, los virus de IAV se clasifican como variantes de alta patogenicidad y baja patogenicidad dependiendo de su virulencia. Los virus de baja patogenicidad representan la mayor diversidad de subtipo de influenza A, y de estos derivan los virus de alta patogenicidad (Rebel et al. 2011). La aparición de subtipos de

alta patogenicidad en producción de aves de corral es un fenómeno recurrente, y además del impacto económico, es una amenaza importante para la salud pública (Dhingra et al. 2018). Muchos de los esfuerzos de vigilancia se centran en estos sistemas de producción. Sin embargo, la vigilancia en poblaciones de reservorios silvestres es la primera línea de defensa que permite monitorear los ciclos endémicos de infección o detectar la emergencia o re emergencia de nuevas variantes o patógenos (Walton et al. 2016), ya que permite conocer la dinámica de transmisión y el establecimiento de nuevas variantes genéticas y subtipos.

En Guatemala, nuestro equipo de UVG inició la vigilancia de Influenza tipo A en aves silvestres en el año 2007, apoyados por el centro de Excelencia para la investigación y Vigilancia de Influenza (CEIRS) de la Universidad de Maryland y la Universidad de Georgia, y el Centro para el Control y Prevención de Enfermedades (CDC) de los Estados Unidos (González-Reiche et al. 2012). La vigilancia se enfocó en aves acuáticas migratorias, principalmente aves acuáticas, capturadas por cazadores deportivos con licencia. Los resultados de 13 años de vigilancia han mostrado una gran diversidad de subtipos de virus de Influenza A en la costa sur donde se han centrado los esfuerzos de muestreo (Gonzalez-Reiche et al. 2017; Ferreri et al. 2019). A continuación se presenta una revisión de los resultados más relevantes referentes a los esfuerzos de muestreo, los sitios, la prevalencia de influenza A y la diversidad de especies muestreadas.

Métodos

Sitio de estudio

Los muestreos se realizaron anualmente durante las temporadas migratorias (noviembre-marzo) durante el período de 2007 al 2020, en la región de la costa Sur de Guatemala. Los sitios de muestreo incluidos se ubicaron en Monterrico (N 13.8977, -W 90.49256), La Gomera (N 13.44927, W -91.11280), Escuintla (N 13.9298, W -91.11581) y La Danta, Pasaco, Jutiapa (N 13.88572, W -90.18593) (Figura 1). Se visitaron seis sitios en estas localidades: Monterrico, La Gomera, Las Salinas (La Gomera), Paredón, La Danta en Jutiapa, y Los Cerritos. El área de la Danta dejó de ser visitado por los cazadores al inicio de la vigilancia, y Los Cerritos solo se visitó una vez, por esta razón no se incluyen en el análisis.

Colecta de Datos

Durante los años de 2007 a 2020 se colectaron sistemáticamente muestras de hisopados traqueales y cloacales de aves acuáticas cazadas. Todas las aves eran identificadas en campo o eran fotografiadas para confirmar su identificación. Las muestras fueron procesadas por medio de PCR. (González-Reiche et al. 2012). Para este estudio se analizó la diversidad de especies muestreadas, y positividad por especie del monitoreo de IAV en aves acuáticas desde 2007 hasta 2018. Se utilizaron los datos de especie, sitio, y resultado de IAV.

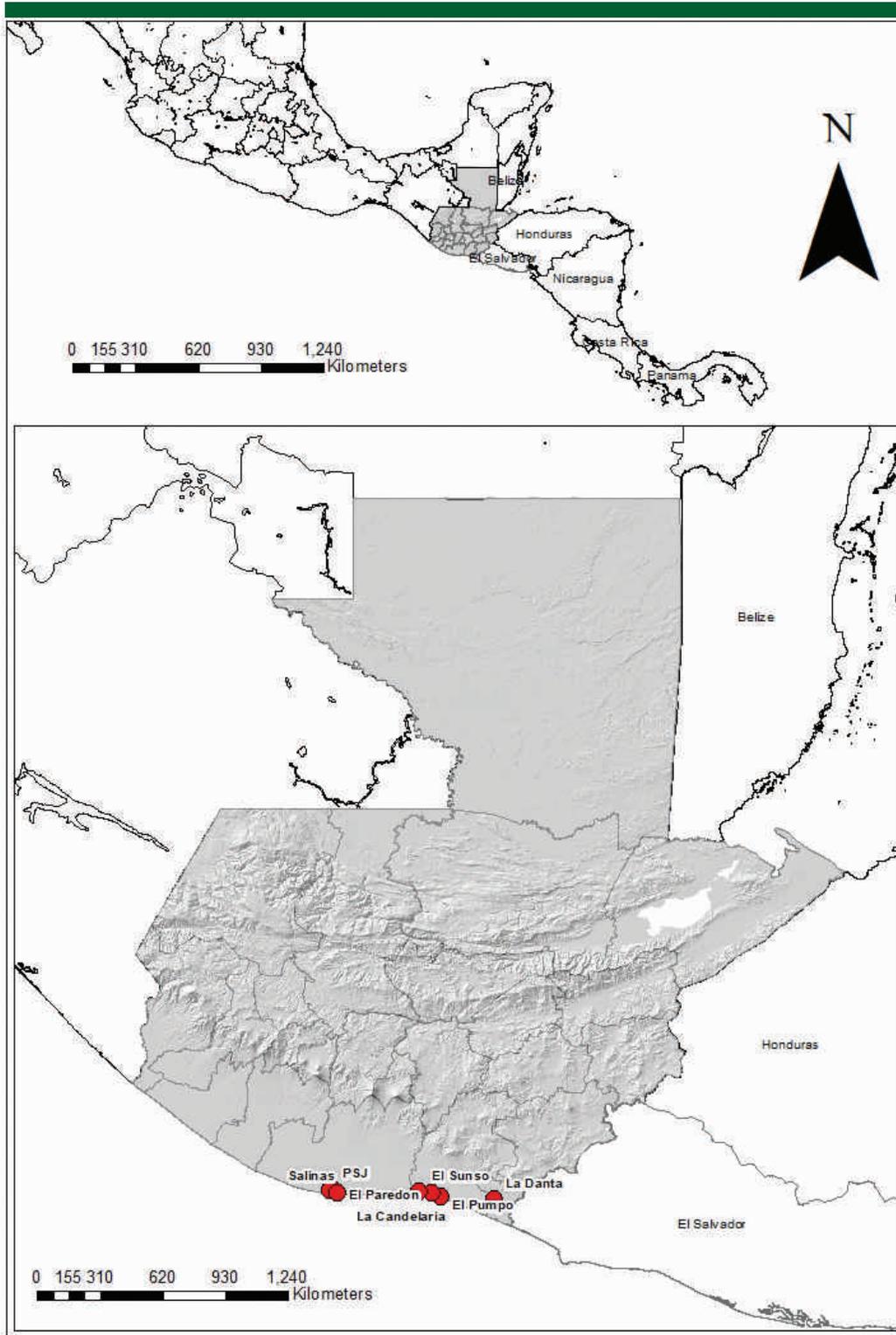


Figura 1. Mapa de los sitios de colecta de muestras de cazadores en la Costa Sur.

Consideraciones éticas

Los protocolos utilizados fueron revisados y aprobados por el Comité institucional para el cuidado y uso de animales (CICUAL) de la Universidad del Valle de Guatemala. Adicionalmente se

contó con el permiso oficial de las instituciones encargadas del manejo de la diversidad CONAP e instituciones administradoras de las áreas protegidas próximas a los sitios de colecta CONAP y CECON. Este estudio también contó con la aprobación del MAGA.



Figura 2. Especies de anátidos muestreados. 1 *Anas discors*, 2 *Anas clypeata* (hembra), 3 *Anas clypeata* (macho), 4 *Anas crecca*, 5 *Dendrocygna bicolor*, 6 *Aythya americana*.

Análisis

Se resumieron los datos publicados de las especies de donde se obtuvieron muestras durante los años de muestreo, así como las proporciones de muestras positivas para cada especie por cada sitio. En este resumen se incluyeron los datos de las muestras de los años que aún se encuentran en proceso de análisis de laboratorio, y cuyos resultados moleculares se utilizarán para generar información de la filogenia de los virus de IAV obtenidos en el estudio. Esos análisis serán utilizados para reportes posteriores. Para el objeto de esta publicación, se calcularon los índices de riqueza de Shannon y de Simpson para las especies de aves muestreadas entre los sitios. Estos índices se utilizaron para hacer comparaciones entre los sitios con el objetivo de determinar si las muestras de las localidades en donde se realizó la vigilancia mostraban diferencias en cuanto a diversidad y riqueza de especies de aves. Para comprobar si la diversidad por sitio tenía relación con las tasas de positividad a IAV en las muestras colectadas, se realizaron regresiones logísticas simples entre los datos de los índices de riqueza y la prevalencia calculada por sitio. Además, para determinar si existían tendencias estacionales a lo largo de los años, se compararon los resultados de la cantidad de aves capturadas, y las proporciones de positividad, entre cada temporada migratoria. Los análisis fueron realizados utilizando R versión 3.3.2 (R Development Core Team, 2020)

Resultados y discusión

Entre 2007 y 2019, 4507 individuos fueron muestreados. Las aves muestreadas corresponden a 21 géneros y 34 especies. El 97.4% de especies muestreadas han sido de la familia Anatidae

(Orden Anseriformes) de los géneros *Anas*, *Aythya*, *Oxyoura*, *Cairina*, y *Dendrocygna* representados en 13 especies (figura 2). El 2.6% restante corresponden a géneros diversos que van desde otras especies acuáticas como pelicanos (familia pelicanidae), ibis (familia Threskiornithidae), garzas (familia Ardeidae), cormoranes (familia Phalacrocoracidae), aves playeras (familia Scolopacidae y Charadriidae), hasta algunas especies de palomas (familia Columbidae).

En la Tabla 1 se presenta el detalle de individuos muestreados, 657 individuos (14.57%) resultaron positivos para virus de Influenza A: El 99.5% de las muestras positivas (652) pertenecían a especies de la familia Anatidae, la mayoría eran *Anas discors* (598), y *Anas clypeata* (39). Durante los 13 años, *Anas discors* tiene más muestras positivas que ninguna otra especie, pero la mayor prevalencia se encontró en *Dendrocygna bicolor* (28%, 2/7) seguida de *A. clypeata* (22.5%, 39/173), *A. americana* (22.2%, 2/9), *A. crecca* (17.4%, 4/23) y *Dendrocygna autumnalis* (5.9%, 1/17). Sin embargo, el caso de *Dendrocygna bicolor*, todos los individuos fueron muestreados en el mismo sitio y en la misma ocasión, lo cual puede estar asociado a esta respuesta. No se han encontrado positivos en las otras especies de patos.

Las aves del orden anseriformes y charadriiformes, son considerados los reservorios de los virus de influenza, lo cual, confirma los resultados reportados. Estas aves se desplazan grandes distancias durante la migración pudiendo dispersar los virus a lo largo de la ruta migratoria (Taubenberger y Kash, 2010). Dentro de estas especies que migran estacionalmente desde el norte, las aves de la familia Anatidae son especies cinegéticas y existe una importante actividad de cacería enfocada en éstas (CONAP 2010). El resto de especies muestreadas no eran objetivos de cacería, sino tiros incidentales. De estos

Tabla 1. Resultados de Influenza A por especie y sitio de muestreo.

Orden	Especie	Monterrico			Parcelamiento San Geronimo			Paredon			Salinas			Otros sitios *		
		N	N.Pos	(%)	N	N.Pos	(%)	N	N.Pos	(%)	N	N.Pos	(%)	N	N.Pos	(%)
Anseriformes	<i>Anas discors</i>	1316	153	11.63	1342	253	18.85	816	28	3.43	379	79	20.84	313.00	85.00	27.16
	<i>Anas clypeata</i>	16	1	6.25	108	37	34.26	30	0	0.00	6	0	0	12	1	8.33
	<i>Anas sp.</i>	0	0	0.00	7	6	85.71	0	0	0	0	0	0	0	0	0.00
	<i>Anas crecca</i>	1	1	100.00	15	2	13.33	0	0	0	4	1	25	3	0	0.00
	<i>Anas americana</i>	2	0	0.00	7	2	28.57	0	0	0	0	0	0	0	0	0.00
	<i>Anas acuta</i>	0	0	0.00	3	0	0.00	1	0	0	0	0	0	2	0	0.00
	<i>Aythya sp.</i>	1	0	0.00	2	0	0.00	0	0	0	0	0	0	1	0	0.00
	<i>Aythya collaris.</i>	0	0	0.00	0	0	0.00	0	0	0	0	0	0	2	0	0.00
	<i>Aythya affinis</i>	0	0	0.00	2	0	0.00	0	0	0	0	0	0	0	0	0.00
	<i>Aythya fuligula</i>	0	0	0.00	2	0	0.00	0	0	0	0	0	0	0	0	0.00
	<i>Aythya americana</i>	1	0	0.00	2	0	0.00	0	0	0	0	0	0	0	0	0.00
	<i>Oxyura jamaicensis</i>	0	0	0.00	1	0	0.00	0	0	0	1	0	0	0	0	0.00
	<i>Cairina moschata</i>	0	0	0.00	0	0	0.00	0	0	0	0	0	0	2	0	0.00
	<i>Dendrocygna autumnalis</i>	1	0	0.00	0	0	0.00	0	0	0	6	0	0	10	1	10.00
	<i>Dendrocygna bicolor</i>	4	0	0.00	1	0	0.00	1	0	0	0	0	0	2	2	100.00
Charadriiformes	<i>Arenaria interpres</i>	0	0	0.00	1	0	0.00	0	0	0	0	0	0	0	0	0.00
	<i>Leucophaeus atricilla</i>	1	0	0.00	0	0	0.00	0	0	0	0	0	0	0	0	0.00
	<i>Limnodromus scolopaceus</i>	0	0	0.00	1	0	0.00	0	0	0	0	0	0	0	0	0.00
	<i>Catoptrophorus semipalmatus</i>	0	0	0.00	2	1	50.00	0	0	0	0	0	0	0	0	0.00
	<i>Numenius americanus</i>	0	0	0.00	0	0	0.00	1	0	0	0	0	0	0	0	0.00
Columbiformes	<i>Columba flavivestris</i>	0	0	0.00	1	0	0.00	0	0	0	0	0	0	0	0	0.00
	<i>Zenaida asiatica</i>	0	0	0.00	5	2	40.00	3	0	0	3	0	0	8	0	0.00
	<i>Zenaida macrura</i>	0	0	0.00	0	0	0.00	0	0	0	0	0	0	8	0	0.00
	<i>Streptopelia decaocta</i>	0	0	0.00	1	0	0.00	0	0	0	1	0	0	0	0	0.00
	<i>Patagioenas flavivestris</i>	1	0	0.00	1	0	0.00	1	0	0	0	0	0	0	0	0.00
Gruiformes	<i>Fulica americana</i>	1	0	0.00	4	1	25.00	0	0	0	0	0	0	1	0	0.00
	<i>Gallinula</i>	2	0	0.00	0	0	0.00	0	0	0	7	0	0	0	0	0.00
Suliformes	<i>Phalacrocorax brasilianus</i>	10	0	0.00	1	0	0.00	4	0	0	1	0	0	0	0	0.00
Ciconiiformes	<i>Platalea ajaja</i>	1	0	0.00	0	0	0.00	0	0	0	1	0	0	0	0	0.00
	<i>Mycteria americana</i>	1	0	0.00	0	0	0.00	0	0	0	0	0	0	1	0	0.00
Pelecaniformes	<i>Edocimus albus</i>	0	0	0.00	4	1	25.00	0	0	0	0	0	0	0	0	0.00
	<i>Pelecanus erythrorhynchos</i>	0	0	0.00	0	0	0.00	0	0	0	0	0	0	1	0	0.00
	<i>Pelecanus occidentalis</i>	0	0	0.00	0	0	0.00	0	0	0	1	0	0	0	0	0.00
	<i>Egretta thula</i>	1	0	0.00	0	0	0.00	0	0	0	0	0	0	0	0	0.00
	<i>Nycticorax nycticorax</i>	1	0	0	0	0	0.00	0	0	0	0	0	0	0	0	0.00
	TOTAL	1361	155		1513	305		857	28		410	80		366	89	

*Otros sitios: Suma de muestreos La Danta, Jutiapa; Los Cerritos, Santa Rosa.

objetivos incidentales, hay únicamente hay 5 positivos: *Catoptrophorus semipalmatus* (1), *Fulica americana* (1), *Edocimus albus* (1), y *Zenaidra asiatica* (2). Las aves playeras (charadriiformes) son parte de los objetivos incidentales y en estos 13 años únicamente se han muestreado 6 por lo tanto son limitadas las inferencias que se puede hacer de 1 individuo positivo, sin embargo, si es un indicador de la circulación del virus en estas especies en Guatemala apoyando el estudio realizado en 2017-2018 en la costa sur de Guatemala en aves playeras (Méndez et al. pendiente de publicación).

Los virus de influenza poseen una tasa de mutación muy elevada y sumado al número de segmentos en el material genético, producen una rápida evolución. Por esta razón es posible que exista intercambio genético de diferentes subtipos o variantes al existir una co-infección dentro del hospedero (Lycett, Duchatel, y Digard, 2019). La vigilancia de los reservorios es muy importante para conocer como circulan los virus en las poblaciones migrantes e identificar el posible impacto en poblaciones locales (Machalaba et al. 2015). En Guatemala convergen 3 rutas migratorias, la central, la del pacífico y la del atlántico (Galbraith et al. 2014), y se han reportado al menos 94 especies acuáticas migratorias en el recorrido de estas rutas en el país (Eisermann, 2006). Por otro lado, entre las muestras colectadas en Guatemala caracterizadas entre 2010 y 2013 se detectaron co-infecciones con diferentes subtipos a través de secuenciación genética (Gonzalez-Reiche et al. 2017) apoyando la ocurrencia de intercambio genético en los sitios de colecta.

Durante la migración, las aves utilizan sitios de parada. Los sitios de parada son áreas donde las aves se detienen por periodos de tiempo variable, para alimentarse y recuperar sus reservas energéticas para continuar el viaje. La mayoría de sitios de parada, especialmente en América son humedales (Asante et al. 2017). La temporada migratoria en Guatemala abarca de noviembre a marzo. La disponibilidad de sitios de caza depende de las condiciones climáticas y el nivel del agua en las lagunas de manglares de la Costa Sur. Los cazadores y jaladores tienen sitios seleccionados que visitan durante cada la temporada migratoria. Durante los 13 años de vigilancia hubo poca variación de los sitios de cacería con los cazadores colaboradores.

El Paredón a pesar de ser un sitio reciente, fue muy relevante respecto a los resultados. Existe una diferencia en la tasa de infección por sitio. Los sitios 1 y 2 muestran algunas similitudes en el esfuerzo de muestreo, el número de animales cazados y los positivos, a pesar de que el sitio 2 tiene una mayor prevalencia. Los sitios 4 y 5 no son diferentes entre sí. Las comparaciones por pares muestran que el Sitio 3 es diferente al resto. Se encontró una relación entre la riqueza y abundancia de las especies en los sitios, con la positividad de las muestras ($R^2 = 0.654$).

Respecto a la diversidad de especies de aves en los sitios de muestreo, se observó que existió diferencia en la riqueza de los sitios, ($p = 0.0031$) siendo el parcelamiento de San Gerónimo, en la aldea la Gomera Escuintla uno de los sitios más diversos

($H' = 0.42$) y de donde provienen la caería de las especies de anátidos menos frecuentes como *Aythya sp.* Los sitios también fueron diferentes respecto a la positividad, y esta diferencia fue evidente tras analizar las variables por un medio de un modelo de regresión. El parcelamiento de San Gerónimo mostró la tasa más alta de positividad, seguido de Monterrico. Este modelo parece indicar que existe un efecto del sitio en la prevalencia de influenza. Sin embargo, estos resultados deben tomarse con cautela, debido a que es difícil compararlos en términos de diversidad y prevalencia, debido a la asimetría de especies muestreadas, asimetría que fue provocada debido al sesgo de los objetivos del cazador y la marcada diferencia entre la abundancia de las especies cinegéticas, con una clara dominancia de *A. discors*.

En estos sitios diferentes poblaciones y especies pueden coincidir, y esto es muy importante en la ecología de los virus de influenza (Dhingra et al. 2018). Existen pocos estudios poblacionales o genéticos de aves acuáticas en Guatemala, la mayor parte de investigación corresponde a censos y reportes de avistamiento (Eisermann, 2006). Sin embargo estos estudios han permitido identificar varios sitios de importancia para las aves migratorias, reportando las densidades más grandes principalmente en la Costa Sur (Censo Centroamericano de Aves Acuáticas - Wetlands International Latinoamérica y el Caribe s/f). Algunos de los sitios de estos censos son donde ocurren los eventos de cacería, y los datos de los muestreos respaldan las tendencias que muestran estos censos respecto a diversidad.

Es necesario continuar los estudios de aves acuáticas en Guatemala, identificando las poblaciones de aves migratorias en el territorio nacional y sus patrones de ocupación y dispersión. Aún falta información del contexto de la Costa Sur de Guatemala en términos de diversidad y paisaje para entender la ecología de los virus de IAV en el país y que elementos se relacionan con diversidad viral que ha sido reportada en otros artículos derivados de este proyecto. Es necesario abordar como varía la diversidad y la prevalencia en el tiempo, y, si el sitio de parada tiene un efecto en la salud de los hospederos. Además, es necesario documentar de forma más sostenida y sistemática la diversidad de cada sitio a lo largo de las temporadas de migración, para eliminar el sesgo de la especie blanco de los cazadores. Estos elementos no solo son importantes para entender cómo se comparten los virus en las poblaciones distribuidas en su dispersión geográfica, si no proponer las medidas para conservación de los sitios de parada y evitar el impacto en las poblaciones migratorias y residentes a futuro.

Conclusiones

Este es uno de los primeros esfuerzos de investigación de Influenza A de esta magnitud en la región. Durante 13 años se ha recopilado datos sobre la alta diversidad de virus de Influenza A en las aves migratorias que visitan Guatemala. A pesar de que la especie que dominó los esfuerzos de muestreo fue *Anas*

discors, y por lo tanto generó el mayor número de muestras positivas, las otras especies de Anátidos con prevalencia alta son un indicador que Guatemala es un sitio donde convergen diversas especies y posiblemente poblaciones y esto es relevante en la recombinación de los virus de influenza A. Aún es necesario empatar estudios de escala poblacional de reservorios con la información molecular de los virus que se ha recopilado a la fecha, para entender como ocurren los procesos de diversidad de virus en la región.

Aporte de autores

Promotor del concepto de la experimentación MEMB, CCR, ASGR, DP

Investigadores MEMB, ASGR, MLM, IDM, DM, DA, LO, CS

Tabulación de datos, redactor del artículo: IDM

Análisis de datos: DM

Revisor del artículo: DM, CCR, LO

Agradecimientos

Este trabajo fue financiado por el Instituto Nacional de Enfermedades Infecciosas y Alergias (NIAID) y el Centro para la Investigación de la Patogenia de Influenza (CRIP) de los Estados Unidos. Este proyecto contó con el apoyo y autorización del Consejo Nacional de Áreas Protegidas (CONAP) y con el apoyo y aval del Centro de Estudios Conservacionistas (CECON) de la Universidad de San Carlos de Guatemala. También agradecemos el apoyo del Ministerio de Agricultura y Ganadería (MAGA) en los primeros años del proyecto. Extendemos el agradecimiento también a todos los que han integrado el equipo del proyecto a lo largo de los años Jorge Paniagua, Silvia Ramírez, Silvia Sosa, Carmen Yoc, Oscar de León, Adán Real, Ramón Medrano, y a los cazadores deportivos que nos permitieron coleccionar las muestras en los eventos de cacería.

Bibliografía

- Allen, T., Murray, K.A., Zambrana-Torrel, C., Morse, S.S., Rondinini, C., Di Marco, M., Breit, N., Olival, K.J., Daszak, P. (2017) *Global hotspots and correlates of emerging zoonotic diseases* Nature Communications 8: 1124. <https://doi.org/10.1038/s41467-017-00923-8>.
- Asante, C.K., Hobson, K.A., Bond, A.L., Jardine, T.D. (2017) *Resource partitioning among five species of waterfowl (Anas spp.) at an autumn migratory stopover: Combining stable isotope and mercury biomarkers* Canadian Journal of Zoology 95 (4): 279-86. <https://doi.org/10.1139/cjz-2016-0063>.
- Barouki, R., Kogevinas, M., Audouze, K., Belesova, K., Bergman, A., Birnbaum, L., Sandra Boekhold, S., Denys, S., Deseille, C., Drakvit, E., Frumkin, H., Garric, J., Destoumieux-Garzon, D., Haines, A., Huss, A., Jensen, G., Karakitsios, S., Klanova, J., Koskela, L.M., Laden, F., Marano, F., Matthies-Wiesler, E.F., Morris, G., Nowacki, J., Paloniemi, R., Pierce, N., Peters, A., Rekola, A., Sarigiannis, D., Sebkova, K., Slama, R., Staatsen, B., Tonne, C., Vermeulen, R. Vineis, P. and The HERA-COVID-19 working group (2021) *The COVID-19 pandemic and global environmental change: Emerging research needs* Environment International 146: 106272. <https://doi.org/10.1016/j.envint.2020.106272>.
- Byrd-Leotis, L., Cummings, R.D., Steinhauer, D.A. (2017) *The interplay between the host receptor and influenza virus hemagglutinin and neuraminidase* International Journal of Molecular Sciences 18 (7) 15-41. <https://doi.org/10.3390/ijms18071541>.
- Censo Centroamericano de Aves Acuáticas - Wetlands International Latinoamérica y el Caribe s/f. Consultado el 31 de enero de 2021. <https://lac.wetlands.org/nuestro-enfoque/humedales-y-naturaleza-saludables/censo-centroamericano-de-aves-acuaticas/>.
- CONAP (2010) *Elaboración de los Calendarios Cinegéticos Regionales Guatemala 2010 Guatemala*. <https://es.scribd.com/doc/51086183/Calendarios-Cinegeticos-Regionales-Guatemala-2010-2011>.
- Dhingra, M.S., Jean Artois, J., Dellecour, S., Lemey, P., Sophie Von Dobschuetz, D.G., Van Boeckel, T.P., Castellan, D.M., Morzaria, S., Gilbert, M. (2018) *Geographical and historical patterns in the emergences of novel highly pathogenic avian influenza (HPAI) H5 and H7 viruses in poultry* Frontiers in Veterinary Science 5: 84. <https://doi.org/10.3389/fvets.2018.00084>.
- Diskin, E.R., Friedman, K., Krauss, S., Nolting, J.M., Poulson, R.L., Slemmons, R.D., Stollknecht, D.E., Webster, R.G., Bowman, A.S. (2020) *Subtype Diversity of Influenza A Virus in North American Waterfowl: a Multidecade Study* Journal of Virology 94 (11): 2022-41. <https://doi.org/10.1128/jvi.02022-19>.
- Eisermann, K. (2006) *Evaluation of waterbird populations and their conservation in Guatemala Guatemala*. https://www.researchgate.net/publication/263162660_Evaluation_of_waterbird_populations_and_their_conservation_in_Guatemala.
- Ferreri, L.M., Ortiz, L., Geiger, G., Barriga, G.P., Poulson, R., Gonzalez-Reiche, A.S., Crum, J.A., Stallknecht, D., Morán, D., Córdón-Rosales, C., Rajao, D., Pérez, D.R. (2019) *Improved detection of influenza A virus from blue-winged teal by sequencing directly from swab material* Ecology and Evolution 9 (11): 6534-46. <https://doi.org/10.1002/ece3.5232>.
- Galbraith, C.A., Jones, T., Kirby, J., Taej. M. (2014) *A review of migratory bird flyways and priorities for management* CMS Technical Series Publication No. 27.
- González-Reiche, A.S., Morales-Betoulle, M.E., Alvarez, D., Betoulle, J.L., Müller, M.L., Sosa, S.M., Pérez, D.R. (2012) *Influenza A Viruses from Wild Birds in Guatemala Belong to the North American Lineage* PLoS ONE 7 (3): e32873. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0032873>.
- González-Reiche, A.S., Ramírez, A.L., Müller, M.L., Orellana, D., Sosa, S.M., Ola, P., Paniagua, J., Ortiz, L., Hernández, J., Córdón-Rosales, C., Pérez, D.R. (2017) *Origin, distribution, and potential risk factors associated with influenza A virus in swine in two production systems in Guatemala* Influenza and other Respiratory Viruses 11 (2): 182-92. <https://doi.org/10.1111/irv.12437>.
- Jhung, M.A., Swerdlow, D., Olsen, S.J., Jernigan, D., Biggerstaff, M., Kamimoto, L., Kniss, K., Reed, C., Fry, A., Brammer, A., Gindler, J., Gregg, W.J., Breese, J., Finelli, L. (2011) *Epidemiology of 2009 pandemic influenza a (H1N1) in the United States* Clinical Infectious Diseases 52 (suppl. 1) S13-S26. <https://doi.org/10.1093/cid/ciq008>.

- Karesh, W.B., Dobson, A., Lloyd-Smith, J.O., Lubroth, J., Dixon, M.A., Bennett, M., Aldrich, S., Harrington, T., Formenti, P., Loh, E.H., Machalaba, C.C., Thomas, M.J., Heymann, D.L. (2012) *Ecology of zoonoses: natural and unnatural histories* Lancet 380 (9857): 1936-45. [https://doi.org/10.1016/S0140-6736\(12\)61678-X](https://doi.org/10.1016/S0140-6736(12)61678-X).
- Kuiken, T., Fouchier, R.A.M., Rimmelzwaan, G.F., Osterhaus, A.D.M.E. (2006) *Emerging viral diseases in waterbirds* En: Boere, G.C., Galbraith, C.A., Stroud, D.A. eds.) *Waterbirds around the world A global overview of the conservation, management and research of the world's waterbird flyways* Edinburgh: The Stationery Office 4:1-937. www.paulmarshallphotography.com.
- Lycett, S.J., Duchatel, F., Digard, P. (2019) *A brief history of bird flu* Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences 374: 1775. <https://doi.org/10.1098/rstb.2018.0257>.
- Machalaba, C.C., Elwood, S.E., Forcella, S., Smith, K.M., Hamilton, K., Jebara, K.B., Swayne, D.E., et al. (2015) *Global avian influenza surveillance in wild birds: A strategy to capture viral diversity* Emerging Infectious Diseases 21 (4) 141415. <https://doi.org/10.3201/eid2104.141415>
- Munster, V.J., Fouchier, R.A.M. (2009) *Avian influenza virus: Of virus and bird ecology* Vaccine 27 (45) 6340-6344. <https://doi.org/10.1016/j.vaccine.2009.02.082>.
- Olsen, B., Munster, V.J., Wallensten, A., Waldenström, J., Osterhaus, A.D., Fouchier, R.A. (2006) *Global patterns of influenza a virus in wild birds* Science 312 (5772): 384-88. <https://doi.org/10.1126/SCIENCE.1122438>.
- Rebel, J.Mj., Peeters, B., Fijten, H., Post, J., Cornelissen, J., Vervelde, L. (2011) *Highly pathogenic or low pathogenic avian influenza virus subtype H7N1 infection in chicken lungs: Small differences in general acute responses* Veterinary Research 42 (1): 10. <https://doi.org/10.1186/1297-9716-42-10>.
- Taubenberger, J.K., Kash, J.C. (2010) *Influenza virus evolution, host adaptation, and pandemic formation* Cell Host and Microbe 7 (6) 440-451. <https://doi.org/10.1016/j.chom.2010.05.009>.
- Townsend, A.K., Hawley, D.M., Stephenson, J.F., Williams K.E.G. (2020) *Emerging infectious disease and the challenges of social distancing in human and non-human animals* Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences 287: 1932. <https://doi.org/10.1098/rspb.2020.1039>.
- Vandegrift, K.J., Sokolow, S.H., Daszak, P., Kilpatrick, A.M. (2010) *Ecology of avian influenza viruses in a changing world* Annals of the New York Academy of Sciences 1195: 113-28. <https://doi.org/10.1111/j.1749-6632.2010.05451.x>.Ecology.
- Walton, L., Marion, G., Davidson, R.S., White, P.C.L., Smith, L.A., Gavier-Widen, D., Yon, L., Hannant, D., Hutchings, M.R., (2016) *The ecology of wildlife disease surveillance: demographic and prevalence fluctuations undermine surveillance* Journal of Applied Ecology 53 (5): 1460-69. <https://doi.org/10.1111/1365-2664.12671>.