



UNIVERSIDAD DE CHILE
Campus Sur

**DOCTORADO EN CIENCIAS
SILVOAGROPECUARIAS Y VETERINARIAS**

**ESTUDIO DE LA INVASIÓN DE COTORRAS ARGENTINAS
(*Myiopsitta monachus*) EN LA REGIÓN METROPOLITANA
(SANTIAGO, CHILE) DESDE UN ENFOQUE SANITARIO,
ECOLÓGICO Y GENÉTICO**

María Alejandra Sandoval Rodríguez

Tesis para optar al
Grado de Doctor en
Ciencias
Silvoagropecuarias y
Veterinarias

PROFESOR GUÍA: **CRISTÓBAL BRICEÑO URZÚA**

**SANTIAGO,
CHILE
2022**



UNIVERSIDAD DE CHILE



FACULTAD DE CIENCIAS
AGRONÓMICAS
UNIVERSIDAD DE CHILE



Universidad de Chile

favet

Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias



UNIVERSIDAD DE CHILE

Instituto de Nutrición y Tecnología de los Alimentos
Doctor Fernando Monckeberg Barros



cfcn
Facultad de
Ciencias Forestales y de la
Conservación de la Naturaleza
UNIVERSIDAD DE CHILE

**DOCTORADO EN CIENCIAS SILVOAGROPECUARIAS Y
VETERINARIAS**

**ESTUDIO DE LA INVASIÓN DE COTORRAS ARGENTINAS
(*Myiopsitta monachus*) EN LA REGIÓN METROPOLITANA
(SANTIAGO, CHILE) DESDE UN ENFOQUE SANITARIO,
ECOLÓGICO Y GENÉTICO**

María Alejandra Sandoval Rodríguez

Tesis para optar al Grado de
Doctor en Ciencias
Silvoagropecuarias y
Veterinarias

PROFESOR GUÍA: CRISTÓBAL BRICEÑO URZÚA

SANTIAGO, CHILE

2022

**DOCTORADO EN CIENCIAS SILVOAGROPECUARIAS Y
VETERINARIAS**

**ESTUDIO DE LA INVASIÓN DE COTORRAS ARGENTINAS
(*Myiopsitta monachus*) EN LA REGIÓN METROPOLITANA
(SANTIAGO, CHILE) DESDE UN ENFOQUE SANITARIO,
ECOLÓGICO Y GENÉTICO**

María Alejandra Sandoval Rodríguez

Tesis para optar al Grado de
Doctor en Ciencias
Silvoagropecuarias y
Veterinarias

COMITÉ DE TESIS

	Calificación	Firma
Cristóbal, Briceño, U		_____
Fabián, Jaksic, A		_____
Marco, Méndez, T		_____
Pedro, Cattán, A		_____
Sergio, Alvarado, O		_____

Número de registro:

SANTIAGO, CHILE

Año

2022

DECLARACIÓN DE AUTORÍA

Mediante la presente, yo **María Alejandra Sandoval Rodríguez**, declaro que esta tesis corresponde a un trabajo original, el cual no he utilizado para la obtención de otros títulos o grados. A su vez declaro que cualquier aporte intelectual de otros autores ha sido debidamente referenciado en el texto.

Este trabajo recibió financiamiento de:

ANID: Beca de Doctorado Nacional N°
21181241. FONDECYT: Proyecto
FONDECYT N° 11160852.

Programa de Doctorado en Ciencias Silvoagropecuarias y
Veterinarias: Beca de arancel.

Santiago, 16 de JUNIO, 2022

AGRADECIMIENTOS

Quisiera agradecer a mi profesor guía, el Dr. Cristóbal Briceño por todo su apoyo y por guiarme a lo largo de este proceso. A la comisión evaluadora por sus comentarios y ayuda que permitieron enriquecer el presente trabajo. A todos los miembros de CONSERLAB pasados y presentes, especialmente a Matilde y Karina por su acogida y permanente buena disposición. A María Sonia y María Soledad por su constante soporte desde mi postulación al programa de doctorado hasta el día de hoy. A Carezza, Gemma, Mildred, Cata, Rocío, Pachy y Consu por su permanente apoyo, ayuda y amistad. Finalmente, a mi familia y amigos de toda la vida por todo su cariño, amor y compañía a lo largo de los años.

ÍNDICE GENERAL

RESUMEN	1
ABSTRACT	2
INTRODUCCIÓN GENERAL	3
HIPOTESIS.....	8
OBJETIVO GENERAL.....	9
OBJETIVOS ESPECÍFICOS.....	9
DEFINICIÓN DE CAPÍTULOS.....	10
CAPÍTULO 1	11
CAPÍTULO 2	42
CAPÍTULO 3.....	62
DISCUSIÓN GENERAL Y CONCLUSIONES	86
REFERENCIAS	90
ANEXOS	96

RESUMEN

La cotorra argentina (*Myiopsitta monachus*) es un ave invasora introducida en Chile a comienzos de los años setenta que hoy en día es posible encontrar en diversos puntos de la Región Metropolitana. Pese a ser considerada una especie dañina poco se sabe sobre el impacto de esta psitácida en el país. Es por ello por lo que el presente trabajo buscó estudiar la invasión de esta ave desde tres enfoques distintos: sanitario, genético y ecológico. Se buscó la presencia de los patógenos *Cryptosporidium* spp., *Campylobacter* spp., y *Chlamydophila psittaci* en muestras de 213 individuos de cotorra argentina, capturados en la Región Metropolitana, mediante las técnicas de microscopía, PCR y serología, respectivamente. Se detectó la presencia de *Cryptosporidium* spp. en 11 ejemplares mientras que *Campylobacter* spp., y *Chlamydophila psittaci* no fueron detectados. Se estudió la presencia de tijuques (*Milvago chimango*), tordos (*Curaeus curaeus*) y zorzales (*Turdus falcklandii*) en sitios de nidificación de cotorras argentinas, confirmándose la presencia de estas aves nativas en dichos sitios registrándose adicionalmente que tordos y zorzales conviven pacíficamente con cotorras mientras que los tijuques presentan una proporción similar de interacciones agresivas y neutras. Interesantemente se detectó a tordos y zorzales utilizando nidos de cotorras argentinas. Finalmente, se estudió la estructura genética de 204 individuos utilizando la técnica de ddRADSeq, evidenciándose un bajo nivel de estructuración en las cotorras presentes en Santiago. Se detectó, sin embargo, leves diferencias entre los individuos localizados en el sector norte de la ciudad y aquellos ubicados en la zona centro-sur.

Palabras clave: *Myiopsitta monachus*, *Cryptosporidium*, interacciones afiliativas, interacciones agonistas, estructura genética.

ABSTRACT

The monk parakeet (*Myiopsitta monachus*) is an invasive bird introduced in Chile in the early seventies that can nowadays be observed in several points of the Metropolitan Region. Despite being considered a damaging species little is known about the real impact caused by this psittacine bird in the country. Therefore, the present work sought to study the invasion of monk parakeets from three different perspectives: sanitary, ecological, and genetic. The presence of the pathogens *Cryptosporidium* spp., *Campylobacter* spp., and *Chlamydophila psittaci* was evaluated in 213 monk parakeet individuals captured in the Metropolitan Region, by means of microscopy, PCR, and serology, respectively. *Cryptosporidium* spp. was detected in 11 individuals while *Campylobacter* spp. and *C. psittaci* were not detected. The presence of the native birds chimango caracara (*Milvago chimango*), austral blackbird (*Curaeus curaeus*), and austral thrush (*Turdus falcklandii*) was studied in monk parakeet nesting sites. Alongside confirming the presence of these birds in said sites it was possible to register that austral blackbirds and austral thrushes coexist pacifically with monk parakeets while chimangos presented a similar proportion of agonistic and neutral interactions. Interestingly, austral blackbirds and austral thrushes were observed nesting inside monk parakeet nests. Finally, the genetic structure of 204 monk parakeet individuals was studied using the ddRADseq technique. A low level of genetic structure was observed in monk parakeets from Santiago. It was however possible to detect slight differences between individuals located in the northern area of the city and those located in the central-south area.

Key Words: *Myiopsitta monachus*, *Cryptosporidium*, affiliative interaction, agonistic interaction, genetic structure.

INTRODUCCIÓN GENERAL

Las invasiones biológicas corresponden a procesos en los cuales una especie expande su rango de distribución geográfica, ocupando regiones en las que previamente no se encontraba (Jaksic y Castro, 2014; Kolar y Lodge, 2001; Mack *et al.*, 2000). Estos fenómenos suelen asociarse a la actividad humana y recientemente su ritmo se ha incrementado como consecuencia de la modernización e incremento del comercio y viajes, convirtiéndose así en un subproducto de la globalización (Jaksic y Castro, 2014; Meyerson y Mooney, 2007).

Existen diversas consecuencias asociadas a la invasión de especies exóticas entre las que pueden mencionarse; reestructuración de la distribución de la biodiversidad a nivel global, tendencia a la homogenización biótica, modificación de la estructura y funcionamiento de los ecosistemas invadidos, establecimiento de relaciones de competencia interespecífica y/o depredación con especies nativas, introducción de nuevos patógenos y reproducción con especies nativas, provocando procesos de hibridación (Appelt *et al.*, 2016; Jaksic y Castro, 2014). En casos extremos, la presencia de especies exóticas puede llevar a la extinción local o global de especies nativas, por lo que son consideradas una amenaza para la conservación de la biodiversidad (Jaksic y Castro, 2014; Wilcove *et al.*, 1998).

La cotorra argentina (*Myiopsitta monachus*) es un ave perteneciente a la familia de las psitácidas. Es un loro neotropical de tamaño medio de color verde claro con tonos grisáceos en el pecho, siendo posible observar tonos azules en sus alas cuando las despliegan. No es un ave migratoria, razón por la cual permanece todo el año en el mismo sitio, utilizándolo tanto para nidificación como para forrajeo (Canavelli *et al.*, 2013; Navarro *et al.*, 1995). Su distribución nativa incluye Paraguay, Uruguay, Bolivia, el sur de Brasil, y los sectores norte y central de Argentina. Sin embargo, debido al comercio internacional de mascotas esta ave puede, hoy en día, ser encontrada en 26 países de África, Asia, Europa y América (Calzada- Preston y Pruett-Jones, 2021; Eberhard, 1998; Edelaar *et al.*, 2015; GISD, 2015; South y Pruett-Jones 2000).

La presencia de la cotorra argentina en diversos países del mundo y su éxito como una especie invasora, puede asociarse a las características únicas de esta especie (Sol *et al.* 1997, Strubbe y Matthysen 2009). La cotorra argentina es un ave altamente gregaria que, a diferencia del resto de las psitácidas, no depende de cavidades preexistentes para nidificar, ya que son capaces de construir sus propios nidos comunales utilizando palos y ramas (Bucher *et al.*, 1991). Estas estructuras pueden llegar a medir dos metros de diámetro, pesar hasta 150 kilogramos, y poseer varias cámaras donde distintas parejas pueden nidificar simultáneamente (Briceño *et al.*, 2019; South y Pruett-Jones 2000; Tala *et al.*, 2005; Viana *et al.* 2016). Tanto en su distribución nativa como invasora estos nidos son utilizados por otras especies de aves lo que ha llevado a que las cotorras argentinas sean reconocidas como ingenieros ecosistémicos (Briceño *et al.*, 2019). Adicionalmente, poseen una dieta altamente flexible, lo que les permite aprovechar una amplia variedad de frutas y semillas, tanto silvestres como cultivadas (Borray-Escalante *et al.*, 2020; Canavelli *et al.*, 2013; Navarro *et al.*, 1995).

Las cotorras argentinas también han demostrado ser capaces de tolerar la presencia humana y las perturbaciones urbanas, construyendo frecuentemente sus nidos en parques y plazas públicas (Briceño *et al.*, 2019; Sol *et al.*, 1997, South y Pruett-Jones 2000, Strubbe y Matthysen 2009). Finalmente, su comportamiento gregario las lleva a involucrarse en crianza comunal y a su vez, reduce el riesgo de depredación (Eberhard 1998, South y Pruett-Jones 2000, Viana *et al.*, 2016). Todos estos rasgos le permiten adaptarse a diferentes ambientes y expresar un crecimiento poblacional acelerado (Strubbe y Matthysen 2009, Bucher y Aramburú 2014). Es más, su éxito reproductivo parece ser más alto en ambientes invadidos en contraste a su distribución nativa (Senar *et al.*, 2019).

Tanto en países donde es nativa como en sitios donde corresponde a un ave invasora, la cotorra argentina es considerada como una especie dañina. Esto se debe principalmente a las pérdidas económicas derivadas de su impacto (Conroy y Senar, 2009). Por una parte, pueden causar daño a estructuras tales como postes eléctricos al construir sus nidos sobre ellos (Viana *et al.*, 2016).

De la misma forma, su presencia puede derivar en considerables mermas para la industria agrícola, al alimentarse de los productos presentes en los campos de cultivo (Bucher y Aramburú, 2014; Viana *et al.*, 2016). En Argentina, por ejemplo, estas aves causan pérdidas de hasta un billón de dólares cada año por concepto de daño a cultivos (Iriarte *et al.*, 2005).

La cotorra argentina fue introducida en Santiago de Chile a comienzos de los años setenta, cuando un grupo de individuos fue liberado en el área noreste de Santiago, desde donde se habrían dispersado al resto del territorio. Hoy en día, colonias reproductivas de esta cotorra pueden ser observadas en las Regiones de Copiapó, Valparaíso, Metropolitana, del Biobío y en Puerto Montt, encontrándose la mayor cantidad de ellas en la ciudad de Santiago, donde se han establecido con gran éxito (Briceño *et al.* 2019; Caraboni *et al.*, 2020; Iriarte *et al.*, 2005).

La ciudad de Santiago forma parte de la Región Metropolitana, área localizada en la zona bioclimática de Chile central. Esta zona se caracteriza por veranos secos e inviernos lluviosos y con fuertes variaciones interanuales debido al fenómeno de El Niño (Amigo y Ramirez, 1998). La temperatura anual media es de 13,2 °C y la precipitación anual es de 531 mm (Schulz *et al.*, 2010).

La Región Metropolitana cuenta con 52 comunas y concentra al 40% de la población nacional con 7.112.808 habitantes, convirtiéndola en la región más densamente poblada del país, con 462 personas/km² (INE, 2017). Esta zona ha experimentado profundos cambios debido a la explotación forestal, la expansión urbana y agrícola, sobrepastoreo de ganado, y la introducción de especies invasoras (Schulz *et al.*, 2010; Villaseñor *et al.*, 2021; Vogiatzakis *et al.*, 2006). Paralelamente, Chile central se caracteriza por presentar altos niveles de endemismo tanto a nivel de flora como de fauna, lo que lo convierte en una zona de interés para la conservación y reconocida como uno de los 25 hotspots de biodiversidad a nivel mundial (Arroyo *et al.*, 2008; Myers *et al.*, 2000).

Aparentemente, uno de los mayores impactos asociados a la cotorra argentina en Chile se relaciona al daño causado a árboles frutales y ornamentales (Iriarte *et al.*, 2005). Dentro de este contexto, expertos del Servicio Agrícola y Ganadero (SAG)

han declarado que, dado los costos económicos y las limitaciones técnicas existentes, no resulta factible pensar en la erradicación de la cotorra argentina. Sin embargo, resulta necesario crear un programa de control que permita confinar a la cotorra a sectores urbanos (Tala *et al.*, 2005).

A lo largo de los años, diversos estudios destinados a comprender los hábitos de vida de la cotorra argentina, su estado sanitario, sus características genéticas y las consecuencias asociadas a su presencia, entre otros, han sido realizados tanto a lo largo de su distribución nativa como de su distribución invasora.

De forma general se ha descrito que, en términos sanitarios, las cotorras pueden ser portadoras de diversos parásitos y agentes infecciosos (Ancilloto *et al.*, 2018; Aramburú *et al.*, 2003; Martínez de la Puente *et al.*, 2020; Mori *et al.*, 2015; Mori *et al.*, 2018; Morinha *et al.*, 2020; Papini *et al.*, 2012), que pueden expresar conductas tanto agresivas como pacíficas hacia otras especies de aves (Davis 1974; DiSanto *et al.*, 2016), que en el plano genético las poblaciones invasoras pueden llegar a presentar disminución de diversidad genética respecto a poblaciones nativas y que tanto poblaciones nativas como invasoras presentan altos niveles de estructuración (Edelaar *et al.*, 2015; Gonçalves da Silva *et al.*, 2010).

Pese a que las cotorras argentinas son consideradas como una de las especies de aves invasoras más dañinas en Chile y a que han habitado en el país desde 1972 (Iriarte *et al.*, 2005), no ha sido sino hasta fechas recientes que reportes respecto a las interacciones que establecen con otras especies de aves (Briceño *et al.*, 2019; Celis-Diez, 2014) y al estado sanitario de cotorras presentes en Santiago (Briceño *et al.*, 2017; Briceño *et al.*, 2021; Larraechea, 2021; Sandoval-Rodríguez *et al.*, 2021) han sido descritos. Y si bien las características genéticas de distintas poblaciones invasoras de cotorra argentina han sido estudiadas en otros países (Dawson Pell *et al.*, 2021; Edelaar *et al.*, 2015), no existe información similar respecto a las particularidades de las cotorras presentes en nuestro territorio. Sin embargo, dado que el proceso de invasión de la cotorra en Chile ha sido muy similar al experimentado por otros países, en los que la liberación de pocos individuos ha dado lugar a exitosas colonias reproductivas, y que en dichos territorios se han detectado niveles de diversidad genética inferiores a los registrados en la distribución nativa de

la cotorra (Edelaar *et al.*, 2015), sería esperable que las cotorras presentes en la Región Metropolitana exhiban un bajo nivel de estructuración.

Considerando que estas aves podrían, potencialmente, constituir una fuente de patógenos tanto para seres humanos como para animales domésticos y silvestres, generando impactos negativos sobre otras especies de aves al establecer interacciones agonistas con ellas y que también podrían conllevar a pérdidas económicas del sector agrícola al causar daño a cultivos, resulta importante evaluar el impacto que esta especie invasora ha generado en nuestro país. Esto se vuelve especialmente relevante si se considera que, dados sus altos niveles de endemismo y presión antrópica, la zona central de Chile ha sido declarada como un hotspot de biodiversidad a nivel mundial, destacándola como una zona prioritaria para la implementación de medidas de conservación (Myers *et al.*, 2000).

Dentro de este contexto, el proyecto FONDECYT 11160852, titulado “An integral approach to assess the impact of monk parakeets in Santiago: Ecological and public health implications of a neglected invasive species in Chile” se propuso evaluar el impacto causado por esta ave tanto a nivel ecológico como con relación al riesgo que podría implicar para la salud humana. El presente trabajo se realizó dentro del marco de actividades realizadas en ese proyecto.

Investigar las características de la invasión de la cotorra argentina desde un enfoque sanitario, mediante la búsqueda de agentes infecciosos; ecológico, evaluando la presencia de aves nativas en sitios de nidificación de cotorras argentinas; y genético, estudiando los niveles de estructuración de cotorras presentes en Santiago, contribuirá a incrementar el conocimiento existente respecto a las características de esta invasión, así como respecto al posible impacto que esta ave pueda estar causando en el país. La información obtenida podría, de esta forma, contribuir al diseño de medidas de manejo y/o control de cotorras argentinas en Chile.

HIPÓTESIS

Hipótesis 1: Dada la presencia los patógenos *Chlamydophila psittaci*, *Campylobacter* spp. y *Cryptosporidium* spp. en psitácidas a nivel mundial y en aves pertenecientes a otros ordenes en Chile, se espera que las cotorras argentinas presentes en la Región Metropolitana actúen como hospederas de estos microorganismos patógenos.

Hipótesis 2: Dado que la cotorra argentina despliega comportamientos agresivos hacia otras especies de aves, se espera que la cotorra argentina desplace a especies de aves nativas en sus sitios de anidamiento.

Hipótesis 3: Dado que se conoce únicamente un evento de liberación, se espera que las cotorras argentinas presentes en la Región Metropolitana exhiban un bajo nivel de estructuración genética.

OBJETIVO GENERAL

Caracterizar la invasión de la cotorra argentina en la Región Metropolitana desde tres enfoques diferentes: sanitario, ecológico y genético.

OBJETIVOS ESPECÍFICOS

Objetivo 1: Determinar la existencia de microorganismos patógenos en ejemplares de cotorra argentina.

Objetivo 2: Establecer la presencia de aves nativas en los sitios de anidamiento de cotorras argentinas.

Objetivo 3: Examinar la estructura genética de cotorras argentinas presentes en la Región Metropolitana.

ÍNDICE DE CAPÍTULOS

CAPÍTULO 1: Detección de *Cryptosporidium* spp. en cotorras argentinas (*Myiopsitta monachus*) invasoras de vida libre en Santiago, Chile.

Título manuscrito: “*Cryptosporidium* spp. and *Giardia* spp. in Free-Ranging Introduced Monk Parakeets from Santiago, Chile.”

Este capítulo aborda el objetivo específico 1.

CAPÍTULO 2: Interacciones entre cotorras argentinas (*Myiopsitta monachus*) invasoras de vida libre y tres especies de aves nativas en Santiago, Chile.

Este capítulo aborda el objetivo específico 2.

CAPÍTULO 3: Estudio de la estructuración genética de cotorras argentinas (*Myiopsitta monachus*) invasoras de vida libre en Santiago, Chile.

Este capítulo aborda el objetivo específico 3.

**DETECCIÓN DE *CRYPTOSPORIDIUM* SPP. EN COTORRAS ARGENTINAS
(*Myiopsitta monachus*) INVASORAS DE VIDA LIBRE EN SANTIAGO,
CHILE.**

INTRODUCCIÓN

Las invasiones biológicas pueden asociarse a la emergencia de enfermedades en poblaciones de especies nativas y, recientemente, han sido reconocidas como factores relevantes que contribuyen a la diseminación de enfermedades zoonóticas, pudiendo así afectar también a las poblaciones humanas (Dunn y Hatcher, 2015; Estrada-Peña *et al.*, 2014; Hulme, 2014; Jaksic y Castro, 2014).

La cotorra argentina (*Myiopsitta monachus*) es un loro gregario de tamaño mediano, nativo de Paraguay, Uruguay, Bolivia, el sur de Brasil y la zona centro-norte de Argentina. Debido al comercio internacional de mascotas, esta ave puede, hoy en día, ser encontrada como una especie invasora en 26 países de África, Asia, Europa, y América (Calzada-Preston y Pruett-Jones, 2021; Eberhard, 1998; Edelaar *et al.*, 2015; GISD, 2015; South y Pruett-Jones, 2000). El éxito de la cotorra argentina como especie invasora puede estar asociado con su comportamiento y a sus características ecológicas (Sol *et al.*, 1997; Strubbe y Matthysen, 2009). Su gran capacidad reproductiva y habilidad para prosperar en ambientes nuevos puede ser atribuida, entre otras cosas, a sus hábitos alimenticios, reproductivos y de nidificación (Borray-Escalante *et al.*, 2020; Bucher y Aramburú, 2014; Eberhard, 1998; Senar *et al.*, 2019; Sol *et al.*, 1997; South y Pruett-Jones, 2000; Viana *et al.*, 2016).

Las cotorras argentinas fueron introducidas en Chile a comienzos de los años setenta, momento en el cual un grupo de ejemplares fue liberado en el área noreste de Santiago, desde donde comenzaron a dispersarse al resto de la ciudad (Briceño *et al.*, 2019; Iriarte *et al.*, 2015). Actualmente, se observa en diversos parques y plazas de Santiago, sitios donde conviven con otras especies de aves, pudiendo también mantener contacto con personas y sus mascotas (Briceño *et al.*, 2019).

Diversas repercusiones negativas han sido asociadas a la presencia de cotorras argentinas, tanto en países donde son consideradas como una especie nativa como en países que han invadido (Bucher y Aramburú, 2014; Viana *et al.*, 2016). Estos impactos están usualmente vinculados a pérdidas económicas derivadas de las actividades de las cotorras (Conroy y Senar, 2009). Tal es el caso de Chile, donde, debido a su impacto negativo asociado al daño causado a árboles agrícolas, frutales y ornamentales, las cotorras argentinas son consideradas como unas de las especies de aves invasoras más dañinas presentes en el país (Iriarte *et al.*, 2005).

La mayor parte de los estudios realizados en cotorras argentinas se han enfocado precisamente en su impacto económico o en sus características ecológicas, siendo los reportes sobre el estado sanitario de estas aves escasos (Briceño *et al.*, 2017).

Uno de los primeros reportes emitidos sobre el estado sanitario de esta especie fue publicado en 1972 y menciona el hallazgo del parásito *Leucocytozoon* spp. en dos ejemplares de cotorra argentina nacidos y criados en cautiverio en Alemania (Borst y Zwart, 1972). Un estudio posterior reportó el hallazgo de *Argas (argas) monachus*, una nueva especie de ácaro, en nidos de cotorra en Argentina (Keirans *et al.*, 1973). Posteriormente, en un informe sobre aves urbanas de Estados Unidos, Fitzwater menciona a las cotorras como especies capaces de transmitir patologías como la enfermedad de Newcastle tanto a aves silvestres como a ejemplares de la industria avícola (Fitzwater, 1988).

Trabajos realizados en años siguientes en cotorras argentinas de vida libre en Argentina permitieron detectar la presencia de varios ectoparásitos, tanto en buches de pichones como sobre sus cuerpos y dentro de sus nidos. Entre estos, se puede mencionar a *Psitticimex uritui*, *Ornithonyssus bursa*, *Paragoniocoltes fulvofasciatus* y otras especies de los órdenes Collembola, Coleoptera, Diptera, Hymenoptera, Lepidoptera, Psocoptera, Phthiraptera y Hemiptera, además de Acarina Mesostigmata (Macronyssidae) y Cryptostigmata (Oribatpidea, Galumnoidea) (Aramburú *et al.*, 2000; Aramburú *et al.*, 2002; Aramburú *et al.*, 2003; Aramburú *et al.*, 2009).

Más recientemente pesquisas sanitarias llevadas a cabo en España e Italia han permitido la detección de los parásitos *Ornithonyssus bursa* y *Columbicola columbae* en cotorras argentinas ubicadas en Barcelona (Mori *et al.*, 2018) y *Paragoniocoltes fulvofasciatus*, *O. bursa*, *C. columbae*, *Crataerina pallida* y *Ornitophila metallica* en ejemplares capturados en Roma (Ancilloto *et al.*, 2018; Mori *et al.*, 2015). Adicionalmente, se ha detectado la presencia de *Ascaris* en el sistema digestivo de una cotorra mantenida como mascota en Italia (Papini *et al.*, 2012).

En 2006 un trabajo realizado en psitácidas mantenidas en cautiverio en Chile buscó determinar la presencia de los endoparásitos *Chlamydophila psittaci*, *Salmonella* spp., y los agentes virales adenovirus, virus papiloma y virus pox aviar en estas aves, detectándose en un ejemplar de cotorra argentina la presencia de anticuerpos contra *C. psittaci* (González, 2006).

En 2014, un brote domiciliario de psitacosis fue reportado en la ciudad de Dom Pedrito, Brasil, luego de que siete personas enfermaran tras haber experimentado contacto directo con cotorras argentinas obtenidas a través de mercado ilegal. Las cotorras en cuestión no pudieron ser estudiadas ya que fallecieron y fueron descartadas antes de que se pudieran realizar los análisis necesarios. Pese a ello, esta notificación constituye un claro indicio de la posible capacidad de estas aves para transmitir patógenos al ser humano (Raso *et al.*, 2014).

Posteriormente, Briceño y colaboradores (2017) reportaron la presencia de endo y ectoparásitos en cotorras argentinas cazadas durante 2006 y 2007 en la comuna de Lo Barnechea, sector este de Santiago. El estudio determinó que las aves analizadas se encontraban infectadas con el ectoparásito *Paragoniocoltes fulvofasciatum*, como también con el endoparásito *Cryptosporidium* spp. (Briceño *et al.*, 2017).

Más recientemente, la presencia de patógenos tales como el virus de la enfermedad del pico y las plumas y el parásito *Leucocytozoon* spp. fueron descritos en cotorras argentinas del sur de España (Martínez de la Puente *et al.*, 2020; Morinha *et al.*, 2020).

Nuevos reportes informan de la detección del ácaro *Ornithonyssus bursa* en pichones de cotorra argentina capturados en la ciudad de Santiago (Briceño *et al.*, 2021). Asimismo, ooquistes de *Cryptosporidium* spp. fueron nuevamente detectados (resultados presentados en el presente capítulo), esta vez junto a quistes de *Giardia* spp., en pichones de vida libre (Sandoval-Rodríguez *et al.*, 2021).

Es importante considerar que, aunque además de los microorganismos ya detectados, la posibilidad de que las cotorras argentinas se encuentren infectadas con otros agentes no debe ser descartada. Distintos patógenos tales como *Campylobacter* spp. y *Chlamydophila psittaci*, además de *Cryptosporidium* spp., han sido previamente hallados en otras especies de loros alrededor del mundo (Dipineto *et al.*, 2017; López *et al.*, 2002; Sheleby-Elías *et al.*, 2013; Sréter y Varga, 2000; Tresierra-Ayala y Bendayan, 1998). De la misma forma, *C. psittaci* ha sido detectada en palomas (*Columba livia*) de vida libre en las Regiones Metropolitana y del Biobío (Borie *et al.*, 2001; Pinto *et al.*, 2018) y *Campylobacter* spp. ha sido observada en varias especies de aves silvestres de la provincia de Valdivia (Cáceres *et al.*, 2017; Fernández *et al.*, 1996). La existencia de estos agentes en otras especies de aves que comparten sitios de nidificación y forrajeo con las cotorras argentinas, sumado a la previa detección de ooquistes de *Cryptosporidium* spp. en cotorras de la comuna de Lo Barnechea, abre la posibilidad de que las cotorras de la ciudad de Santiago alberguen a estos, y otros, agentes infecciosos.

Considerando que las invasiones biológicas pueden ser una fuente de patógenos zoonóticos y que podrían, eventualmente, afectar la salud de la población humana (Estrada-Peña *et al.*, 2014; Hatcher, 2012; Keesing *et al.*, 2010; Thompson, 2013), sumado a que las cotorras argentinas son aves sinantrópicas que mantienen un contacto estrecho con las poblaciones humanas al construir sus nidos en parques y plazas públicas (Briceño *et al.* 2019; Di Santo *et al.* 2013), el objetivo del presente capítulo corresponde a examinar la existencia de microorganismos patógenos en ejemplares de cotorras argentinas presentes en la ciudad de Santiago.

METODOLOGÍA

Para cumplir el objetivo específico 1, “determinar la existencia de microorganismos patógenos en ejemplares de cotorra argentina”, se buscó detectar la presencia de los agentes *Cryptosporidium* spp., *Campylobacter* spp. y *Chlamydomphila psittaci* en pichones de cotorra argentina presentes en la Región Metropolitana.

1.- Microorganismos patógenos

1.1.- *Cryptosporidium* spp.

Cryptosporidium spp. es un parásito gastrointestinal transmitido oro-fecalmente que puede ser contraído por el consumo de agua o comida contaminada con ooquistes (Han *et al.*, 2020; Ludwig y Marques, 2011; Xiao y Fayer, 2008). Aunque las infecciones por este parásito pueden ser asintomáticas, individuos inmunocomprometidos pueden eventualmente enfermarse y presentar síntomas tales como diarrea, dolor abdominal, náusea, vómito y fiebre (Domingos *et al.*, 2017; Ravish *et al.*, 2014). La cryptosporidiosis es considerada como una enfermedad desatendida por la Organización Mundial de la Salud (OMS) (Savioli *et al.*, 2006).

1.2.- *Campylobacter* spp.

Campylobacter spp. corresponde a un género de bacterias Gram negativas cuyos agentes, principalmente *Campylobacter jejuni* y *Campylobacter coli*, son los más reportados en infecciones entéricas en humanos y cuya incidencia ha aumentado en los últimos 10 años, tanto en países desarrollados como en vías de desarrollo (Dipineto *et al.*, 2017; Kaakoush *etal.*, 2015).

Las aves silvestres son consideradas como un importante reservorio de *Campylobacter* spp., siendo también posible detectarlo en aves de corral y en psitácidas, tanto silvestres como domésticas (Dipineto *et al.*, 2017; Minias, 2020; Tresierra-Ayala y Bendayan, 1998). En éstas, *Campylobacter* spp. es generalmente considerado como un agente gastrointestinal comensal ya que no suele producir enfermedad. Sin embargo, las infecciones causadas por esta bacteria pueden ser mucho más dañinas en humanos, causando daño en el tejido intestinal a través de la destrucción de células epiteliales (Minias, 2020).

El manejo y consumo de aves de corral o productos derivados de ellas que no estén bien cocidos ha sido identificado como uno de los mayores factores de riesgo para la contracción de campilobacteriosis humana. Sin embargo, la bacteria también puede ser transmitida indirectamente, a través de agua contaminada con heces, o directamente desde las aves a las personas (Minias, 2020).

1.3.- *Chlamydophila psittaci*

Chlamydophila psittaci es una bacteria intracelular obligada cuyo principal reservorio son las aves de la familia Psittacidae, aunque también puede afectar a otras especies de aves, incluso mamíferos, incluyendo al humano, en quien puede causar la enfermedad conocida como psitacosis (Andersen, 2005; Balsamo *et al.*, 2017; CFSPH, 2009). Se han reconocido seis genotipos de *C. psittaci*, nombrados con las letras A a F. El genotipo A es el más común y el principal responsable de los casos zoonóticos de psitacosis, siendo las aves pertenecientes a la familia Psittacidae hospederas naturales de este genotipo. El genotipo B, por su parte, se encuentra generalmente en palomas mientras que los otros genotipos han sido aislados de diferentes especies de aves y mamíferos (Andersen, 2005).

El contagio puede ocurrir por inhalación de polvo, plumas o secreciones y excreciones en forma de aerosoles contaminados. En aves, la infección puede ser asintomática o presentarse con síntomas inespecíficos, mientras que, en humanos, la enfermedad puede variar en intensidad, desde una presentación leve -similar a una gripe- a una neumonía grave (CFSPH,2009).

2.- Muestreo

El proceso de muestreo contempló la captura de pichones de cotorra argentina provenientes de nidos presentes dentro de la Región Metropolitana. Se optó por la captura de pichones debido a las limitaciones logísticas implicadas en la obtención de ejemplares adultos. Los adultos son capaces de abandonar los nidos ante la presencia humana por lo que su captura sólo es factible si son cazados. Si bien el Servicio Agrícola y Ganadero (SAG) autoriza la caza de cotorras argentinas por ser consideradas una especie dañina, de forma paralela, el Ministerio de Agricultura no permite la caza dentro de zonas urbanas (MINAGRI, 2016). Adicionalmente, la

captura de pichones no volantes permitió evaluar el estado de salud de la colonia y eventualmente asociarlo con variables propias del sitio de nidificación. Esto no se podría haber logrado con individuos adultos ya que estos deberían haber sido cazados fuera de sus nidos, siendo imposible determinar con certeza su procedencia en términos de árbol, nido y grupo familiar.

2.1.- Selección de sitios de muestreo

La selección de los sitios de muestreo se realizó utilizando datos sobre ubicación de nidos de cotorra argentina en la Región Metropolitana provistos por el Servicio Agrícola y Ganadero (SAG) y diversas municipalidades. Los nidos muestreados fueron incluidos mediante un muestreo aleatorio simple poblacional. Se debe aclarar, sin embargo, que debido a la existencia de limitaciones técnicas y administrativas debieron ser descartados árboles ubicados en sitios no accesibles para el equipo de muestreo utilizado, nidos localizados en alturas superiores a las que el equipo de muestreo permitía alcanzar y sitios para los cuales no fue posible obtener los permisos necesarios para realizar el trabajo mencionado. Los nidos que finalmente pudieron ser incluidos en el proceso de muestreo pueden ser observados en la tabla del Anexo 1, estos fueron registrados utilizando un código compuesto por una sigla indicativa de la comuna en que se localiza el nido y un número que individualiza al árbol en el cual se encontraba este último.

2.2.- Determinación de tamaño muestral

El tamaño muestral necesario para este estudio fue determinado utilizando la ecuación de Cochran (Israel, 1992) y datos obtenidos previamente en una pesquisa sanitaria realizada a cotorras argentinas de la comuna de Lo Barnechea. La ecuación de Cochran permite calcular tamaños muestrales para poblaciones infinitas utilizandola siguiente formula:

$$n_0 = \frac{Z^2 pq}{e^2}$$

En este caso, n_0 representa el tamaño muestral, Z^2 el nivel de confianza, p la proporción estimada de un atributo presente en la población, e el nivel de error o precisión deseado y q , $1 - p$.

De esta forma se utilizó como referencia la información recopilada por Briceño y colaboradores (2017) quienes determinaron un porcentaje de infección por *Cryptosporidium* spp. de 19,1% para un grupo de 92 cotorras de la previamente mencionada comuna. Considerando adicionalmente un nivel de confianza del 95% (equivalente a un valor de Z de 1,96) y una precisión del 95% (equivalente a un porcentaje de error del 5%), se obtuvo un valor muestral de 237 individuos.

$$n_0 = \frac{(1,96)^2(0,191)(1 - 0,191)}{(0,05)^2}$$

$$n_0 = 237$$

2.3.- Captura de pichones de cotorra argentina

La captura de pichones se realizó durante los años 2017 y 2018 en los meses de noviembre y diciembre ya que estos corresponden al periodo de nacimiento de los pichones.

Dada la altitud de los nidos la captura fue realizada utilizando una plataforma articulada para trabajo en altura, manipulada por personal capacitado (curso de trabajo en altura) y equipado con las medidas de seguridad necesarias (arnés integral, línea de vida y casco) (Figura 1).

Una vez frente al nido se confirmó la presencia de pichones en este mediante video endoscopio. Un pichón fue extraído de forma manual del nido siguiendo las medidas de bioseguridad adecuadas (uso de buzo desechable, guantes, mascarillas con filtro, y antiparras). Cada pichón fue depositado dentro de una caja debidamente rotulada para su posterior traslado al Laboratorio de Patología Aviar de la Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias de la Universidad de Chile.



Figura 1: Procedimiento de captura de pichones. Una plataforma articulada para trabajo en altura fue utilizada para alcanzar los nidos y retirar los pichones manualmente.

3.- Eutanasia y necropsia

Los procedimientos de eutanasia y necropsia fueron realizados en el Laboratorio de Patología Aviar de la Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias de la Universidad de Chile siguiendo los protocolos establecidos por el laboratorio (Rosende e Hidalgo, 2005).

Como es requerido, este trabajo cuenta con la aprobación de los Comités de Bioética y Bioseguridad de la Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias de la Universidad de Chile (Anexos 2 y 3, respectivamente) y con la autorización del Servicio Agrícola y Ganadero (Anexo 4).

4.- Detección de microorganismos patógenos

4.1.- *Cryptosporidium* spp.

La presencia de *Cryptosporidium* spp. fue establecida mediante la observación microscópica de ooquistes del parásito a partir de heces de pichones. Para ello, durante el procedimiento de necropsia se extrajo la porción distal del intestino (segmento que incluye intestino grueso y recto) siendo esta almacenada en etanol 70% a 4°C. Posteriormente, se obtuvo materia fecal proveniente de los intestinos previamente almacenados y se empleó el método de tinción Ziehl-Neelsen modificado utilizando 500 µl de sedimento extendido sobre un portaobjetos de 1 cm x 0,5 cm y observándolo con un aumento de 1000X (Henricksen y Pohlenz, 1981; Sandoval-Rodríguez *et al.*, 2021).

4.2.- *Campylobacter* spp.

Campylobacter spp. es un agente de difícil y complicado cultivo, técnica que produce un porcentaje importante de falsos negativos (Buss *et al.*, 2019). Por esta razón, su diagnóstico resulta más confiable al utilizar técnicas moleculares como la reacción en cadena de la polimerasa (PCR).

Para determinar la presencia de *Campylobacter* spp. se utilizó la técnica de PCR convencional, empleando como insumo muestras de heces previamente obtenidas durante los procedimientos de necropsia.

Con el objetivo de realizar un proceso de detección más eficiente, se decidió combinar las muestras de heces existentes en pools de cinco muestras cada uno para realizar una primera identificación de muestras positivas a DNA de *Campylobacter* spp. Para la formación de cada pool, cinco muestras de heces fueron mezcladas y luego sometidas al proceso de extracción de DNA como una muestra unificada. Muestras que poseían un bajo contenido de heces fueron excluidas de esta etapa inicial y procesadas de forma individual para alcanzar el volumen mínimo de 200 µl que requiere el kit de extracción. En ambos casos el DNA fue extraído utilizando el protocolo standard del kit “Genomic DNA from Tissue” de Macherey-Nagel (Düren, Alemania). El producto obtenido fue almacenado a -20°C para su posterior análisis.

La técnica de PCR fue aplicada a las muestras purificadas utilizando los primers C412F (GGATGACACTTTTCGGAGC) y C1228R (CATTGTAGCACGTGTGTC); diseñados para la detección del gen 16S ARNr específico para el género *Campylobacter* spp. (Inglis y Kalischuk, 2003). Las reacciones de PCR fueron preparadas en un volumen total de 12,5 µl que contenía los siguientes reactivos: buffer taq (1X), MgCl₂ (1,6 mM), dNTP (0,2 mM cada uno), partidores (0,5 mM cada uno), taq polimerasa (0,6-0,9 UI), 1 µl de la muestra a analizar y 6,3 µl de agua libre de nucleasas. Para cada reacción se incluyeron controles positivos (DNA *Campylobacter* spp.) y negativo (agua libre de nucleasas). Las reacciones de PCR se llevaron a cabo en un termociclador (BioRad, Hercules, Estados Unidos) bajo el siguiente ciclo: Denaturación a 94°C por 1 min, 30 ciclos de 94°C por 1 min, 55°C por 1 min, y 72°C por 1 min, y un ciclo final de elongación de 72°C por 10 minutos. Los resultados fueron observados en un gel de agarosa al 2% teñido con GelRed® (Biotium, Fremont, Estados Unidos) bajo luz ultravioleta. La presencia de una banda de masa similar a 816 pb indica una muestra positiva a la presencia de DNA del género *Campylobacter* spp.

4.3.- *Chlamyphila psittaci*

La presencia de este patógeno fue estudiada mediante la técnica de ELISA en fase sólida, la cual busca detectar la presencia de anticuerpos contra *C. psittaci*. Para ello se trabajó con muestras de suero, previamente obtenidas durante el proceso de necropsia y el kit comercial ImmunoComb® ELISA (Biogal, Kibbuz Ghaled, Israel), siguiendo las instrucciones del fabricante. Esta corresponde a una prueba cualitativa que detecta la presencia de IgG producida en respuesta a la presencia de *C. psittaci* con una sensibilidad del 95% y especificidad del 85% (Bendheim *et al.*, 1996). Adicionalmente, el ensayo incluye controles positivos y negativos para cada prueba.

RESULTADOS

Utilizando la información proporcionada por el SAG, municipios, el trabajo de estudiantes y el equipo del proyecto, fue posible identificar 547 árboles con nidos dentro de la Región Metropolitana. Cada árbol fue registrado utilizando un código de tres letras que indica su comuna de procedencia y un número que permite su identificación individual.

1.- Muestreo

Durante los periodos de muestreo 2017 y 2018 se capturaron un total de 213 pichones de cotorra argentina, cada uno proveniente de un nido y un árbol diferente. Esta cifra implica que el muestreo no logró alcanzar el valor mínimo muestral establecido por un margen de 24muestras, equivalente a 10,13 % de las 237 muestras necesarias.

2.- Detección de *Cryptosporidium* spp.

Del total de 213 muestras de heces de pichón de cotorra analizadas mediante microscopía, utilizando el método de Ziehl-Neelsen modificado, 11 fueron positivas a la presencia de ooquistes de este parásito, lo que corresponde a un 5,2% de los 213 pichones capturados. Los resultados obtenidos pueden ser observados en el Anexo 5.

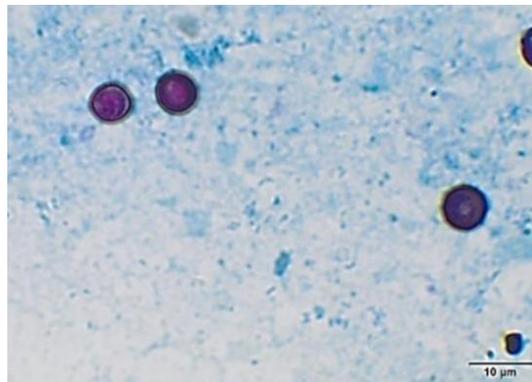


Figura 2: Ooquistes de *Cryptosporidium* spp. Detectados mediante método de tinción Ziehl-Neelsen (1000X).

3.- Detección de *Campylobacter* spp.

Basándose en la cantidad de contenido de heces fue posible confeccionar un total 37 pooles, 36 de ellos compuestos por 5 muestras cada uno y uno compuesto por solo dos muestras. De la misma forma, 24 muestras fueron excluidas de este proceso ya que poseían un contenido muy bajo de heces y fueron analizadas de forma individual. Todas las muestras, tanto pooles como muestras individuales, analizadas utilizando latécnica de PCR y posterior observación en gel de agarosa, fueron negativas a la presencia de la bacteria. Los resultados obtenidos pueden ser observados en el Anexo 6.

4.- Detección de *Chlamydophila psittaci*

Del total de 213 pichones 27 fueron analizados utilizando la prueba de ELISA en fase sólida en busca de la presencia de anticuerpos contra *C. psittaci*. Todas las muestras resultaron negativas. Los resultados obtenidos pueden ser observados en el Anexo 7.

DISCUSIÓN

Pese a que las cotorras argentinas se han establecido como especie invasora en Chile por casi 50 años, no mucho se sabe sobre el impacto que producen en el país (Briceño *et al.*, 2017; Briceño *et al.*, 2019). Reportes emitidos alrededor del mundo se han enfocado principalmente en las características de vida de la especie y en los impactos tanto económicos como ecológicos generados por su presencia en distintos países. Trabajos enfocados en determinar el estado sanitario de esta ave han sido escasos y en su mayoría se han concentrado en la detección de ectoparásitos en cotorras de vida libre en Argentina y en colonias invasoras en España e Italia (Ancilloto *et al.*; 2018; Aramburú *et al.*, 2000; Aramburú *et al.*, 2002; Aramburú *et al.*, 2003; Aramburú *et al.*, 2009; Mori *et al.*, 2015; Mori *et al.*, 2018).

Trabajos recientes han contribuido en la búsqueda de endoparásitos en cotorras argentinas de vida libre, como fue la detección de ooquistes de *Cryptosporidium* spp. en ejemplares de la comuna de los Barnechea, Chile (Briceño *et al.*, 2017) y el hallazgo de *Giardia* spp. en cotorras de la ciudad de Santiago, Chile (Sandoval-Rodríguez *et al.*, 2021). Otros parásitos incluyen hallazgos de *Leucocytozoon* spp. y

también el virus de la enfermedad del pico y plumas en cotorras presentes en España (Martínez de la Puente *et al.*, 2020; Morinha *et al.*, 2020).

El presente capítulo abordó la pesquisa de *Cryptosporidium* spp, *Campylobacter* spp. y *Chlamydophila psittaci* en cotorras argentinas de vida libre presentes en la Región Metropolitana. Estos son agentes infecciosos de importancia en aves silvestres y para la salud humana que han sido reportados tanto en aves silvestres en Chile como en psitácidas alrededor del mundo (Borie *et al.*, 2001; Cáceres *et al.*, 2017; Dipineto *et al.*, 2017; Fernández *et al.*, 1996; López *et al.*, 2002; Pinto *et al.*, 2018; Sheleby-Elías *et al.*, 2013; Sréter y Varga, 2000; Tresierra-Ayala y Bendayan, 1998). Aunque este estudio no detectó evidencia de la presencia de las bacterias *Campylobacter* spp. y *Chlamydophila psittaci* en las muestras estudiadas, si confirmó la presencia de ooquistes de *Cryptosporidium* spp. en muestras de heces de pichones de cotorra argentina de la ciudad de Santiago.

Estos hallazgos coinciden con el descubrimiento de ooquistes de *Cryptosporidium* spp. en ejemplares adultos de cotorra argentina de la comuna de Lo Barnechea, donde 19,1% de los especímenes muestreados fueron positivos a la presencia de este parásito (Briceño *et al.*, 2017). Los presentes resultados, sin embargo, muestran que la infección por *Cryptosporidium* spp. no se restringe únicamente a la comuna de Lo Barnechea o a individuos adultos. Muy por el contrario, esta puede ocurrir también en pichones de diferentes comunas de Santiago.

Los Pichones de cotorra argentina dependen completamente de sus padres para su alimentación y no dejan el nido hasta alcanzar aproximadamente 40 días de edad (Aramburú, 1997). Considerando que *Cryptosporidium* spp. es un parásito de transmisión oro-fecal (Ludwig y Marques, 2011), que las cotorras argentinas son aves gregarias que viven en nidos comunales donde mantienen un contacto estrecho y practican crianza comunal, y que defecan dentro de los mismos nidos (Eberhard, 1998; South y Pruett-Jones, 2000; Viana *et al.*, 2016), es altamente probable que los pichones hayan adquirido este parásito al estar en contacto cercano con individuos adultos infectados o a través de las heces de estos.

La detección de *Cryptosporidium* spp. en muestras de heces de cotorra argentina

resulta relevante, este parásito gastrointestinal posee un gran potencial zoonótico y es capaz de infectar a una amplia variedad de hospederos que incluyen a mamíferos, peces, anfibios, reptiles y aves (Berrilli *et al.*, 2011; Evans, 2011; Fialho *et al.*, 2008; Ludwig y Marques, 2011; Molina *et al.*, 2006; Nakamura y Meireles, 2015; Xiao *et al.*, 2004; Zhang *et al.*, 2012).

Las cotorras argentinas fueron introducidas en Chile a comienzos de los años setenta, fenómeno impulsado por el mercado internacional de mascotas (Iriarte *et al.*, 2005). Los resultados obtenidos, sin embargo, no permiten saber si las cotorras portaron el protozoo al momento de su introducción o si estos quistes fueron adquiridos en Chile. Por un lado, en su distribución nativa no se ha reportado la presencia de *Cryptosporidium* spp. en cotorras argentinas, y por otro, pese a que existen estudios sobre endoparásitos ejecutados en diferentes aves chilenas (Fernández *et al.*, 1996; González-Acuña *et al.*, 2007; González-Acuña *et al.*, 2011a; González-Acuña *et al.*, 2011b) y particularmente en aves de Santiago (Toro *et al.*, 1999), *Cryptosporidium* spp. solamente ha sido reportado en cotorras argentinas en nuestro país (Briceño *et al.*, 2017). Como fue mencionado previamente, los pichones probablemente se infectaron por contacto con individuos adultos, los que por su parte pueden haber adquirido el parásito desde el ambiente circundante. La infección con *Cryptosporidium* spp. se asocia comúnmente al consumo de agua contaminada con ooquistes (Han *et al.*, 2020; Ludwig y Marques, 2011; Xiao y Fayer, 2008). Estudios futuros deberían, por ende, evaluar la calidad de fuentes de agua presentes en parques y plazas públicas.

Otro factor diferente que posiblemente podría contribuir a la presencia de este parásito en cotorras argentinas se relaciona con la coexistencia de estas aves y otros animales domésticos en parques y plazas públicas. Un estudio realizado en 2012 detectó la presencia de *Cryptosporidium* spp. en muestras de heces de perros que fueron recolectadas en parques y plazas de la ciudad de Santiago, Chile (Pastenes, 2015). Un estudio similar en España también detectó la presencia de *Cryptosporidium* spp. en muestras de heces recolectadas de parques y plazas públicas de Madrid (Dado *et al.*, 2011). Considerando que, en Santiago, las cotorras argentinas y los perros utilizan los mismos ambientes para forrajear, y donde las

cotorras también construyen sus nidos (Briceño *et al.*, 2019), la posibilidad de que estos agentes se estén transmitiendo entre cotorras y otras especies no debe ser descartada. Esto también abre la posibilidad de que las cotorras argentinas estén infectadas con otras especies de endoparásitos. También resulta factible que las cotorras argentinas hayan contraído este parásito de otras especies de aves con las que comparten un nicho común, ya que ha sido previamente reportado que las cotorras presentes en Santiago son capaces de forrajear y compartir espacio de forma pacífica con otras aves (Briceño *et al.*, 2019). Además, otras especies de aves pueden utilizar nidos de cotorra argentina para nidificar (Briceño *et al.*, 2019; Di Santo *et al.*, 2016). En Chile se han detectado al menos nueve especies de aves diferentes, incluyendo palomas, gorriones y siete especies nativas anidando dentro de nidos de cotorra argentina en Santiago (Briceño *et al.*, 2019). Las cotorras argentinas abandonan sus nidos con frecuencia para construir nuevas estructuras en otros sitios (Bucher *et al.*, 1991). Asimismo, el ataque de otras aves hacia cotorras argentinas, para expulsarlas y ocupar sus nidos han sido registrados (Wagner, 2012). También aves utilizando cámaras vacías de nidos de cotorras que aún continúan siendo ocupados por éstas últimas, también han sido documentadas en Chile y en otros países (Briceño *et al.*, 2019; Eberhard, 1998). Más allá de si las cotorras argentinas abandonan sus nidos de forma voluntaria, son expulsadas de ellos, o los comparten, desde el punto de vista sanitario es importante. La coexistencia en sitios de nidificación puede eventualmente incrementar la transmisión de parásitos y enfermedades entre distintas especies (Myczko *et al.*, 2016). *Cryptosporidium* spp. es un parásito transmitido oro-fecalmente que puede permanecer viable en el ambiente por semanas (Ludwig y Marques, 2011; Olson *et al.*, 1999), considerando que las cotorras argentinas defecan en sus nidos (Viana *et al.*, 2016), es muy posible que las especies de aves que utilizan nidos de cotorra argentina abandonados u ocupan cámaras desocupadas mientras las cotorras permanecen en el nido, pudiesen eventualmente adquirir éste y otros agentes patógenos. Uno de estos podría corresponder a *O. bursa*, una especie de ácaro que recientemente ha sido reportado en cotorras argentinas presentes en Santiago (Briceño *et al.*, 2021).

Las cotorras argentinas podrían también estar diseminando este parásito a otros

animales al ser consumidas por depredadores. El cernícalo (*Falco sparverius*) y el Peuco (*Parabuteo unicinctus*) han sido reportados como depredadores de cotorras en Chile (Briceño *et al.*, 2019; Celis-Diez; 2014). Recientemente, el rol de las cotorras argentinas como potenciales ingenieros ecosistémicos ha sido demostrado al observarse que estas proveen un nuevo recurso de anidamiento para otras aves en áreas urbanas (Briceño *et al.*, 2019; Hernández- Brito *et al.*, 2021). El presente reporte demuestra que este rol como ingeniero ecosistémico podría extenderse más allá de la adición de un nuevo recurso de nidificación e incluir el potencial rol de la cotorra argentina como una especie diseminadora de patógenos. Esto es respaldado por el ya mencionado reporte de un brote domiciliario de psitacosis en la ciudad de Dom Pedrito (Estado de Rio Grande do Sul, Brasil) asociado a la compra de dos ejemplares de cotorra argentina (Raso *et al.*, 2014), y por los recientes hallazgos en España en los cuales se detectó a cotorras argentinas infectadas con el virus de la enfermedad del pico y las plumas y el parásito *Leucocytozoon* spp. (Martínez de la Puente *et al.*, 2020; Morinha *et al.*, 2020).

Variaciones ambientales actuales asociadas al cambio climático y al uso de la tierra para agricultura pueden, generalmente, ser asociadas positivamente con mayores riesgos de contagio con *Cryptosporidium* spp. (Lal *et al.*, 2013). Adicionalmente, dado que la infección con este parásito puede ocurrir por consumo de agua contaminada, esfuerzos para el control de este patógeno usualmente se enfocan en el manejo sanitario de fuentes hídricas (Collinet- Adler y Ward, 2010). El presente hallazgo podría contribuir a recalcar la importancia de las invasiones biológicas en la emergencia y control de enfermedades, especialmente en áreas urbanas densamente pobladas.

Es importante mencionar que pese a exhibir un amplio rango de posibles hospederos, el género *Cryptosporidium* spp. contiene muchas especies distintas y genotipos que difieren en su habilidad para infectar a especies específicas de hospederos, lo que se traduce en altos niveles de infecciones especie-específicas. Dado que la identificación de los parásitos detectados en este estudio se restringió al nivel de género, futuros análisis deberían ser realizados para determinar la identidad específica del patógeno detectado en cotorras argentinas de la ciudad de Santiago.

Determinar la especie, y el genotipo, de los ooquistes de *Cryptosporidium spp.* encontrados en este estudio, podría ayudar a evaluar el real potencial de estas aves como posibles transmisores de agentes zoonóticos a humanos y a poblaciones animales.

El proceso de muestreo llevado a cabo en este estudio fue uno de conveniencia, lo que significa que diversos factores arbitrarios influenciaron la selección de los árboles muestreados. Estos variaron desde accesibilidad al nido, tiempo y recursos disponibles, a permisos concedidos por las municipalidades. Por esta razón, los resultados deben ser considerados con precaución. Estudios futuros enfocados en el estado sanitario de las cotorras argentinas deberían apuntar a un diseño de muestreo más exhaustivo, idealmente con un tamaño muestral mayor o que utilice un proceso de muestreo aleatorio no influenciado por los factores previamente mencionados.

Con relación a la bacteria *Campylobacter spp.*, ninguna de las muestras resultó positiva a su presencia. Sin embargo, no se descarta la posibilidad de falsos negativos, lo cual podría relacionarse con la técnica utilizada para su detección. La confección de pooles de heces de forma previa al proceso de extracción de DNA podría haber afectado los resultados obtenidos al examen de PCR. Aunque la técnica de PCR tiene la capacidad de detectar muy bajas cantidades de material genético, siendo en teoría solamente necesaria la cantidad de una hebra de DNA para que la reacción se lleve a cabo (Ehtisham *et al.*, 2016; James, 2010), la mezcla podría no haber sido perfectamente homogénea por lo que algunas de las muestras en los pooles podría haber estado subrepresentada para la extracción de DNA.

De la misma forma, la negatividad expresada por las muestras analizadas a la presencia de anticuerpos contra *C. psittaci* puede tener relación con la edad de pichones. La inmunidad pasiva, es decir la inmunidad adquirida desde la madre por el vitelo, permanece activa por un periodo de alrededor de dos semanas luego del nacimiento. Finalizada esta etapa, los pichones comienzan a desarrollar sus propios anticuerpos. Los resultados negativos podrían entonces asociarse a la dificultad que implica la detección de anticuerpos maternos, se ha observado que la cantidad de anticuerpos maternos detectados en pichones es inferior a la cantidad detectada en las madres (Balaguer, 2008), y a que es posible que en algunos pichones estos ya se

encontrasen en descenso. Esta teoría podría verse respaldada por una pesquisa realizada a 68 individuos adultos de cotorra argentina de Santiago que, utilizando la misma técnica diagnóstica, permitió detectar la presencia de anticuerpos contra *C. psittaci* en cinco de ellos (Larraechea, 2020). Este hallazgo demuestra que estas aves si han estado expuestas al patógeno en cuestión. Teniendo en cuenta que análisis realizados en el pasado permitieron detectar la presencia de anticuerpos contra *C. psittaci* en palomas (*Columba livia*) de vida libre presentes en la ciudad de Santiago (Borie *et al.*, 2001), se debe considerar la posibilidad de que las palomas constituyan una fuente de contagio para las cotorras, y viceversa, que las cotorras puedan traspasar la bacteria a palomas, sobre todo considerando que estas aves suelen compartir los mismos espacios en ambientes urbanos de Santiago (Briceño *et al.*, 2019). Consecuentemente, resultaría beneficioso que análisis futuros se enfocasen en el uso de un método diagnóstico basado en la detección directa de la bacteria. Un examen de PCR, por ejemplo, permitiría detectar de forma directa la presencia de DNA perteneciente a *C. psittaci* en las muestras provenientes de cotorras, esto permitiría adicionalmente determinar la cepa de *Chlamydophila* spp.

Este estudio corresponde al segundo reporte de *Cryptosporidium* spp. en Chile en cotorras de vida libre en Santiago (Sandoval-Rodríguez *et al.*, 2021) y a una primera aproximación al diagnóstico de *Campylobacter* spp. y *C. psittaci* en pichones de esta especie invasora.

Trabajos posteriores enfocados en confirmar la ausencia de *Campylobacter* spp. y *C. psittaci* en los pichones estudiados y en determinar de forma específica la especie de los ooquistes de *Cryptosporidium* spp. detectados resulta de alta importancia. Teniendo en consideración que en los últimos años la presencia de diversos ectoparásitos ha sido registrada en ejemplares tanto adultos como juveniles presentes en Santiago (Briceño *et al.*, 2017; Briceño *et al.*, 2021), que la presencia de *Cryptosporidium* spp. en estas aves ya ha sido confirmada dos veces (Briceño *et al.*, 2017; Sandoval-Rodríguez *et al.*, 2021), que además se observaron quistes de *Giardia* spp. en los mismos pichones estudiados en este capítulo (Sandoval-Rodríguez *et al.*, 2021) y que se han descubierto anticuerpos contra *C. psittaci* en

cinco adultos de vida libre en Santiago (Larraechea, 2020); realizar nuevas investigaciones que permitan confirmar estos y otros patógenos en cotorras silvestres resulta de suma importancia para establecer el rol de esta ave invasora como un potencial agente diseminador de patógenos, tanto a otras especies de aves, como al humano. La cotorra argentina ha prosperado en ambientes urbanos dónde mantiene un estrecho contacto con otras especies de aves, mascotas y el ser humano (Briceño *et al.*, 2019), y si bien de momento se han mantenido principalmente confinadas dentro de la ciudad de Santiago, no debe descartarse la posibilidad de que eventualmente se propaguen hacia sectores agrícolas o rurales donde podrían entrar en contacto con nuevas especies de aves como por ejemplo loros nativos y endémicos. Estos podrían verse afectados por la presencia de estas aves invasoras tanto desde un punto de vista ecológico como desde una perspectiva sanitaria. Este escenario debe ser abordado con especial atención ya que Chile central es uno de los 25 hotspots de biodiversidad a nivel mundial y, por ende, un sitio prioritario para establecer medidas de conservación (Myers *et al.*, 2000).

Finalmente, cabe destacar que resulta importante abordar el estudio del impacto sanitario de la cotorra argentina, y de cualquier otra especie invasora, desde la perspectiva de “una salud”, reconociendo la interconexión entre salud humana, animal y ambiental (Zinsstag *et al.*, 2011). Futuros trabajos deberían no solamente buscar identificar agentes patógenos presentes en estas aves, sino que establecer también cómo la presencia de estas psitácidas afecta la salud del medio ambiente que habitan y cómo su presencia puede influenciar la salud humana.

REFERENCIAS

- Ancilloto L, Studer V, Howard T, Smith VS, Mcalister E, Beccaloni J, *et al.* Environmental drivers of parasite load and species richness in introduced parakeets in an urban landscape. *Parasitol. Res.* 2018; 117:3591–9
- Andersen A. Serotyping of US isolates of *Chlamydia psittaci* from domestic and wild birds. *J Vet Diagn Invest.* 2005; 17:479–82
- Aramburú R. Descripción y desarrollo del pichón de la cotorra *Myiopsitta monachus monachus* (Aves: Psittacidae) en una población silvestre de Argentina. *Rev. Chil. Historia Nat.* 1997; 70:53–8
- Aramburú R, Calvo S, Alzugaray ME, Cichino A. Ectoparasitic load of monk parakeet (*Myiopsitta monachus*, Psittacidae) nestlings. *Ornitol. Neotrop.* 2003; 14:415–8
- Aramburú R, Calvo S, Carpintero DL, Cicchino AC. Artrópodos presentes en nidos de cotorra *Myiopsitta monachus monachus* (Aves: Psittacidae). *Rev. Mus. Argent. Cienc. Nat.* 2009; 11:1–5
- Aramburú R, Cicchino A, Bucher E. Material vegetal fresco en cámaras de cría de la cotorra argentina *Myiopsitta monachus* (Psittacidae). *Ornitol. Neotrop.* 2002; 13:433–6
- Aramburú RM, Cicchino AC, Corbalán, V. Ectoparásitos hematófagos en el buche de pichones de *Myiopsitta monachus* (Boddaert) (Ave: Psittacidae). *Neotrópica.* 2000; 46:74
- Balaguer J. Inmunidad pasiva (I). Selecciones agrícolas [Internet]. 2008. Disponible en: <https://seleccionesavicolas.com/pdf-files/2008/8/4082-inmunidad-pasiva-i.pdf> [citado en Julio 2019]
- Balsamo G, Maxted A, Midla J, Murphy J, Wohrle R, Edling T, *et al.* Compendium of Measures to Control *Chlamydia psittaci* Infection Among Humans (Psittacosis) and

- Pet Birds(Avian Chlamydiosis). *J Avian Med Surg.* 2017; 31:262–82
- Bendheim U, Wodovski I, Ordonez M, Naveh A. 1996. Development of an ELISA kit for antibody determination in birds including poultry and psittacines. *Isr J Vet Med.* 1996; 51:147–8
- Berrilli F, Prisco C, Friedrich K, Di Cerbo P, Di Cave D, De Liberato D. *Giardia duodenalis* assemblages and Entamoeba species infecting non-human primates in an Italian zoological garden: Zoonotic potential and management traits. *Parasites Vectors.* 2011; 4:1–8
- Borie C, Martinez M, Toro H. *Chlamydophila psittaci*: Detección de anticuerpos en palomas de vida libre (*Columba livia domestica*) en la ciudad de Santiago, Chile. *Acta Bioquim. Clin. Latinoam.* 2001; 35:471–4
- Borray-Escalante NA, Mazzoni D, Ortega-Segalerva A, Arroyo L, Morera-Pujol V, González-Solís J, *et al.* Diet assessments as a tool to control invasive species: Comparison between Monk and Rose-ringed parakeets with stable isotopes. *J. Urban Ecol.* 2020; 6:1–8
- Borst GHA, Zwart P. An Aberrant Form of *Leucocytozoon* Infection in Two Quaker Parakeets (*Myiopsitta monachus* Boddaert, 1783). *Z. Parasitenk.* 1972; 40:131–8
- Briceño C, Sandoval-Rodríguez A, Yévenes K, Larraechea M, Morgado, A.; Chappuzeau C, *et al.* Interactions between invasive Monk Parakeets (*Myiopsitta monachus*) and other bird species during nesting seasons in Santiago, Chile. *Animals.* 2019; 9: 923
- Briceño C, Surot D, González-Acuña D, Martínez FJ, Fredes F. Parasitic survey on introduced monk parakeets (*Myiopsitta monachus*) in Santiago, Chile. *Braz. J. Vet. Parasitol.* 2017; 26:129–135
- Briceño C, Yévenes K, Larraechea M, Sandoval-Rodríguez A, Silva-De La Fuente MC, Fredes, F, *et al.* First record of *Ornithonyssus bursa* (Berlese, 1888) (Mesostigmata: Macronyssidae) parasitizing invasive monk parakeets in Santiago,

Chile. Braz J Vet Parasitol. 2021; 30:e024020

Bucher EH, Aramburú RM. Land-use changes and Monk Parakeet expansion in the pampasgrasslands of Argentina. J. Biogeogr. 2014; 41:1160–70.

Bucher E, Martin L, Martella M, Navarro J. Social behaviour and population dynamics of the Monk Parakeet. Proc. Int. Ornithol. Congr. 1991; 20:681–9

Buss J, Cresse M, Doyle S, Buchan B, Craft D, Young S. *Campylobacter* culture fails to correctly detect *Campylobacter* in 30% of positive patient stool specimens compared to non-cultural methods. Eur. J. Clin. Microbiol. 2019; 38:1087–93

Calzada-Preston CE, Pruett-Jones S. The Number and Distribution of Introduced and Naturalized Parrots. diversity. 2021; 13:412

Celis-Diez J. Observación de cernícalos (*falco sparverius*) depredando polluelos de cotorra argentina (*myiopsitta monachus*) en parques urbanos de Santiago. Boletín Chil. Ornitol. 2014; 20:23–4

CFSPH. Psitacosis/Clamidiosis aviar. Center For Food Security And Public Health [Internet]. 2009. Disponible en: <https://www.cfsph.iastate.edu/Factsheets/es/psittacosis-es.pdf> [citado en Julio 2021]

Collinet-Adler S, Ward HD. Cryptosporidiosis: Environmental, therapeutic, and preventive challenges. Eur. J. Clin. Microbiol. Infect. Dis. 2010; 29:927–35

Conroy MJ, Senar JC. Modeling Demographic Processes in Marked Populations. Environmental and Ecological Statistics. Thomson DL, Cooch EG, Conroy MJ, editores. Boston (Massachusetts): Springer, 2009.

Dado D, Izquierdo F, Vera O, Montoya A, Mateo M, Fenoy, S, *et al.* Detection of Zoonotic Intestinal Parasites in Public Parks of Spain. Potential Epidemiological Role of Microsporidia. Zoonoses Public Health. 2011; 59:23–8

Dipineto L, Borrelli L, Pace A, Romano V, D’orazio S, Varriale L, *et al.* *Campylobacter coli* infection in pet birds in southern Italy. Acta Vet Scand. 2017; 59:6

Di Santo M, Battisti C, Bologna MA. Interspecific interactions in nesting and feeding urban sites among introduced Monk Parakeet (*Myiopsitta monachus*) and syntopic bird species. *Ethol. Ecol. Evol.* 2016; 29:138–48

Di Santo M, Vignoli L, Battisti C, Bologna MA. Feeding activity and space use of a naturalized population of monk parakeet, *Myiopsitta monachus*, in a mediterranean urban area. *Rev. Ecol.* 2013; 68:275–82

Domingos E, Nakamura A, Moraes A, Nicoleti B, Da Silva Camargo V, Bertequini, W, *et al.* *Cryptosporidium* spp. in caged exotic psittacines from Brazil: Evaluation of diagnostic methods and molecular characterization. *Exp. Parasitol.* 2017; 184:109–14

Eberhard, J. Breeding biology of the monk parakeet. *Wilson Bull.* 1998; 110:463–73

Edelaar P, Roques S, Hobson EA, Gonçalves Da Silva A, Avery ML, Russello MA, *et al.* Shared genetic diversity across the global invasive range of the monk parakeet suggests a common restricted geographic origin and the possibility of convergent selection. *Mol Ecol.* 2015; 24: 2164–76

Ehtisham M, Wani F, Wani I, Kaur P, Nissar S. Polymerase Chain Reaction (PCR): Back to Basis. *Indian j. contemp. dent.* 2016; 4:30–5

Estrada-Peña A, Ostfeld RH, Peterson AT, Poulin R, De La Fuente J. Effects of environmental change on zoonotic disease risk: An ecological primer. *Trends Parasitol.* 2014; 30:205–14

Evans EE. Zoonotic Diseases of Common Pet Birds: Psittacine, Passerine, and Columbiform Species. *Veter Clin. N. Am. Exot. Anim. Pr.* 2011; 14:457–76

Fernández H, Gesche W, Montefusco A, Schlatter R. Wild birds as reservoir of thermophilic enteropathogenic *Campylobacter* species in southern Chile. *Mem. Inst. Oswaldo Cruz.* 1996;91:699–700

Fialho C, Oliveira R, Teixeira M, Marques S, Oliveira R, Oliveira R, *et al.* Comparison of protozoan infection between chinchillas (*Chinchilla lanigera*) from a

commercial breeding facility in southern Brazil and chinchillas from a natural reserve in Chile. *Parasitol. Lat.* 2008;63:85–7

Fitzwater WD. Solutions to urban bird problems. *Proceedings of the Thirteenth Vertebrate Pest Conference.* 1988; 52.

GISD. Species profile: *Myiopsitta Monachus*. Global Invasive Species Database [Internet]. 2015. Disponible en: <http://www.iucngisd.org/gisd/speciesname/Myiopsitta+monachus> [citado en Julio 2020]

Gonzalez G. 2006. Tesis/Memoria. Estudio serológico de *Chlamydophila psittaci*, *Salmonella spp.*, virus pox aviar, adenovirus y virus polioma en aves del orden psittaciforme en cautiverio en Chile Central. Universidad de Chile. Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias.

González-Acuña D, Lohse E, Cicchino A, Mironov S, Figueroa RRA, Ardiles K. Parasites of the American Kestrel (*Falco sparverius*) in South-Central Chile. *J. Raptor Res.* 2011; 45:188–93

González-Acuña D, Silva F, Moreno L, Cerda F, Donoso S., Cabello, J, *et al.* Detection of some zoonotic agents in the domestic pigeon (*Columba livia*) in the city of Chillán, Chile. *Rev. Chilena Infectol.* 2007; 24:194–8

González-Acuña D, Silva C, Soto M, Mironov S, Moreno L, González-Gómez PL, *et al.* Parasites of the Green-backed Firecrown (*Sephanoides sephaniodes*) in Chile. *Rev. Mex. Biodivers.* 2011b; 82:1333–6

González-Hein G. Estudio Serológico de *Chlamydophila Psittaci*, *Salmonella spp.*, Virus Pox Aviar, Adenovirus y Virus Polioma en Aves del Orden Psittaciforme en Cautiverio en Chile Central. Repositorio académico Universidad de Chile [Internet]. Disponible en: <http://repositorio.uchile.cl/handle/2250/130847> [citado en Julio 2020]

Han M, Xiao S, An W, Sang C, Li H, Ma J, *et al.* Co-infection risk assessment of *Giardia* and *Cryptosporidium* with HIV considering synergistic effects and age sensitivity using disability-adjusted life years. *Water Res.* 2020; 175:1–10

Hatcher MJ, Dick JTA, Dunn AM. Disease emergence and invasions. *Funct. Ecol.* 2012; 26:1275–87

Henricksen S, Pohlenz J. Staining of cryptosporidia by a modified Ziehl-Neelsen technique. *Acta Vet Scand.* 1981; 22:594–6

Hernández-Brito D, Blanco G, Tella JL, Carrete M. A protective nesting association with native species counteracts biotic resistance for the spread of an invasive parakeet from urban into rural habitats. *Front. Zool.* 2020; 17:1–13

Hernández-Brito D, Carrete M, Blanco G, Romero-Vidal P, Senar JC, Mori E, *et al.* The Role of Monk Parakeets as Nest-Site Facilitators in Their Native and Invaded Areas. *biology.* 2021; 10:683

Hulme PE. Invasive species challenge the global response to emerging diseases. *Trends Parasitol.* 2014; 30:267–70

Inglis D, Kalischuk L. Use of PCR for Direct Detection of *Campylobacter* Species in BovineFeces. *Appl Environ Microbiol.* 2003; 69:3435–47

Iriarte J, Lobos G, Jaksic F. Invasive vertebrate species in Chile and their control and monitoring by governmental agencies. *Rev. Chil. de Hist. Nat.* 2005; 78:143–54

Israel G. Determining sample size. University of Florida, Florida Cooperative Extension center [Internet]. 1992. Disponible en: https://a7852d97-a-62cb3a1a-sites.googlegroups.com/site/estadisticayunpocomas/tama%C3%B1omuestra.pdf?attachauth=ANoY7cp9dHDai2ul0xoUkfGh0sb0w8UH1rdMDzA-aMgCf-0KZ9FnQ3bqvVDbaqtTh-cJ6gaSWK11xo_6W3AK6J7YPYIC6lkbFOFXcegxxhm9MmZ1aUeaxFYvl0ofJSAeJ9eO-95rwW0Y4TAnWydteEW2q-BtFgw2nkXr4Gf5itGyQonMt8x1wDkeRN-dmJ3WzqqCEvq5hfoXw8GwtpmvnQ7ytrReyKWfxpgtcjZbtEWOWDP3kevGPH4%3D&at_tredirects=0 [citado en Marzo 2019]

James G. PCR for Clinical Microbiology. Schuller M, Sloots T, James G, Halliday C, CarterI, editores. Dordrecht: Springer, 2010.

Kaakoush NO, Castaño-Rodríguez N, Mitchell HM, Man SM. Global epidemiology of *Campylobacter* infection. *Clin Microbiol Rev.* 2015; 28:687–720

Keesing F, Belden LK, Daszak P, Dobson A, Harvell CD, Holt RD, *et al.* Impacts of biodiversity on the emergence and transmission of infectious diseases. *Nature.* 2010; 468:647–52

Keirans JE, Radovsky FJ, Clifford CM. *Argas (argas) monachus*, new species (Ixodoidea: Argasidae), from nests of the monk parakeet, *Myiopsitta monachus*, in Argentina. *J. Med. Ent.* 1973; 10:511–6

Lal A, Baker MG, Hales S, French NP. Potential effects of global environmental changes on cryptosporidiosis and giardiasis transmission. *Trends Parasitol.* 2013; 29:83–90

Larraechea M. 2020. Tesis/Memoria. Detección de anticuerpos contra *Chlamydophila Psittaci* en cotorras argentinas (*Myiopsitta Monachus*) de vida libre. Universidad de Chile. Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias.

Linton D, Owen R, Stanley J. Rapid identification by PCR of the genus *Campylobacter* and of five *Campylobacter* species enteropathogenic for man and animals. *Res. Microbiol.* 1996;147:707–18

López CM, Giacoboni G, Agostini A, Cornero FJ, Tellechea DM, Trinidad JJ. Thermotolerant *Campylobacters* in domestic animals in a defined population in Buenos Aires, Argentina. *Prev Vet Med.* 2002; 55:193–200

Ludwig R, Marques S. 2011. Occurrence of *Cryptosporidium* spp. oocysts in mammals at a zoo in southern Brazil. *Rev. Ibero Latinoam. Parasitol.* 2011; 70:122–8

Martínez De La Puente J, Díez-Fernández A, Montalvo T, Bueno-Marí R, Pangrani Q, Soriguer RC, *et al.* Do Invasive Mosquito and Bird Species Alter Avian Malaria Parasite Transmission? *Diversity.* 2020; 12:111

MINAGRI (Ministerio De Agricultura). Ley 19473; Ley 4601. Sustituye Texto De La Ley N°4.601, Sobre Caza, Y Artículo 609 Del Código Civil. BCN [Internet].

2016. Disponible en: <https://www.bcn.cl/leychile/navegar?idNorma=30840> [citado en Marzo 2019]

Minias P. Contrasting patterns of *Campylobacter* and *Salmonella* distribution in wild birds: a comparative analysis. *J. Avian Biol.* 2020; 51:1–13

Molina N, Polverino D, Minvielle M, Apezteguia M, Aguilar M, Basualdo J. Comparación de métodos de lisis y extracción de ADN de trofozoítos de *Giardia lamblia*. *Parasitol. Lat.* 2006; 61:133–7

Mori E, Ancilloto L, Groombridge J, Howard T, Smith VS, Menchetti M. Macroparasites of introduced parakeets in Italy: a possible role for parasite-mediated competition. *Parasitol Res.* 2015; 114:3277–81

Mori E, Pascual-Sala J, Fattorini N, Menchetti M, Montalvo T, Senar JC. Ectoparasite sharing among native and invasive birds in a metropolitan area. *Parasitol. Res.* 2018;118:399–409

Morinha F, Carrete M, Tella J, Blanco G. High Prevalence of Novel Beak and Feather Disease Virus in Sympatric Invasive Parakeets Introduced to Spain From Asia and South America. *Diversity.* 2020; 12:192

Myczko Ł, Dylewski Ł, Sparks TM, Łochynski M, Tryjanowski P. Co-occurrence of birds and bats in natural nest-holes. *Ibis.* 2016; 159:235–7

Myers N, Mittermeier RA, Mittermeier CG, Fonseca GA, Kent J. Biodiversity hotspots for conservation priorities. *Nature.* 2000; 403:853–8

Nakamura AA, Meireles MV. 2015. Cryptosporidium infections in birds—A review. *Rev. Bras. Parasitol.* 2015; 24:253–67

Olson ME, Goh J, Phillips M, Guselle N, Mcallister TA. *Giardia* Cyst and *Cryptosporidium* Oocyst Survival in Water, Soil, and Cattle Feces. *J. Environ. Qual.* 1999; 28:1991–6

Papini R, Girivetto M, Marangi M, Mancianti F, Giangaspero A. 2012. Endoparasite Infections in Pet and Zoo Birds in Italy. *Scientific World J.* 2012; 253127

- Pastenes A. Identificación de Endoparásitos Con Riesgo Zoonótico en Excremento de Perros Recolectados Desde las Principales Plazas Públicas de las Comunas del Gran Santiago. Repositorio académico de la Universidad de Chile [Internet]. 2015. Disponible en: <http://repositorio.uchile.cl/handle/2250/143157> [citado en Julio 2020]
- Pinto K, Villalobos F, Fischer C, Barrientos C, González-Acuña D, Troncoso I. Detección serológica de *Chlamydophila psittaci* en psitácidos en cautiverio de la Región del Biobío, Chile. Rev Inv Vet Perú. 2018; 29:950–6
- Raso TF, Ferreira VL, Timm LN, Abreu MFT. Psittacosis domiciliary outbreak associated with monk parakeets (*Myiopsitta monachus*) in Brazil: need for surveillance and control. JMM Case Rep. 2014; 1:1–4
- Ravish ML, Reavill DR, Hess L, Childress AL, Wellejan JFX Jr. Gastrointestinal Cryptosporidiosis in Captive Psittacine Birds in the United States: A Case Review. J. AvianMed. Surg. 2014; 28:297–303
- Rosende S, Hidalgo H. 2005. Técnica de necropsia. Universidad de Chile. Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias.
- Sandoval-Rodríguez A, Marcone D, Alegría-Morán R, Larraechea M, Yévenes K, Fredes F, et al. *Cryptosporidium* spp. and *Giardia* spp. in Free-Ranging Introduced Monk Parakeets from Santiago, Chile. Animals. 2021; 11:801
- Savioli L, Smith H, Thompson A. *Giardia* and *Cryptosporidium* join the ‘Neglected Diseases Initiative’. Trends Parasitol. 2006; 22:203–8
- Senar J.C, Carrillo-Ortiz JG, Ortega-Segalerva A, Dawson Pell FSE, Pascual J, Arroyo L, et al. The reproductive capacity of Monk Parakeets (*Myiopsitta monachus*) is higher in their invasive range. Bird Study. 2019; 66:136–40
- Sheleby-Elías J, Solórzano-Morales Á, Romero-Zúniga J, Dolz G. Molecular Detection and Genotyping of *Chlamydia psittaci* in Captive Psittacines from Costa Rica. Vet Med Int. 2013; 142962
- Sol D, Santos DM, Fera E, Clavell J. Habitat selection by the Monk Parakeet during colonization of new area in Spain. Condor. 1997; 99:39–46

- South J, Pruett-Jones S. Patterns of Flock Size, Diet, and Vigilance of Naturalized MonkParakeets in Hyde Park, Chicago. *Condor*. 2000; 102: 848–54
- Sréter T, Varga I. Cryptosporidiosis in birds — A review. *Vet. Parasitol.* 2000; 87:261–79.
- Strubbe D, Matthysen E. Establishment success of invasive ring-necked and MonkParakeets in Europe. *J. Biogeogr.* 2009; 36: 2264–78
- Thompson RCA. Parasite zoonoses and wildlife: One health, spillover and human activity. *Int. J. Parasitol.* 2013; 43:1079–88
- Toro H, Saucedo C, Borie C, Gough RE, Alcaíno H. Health status of free-living pigeons in the city of Santiago. *Avian Pathol.* 1999; 28:619–23
- Tresierra-Ayala A, Bendayan M. Thermotolerant *Campylobacter* species isolated from psittaciformes in the Peruvian Amazon region. *Rev. Inst. Med. Trop. São Paulo.* 1998; 40:263
- Viana IR, Strubbe D, Zocche JJ. Monk parakeet invasion success: a role for nest thermoregulation and bactericidal potential of plant nest material? *Biol Invasions.* 2016; 18:1305–15
- Wagner N. Occupation of Monk Parakeet (*Myiopsitta monachus*) nest cavities by House Sparrows (*Passer domesticus*) in Rio Grande do Sul, Brazil. *Bol. Sao.* 2012; 20:72–8
- Xiao L, Fayer R, Ryan U, Upton S. Cryptosporidium Taxonomy: Recent Advances and Implications for Public Health. *Clin. Microbiol. Rev.* 2004; 17:72–97
- Xiao L, Fayer R. Molecular characterisation of species and genotypes of Cryptosporidium and Giardia and assessment of zoonotic transmission. *Int. J. Parasitol.* 2008; 38: 1239–55
- Zhang W, Zhang X, Wang R, Liu A, Shen Y, Ling H. Genetic characterizations of *Giardia duodenalis* in Sheep and Goats in Heilongjiang Province, China and

Possibility of Zoonotic Transmission. PLoS Negl. Trop. Dis. 2012; 6:1–8

Zinsstag J, Schelling E, Waltner-Toews D, Tanner MM. From “one medicine” to “one health” and systemic approaches to health and well-being. Prev. Vet. Med. 2011; 101:148– 56

INTERACCIONES ENTRE COTORRAS ARGENTINAS (*Myiopsitta monachus*) INVASORAS DE VIDA LIBRE Y TRES ESPECIES DE AVES NATIVAS EN SANTIAGO, CHILE.

INTRODUCCIÓN

Las invasiones biológicas corresponden a procesos en los cuales una especie expande su rango de distribución geográfica ocupando, de esta forma, regiones en las que previamente no existía (Jaksic y Castro, 2014; Kolar y Lodge, 2001; Mack *et al.*, 2000).

Existen diversas consecuencias asociadas a la invasión de especies exóticas, entre ellas es posible mencionar: la reestructuración de la biodiversidad a nivel global, tendencia a la homogenización biótica, modificación de la estructura y funcionamiento de los ecosistemas invadidos, establecimiento de interacciones intraespecíficas de competencia y/o depredación con especies nativas, introducción de nuevos patógenos y reproducción con especies nativas lo que puede llevar a procesos de hibridación (Appelt *et al.*, 2016; Jaksic y Castro, 2014).

La cotorra argentina (*Myiopsitta monachus*) es un ave gregaria de tamaño mediano perteneciente a la familia de las psitácidas. Su distribución nativa se localiza en Paraguay, Uruguay, Bolivia, el sur de Brasil y la zona centro-norte de Argentina, sin embargo, debido al comercio internacional de mascotas, la cotorra puede ser encontrada como una especie invasora en 26 países de África, Asia, Europa, y América (Calzada-Preston y Pruett-Jones; 2021; Eberhard, 1998; Edelaar *et al.*, 2015; GISD, 2015; South y Pruett-Jones, 2000). El éxito de esta psitácida como una especie invasora puede ser asociado a su comportamiento y a sus características ecológicas (Sol *et al.*, 1997; Strubbe y Matthysen, 2009). Gracias a sus hábitos alimenticios, reproductivos y de nidificación, posee una gran capacidad reproductiva y una gran habilidad para prosperar en ambientes nuevos (Borray-Escalante *et al.*, 2020; Bucher y Aramburú, 2014; Eberhard, 1998; Senar *et al.*, 2019; Sol *et al.*, 1997; South y Pruett-Jones, 2000; Viana *et al.*, 2016). Sin ir más lejos, se ha

reportado que el éxito reproductivo de la cotorra es mayor a lo largo de su distribución exótica (Senar *et al.*, 2019).

Los principales hábitats de estas aves a lo largo de su distribución nativa son áreas poco lluviosas en bosques claros abiertos, sabanas, palmerales, matorrales espinosos, tierras de cultivo y huertos frutales. A menudo, se asocia a paisajes alterados por la actividad humana como pastos o tierras de cultivo, adaptándose también fácilmente a entornos urbanos (Curzely Leveau, 2021; Wagner, 2012).

En lo que respecta a su distribución invasora, la presencia de las cotorras suele estar asociada a asentamientos humanos, donde pueden ser encontradas particularmente en parques y plazas (Briceño *et al.*, 2019; Rodríguez-Pastor *et al.*, 2012; Strubbe y Mathyssen, 2009).

Reportes relacionados a las interacciones establecidas por cotorras argentinas y la fauna nativa presente en localidades invadidas varían. El comportamiento de las cotorras ha sido descrito como agresivo y tolerante a la presencia de otras aves, existiendo casos en los cuales cotorras han sido observadas protegiendo sus nidos mediante conductas violentas y casos en los que cohabitan con aves locales compartiendo sus nidos (Briceño *et al.*, 2019; Di Santo *et al.*, 2016).

Uno de los primeros estudios emitidos en 1974 sobre la invasión de cotorras argentinas en Estados Unidos, reporta eventos de competencia entre estas aves invasoras y poblaciones de aves nativas en Nueva York y Nueva Jersey. Se describe a las cotorras argentinas como aves agresivas que dominan las áreas de alimentación que visitan y que fueron observadas causando la muerte de urracas azules (*Cyanocitta cristata*) y un mirlo americano (*Turdus migratorius*) (Davis 1974).

De esta misma forma, también ha sido observado que otras especies de aves pueden adoptar comportamientos violentos hacia esta psitácida (DiSanto *et al.*, 2016; Wagner, 2012). Tal fue el caso reportado por Wagner (2012) en Rio Grande do Sul (Brasil), parte de la distribución nativa de la cotorra, quien pudo observar cómo cinco ejemplares de gorrión (*Passer domesticus*), ave invasora en Brasil, expulsaron a tres cotorras argentinas de su nido para posteriormente hacer ocupación de éste (Wagner, 2012). De forma similar, Di Santo y colaboradores (2016) reportaron, en

Roma (Italia), la existencia de interacciones antagonistas entre cotorras argentinas invasoras y el córvido nativo *Corvus cornix*, desplegando este último conductas predatorias hacia ejemplares de cotorra (Di Santo *et al.*, 2016).

Dentro de su rango de distribución nativo el uso de nidos de cotorras por otras especies de aves ha sido reportado en diversas ocasiones. En Argentina, especies tales como el halconcito argentino (*Spizapteryx circumcinctu*) (Martella y Bucher, 1984), el cernícalo (*Falco sparverius*) (De Lucca, 1992), y el pato jergón chico (*Anas flavirostris*) (Port y Brewer, 2004), entre otros, han sido detectados anidando dentro de nidos de cotorras argentinas (De Lucca 1992; Martella y Bucher 1984; Port y Brewer 2004). En la región del Pantanal del Estado de Mato Grosso en Brasil, las cotorras argentinas frecuentemente anidan en asociación a cigüeñas de jabirú, utilizando los nidos construidos por estas cigüeñas como base para la construcción de sus propios nidos (Burger y Gochfeld, 2005).

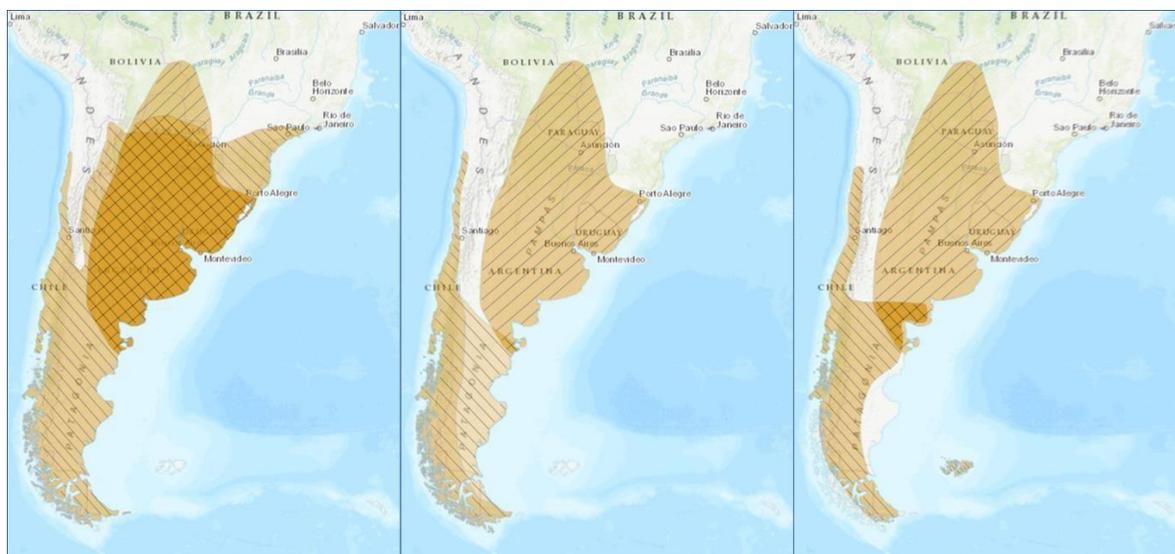
En lo que refiere a la situación de Chile, hasta la fecha han sido publicados dos reportes que dan cuenta de las interacciones establecidas entre cotorras argentinas y otras especies de aves. En el primero se informa de un evento en que se pudo observar a individuos de cernícalo ingresando a un nido de cotorra argentina desde el cual extrajeron pichones de cotorra y procedieron a alimentarse de ellos (Celis-Diez, 2014). El segundo corresponde a un trabajo por Briceño y colaboradores cuyos resultados parciales contribuyen y son considerados en el presente capítulo (Briceño *et al.*, 2019).

En la ciudad de Santiago las cotorras argentinas han sido detectadas nidificando en diversas plazas y parques a lo largo de la ciudad. Dentro de estos ambientes las cotorras pueden entraren contacto con distintas especies de aves tanto nativas como introducidas (Briceño *et al.*, 2019). Tiuques (*Milvago chimango*), tordos (*Curaeus curaeus*) y zorzales (*Turdus falcklandii*) corresponden a tres especies de aves nativas en Chile que dada su distribución y hábitos de vida pueden llegar a coincidir con las cotorras argentinas tanto en términos de uso de espacio físico, como compartir espacio en plazas y parques, como en términos de uso de recursos alimenticios o de

nidificación. En la Tabla 1 puede observarse una caracterización de tanto cotorras argentinas como de estas tres especies de aves nativas, de la misma forma en la Figura 3 puede observarse la distribución nativa de tiuques, tordos y zorzales comparada a la distribución nativa de cotorras argentinas. Como es posible evidenciar, estas aves no son solamente nativas en Chile, sino que también comparten parte de la distribución nativa de la cotorra argentina, sin embargo, con la excepción de un reporte que señala al tiuque como un posible depredador de cotorras argentinas (Biondi *et al.*, 2005) no existe mayor información respecto a las interacciones que las cotorras establecen con estas tres especies a lo largo de su distribución nativa. De la misma forma se desconoce como las cotorras interactúan con estas y otras especies de aves en Chile.

Tabla 1: Caracterización de la especie invasora cotorra argentina y las especies nativas tijuque, tordo y zorzal.

Nombre Común	Nombre científico	Género	Distribución mundial	Distribución en Chile	Aspecto	Gregaria/Solitaria	Hábitat en Chile	Dieta	Época reproductiva en Chile	Nidificación	Categoría IUCN
Cotorra argentina	<i>Myiopsitta monachus</i>	<i>Psittaciforme</i>	Nativa: Paraguay, Uruguay, Bolivia, sur de Brasil y zona centro-norte de Argentina. Invasora: 19 países de África, Asia, Europa, y América (Eberhard, 1998; Edelaar et al., 2015; GISD, 2015; South y Pruett-Jones, 2000).	Regiones de Copiapó, Valparaíso, Metropolitana y del Biobío (Briceno et al., 2017; Caraboni et al., 2020).	Tamaño: 33 cm. Garganta, frente y pecho grises (Jaramillo et al., 2014). Leves diferencias en color de plumaje y en tamaño y peso entre machos y hembras (Morales et al., 2020).	Gregaria (South and Pruett-Jones, 2000).	Áreas urbanas como plazas y parques principalmente (Briceno et al., 2017; Caraboni et al., 2020). Se le puede observar posada en árboles y alimentándose tanto en el suelo como en árboles (Bucher et al., 1991; Díaz y Armesto, 2003).	Generalista - oportunista Su principal fuente de alimento corresponde a semillas pudiendo consumir una amplia variedad de estas, además de una amplia variedad de frutos (Borray-Escalante et al., 2020; Bucher et al., 1991; Canavelli et al., 2013; Navarro et al., 1995).	Agosto a diciembre (Briceno et al., 2019).	3 a 25 metros (Bucher et al. 1991) - 3 a 35 de altura en Chile (comunicación personal).	Preocupación menor con una tendencia poblacional al aumento (IUCN, 2018b).
Tijuque	<i>Chimango caracara</i>	<i>Falconiforme</i>	Desde el sur de Bolivia y Brasil hasta el extremo sur de Chile y Argentina (Biondi et al., 2013; Figueroa, 2018; San Martín et al., 2006).	Entre Copiapó y Cabo de Hornos, incluyendo islas oceánicas cercanas a la costa (isla Choros, isla Damas, isla Mocha) y archipiélagos australes. Introducido en Isla de Pascua (Figueroa, 2018; San Martín et al., 2006).	Tamaño: 40 cm. Pardo y moteado, garganta y área cloacal más claras, pico chico gris claro Hembras: patas grises Machos: patas amarillas (Jaramillo et al., 2014; Sarasola et al., 2011).	Gregaria Se congregan en bandadas de decenas de individuos (Biondi et al., 2010; Figueroa, 2018; Jaramillo et al., 2014).	Amplia variedad de ambientes Regiones montañosas, campos agrícolas, pastizales, estepas, humedales, bordes costeros, matorrales, bosques, y áreas con alta influencia antrópica como plantaciones forestales de pino y eucalipto, huertos frutales, pueblos y ciudades (Figueroa, 2018). Se le puede observar en árboles y suelo, alimentándose principalmente en el suelo (Díaz y Armesto, 2003; Jaramillo et al., 2014).	Generalista - oportunista Sus principales presas corresponden a insectos. También puede alimentarse de anélidos, arácnidos, bivalvos, gastrópodos, crustáceos, peces, anfibios, reptiles, aves, roedores, carroña, desechos alimenticios, semillas, frutos, hortalizas y digüeñes (Biondi et al., 2013; Figueroa, 2018; Tobar et al., 2014).	Septiembre a febrero (Figueroa, 2018).	3 a 21 m de altura (Figueroa, 2018).	Preocupación menor con una tendencia poblacional al aumento (IUCN, 2018a).
Tordo	<i>Curaeus curaeus</i>	<i>Passeriforme</i>	Argentina y Chile (Venegas, 2018).	Desde Atacama hasta Cabo de Hornos (Venegas, 2018).	Tamaño: 24 a 28 cm. Pico largo y en punta. Pico y patas negras. Plumaje completamente negro (Jaramillo et al., 2014).	Gregaria en época no reproductiva, se alimentan en bandadas de 6 a 20 individuos. Pares nidifican de manera solitaria en época reproductiva (Venegas, 2018).	Amplia variedad de ambientes Zonas boscosas, matorrales, plantaciones de pino, playas, lagunas, pastizales, jardines urbanos, campos y cultivos agrícolas (Venegas, 2018). Se le puede observar tanto a nivel de suelo como en árboles (Díaz y Armesto, 2003).	Generalista - oportunista Escarabajos, larvas de polilla, invertebrados acuáticos, pequeños roedores, huevos de aves y polluelos, semillas (nativas y provenientes de cultivos), frutos (nativos e introducidos), néctar de árboles, alimento de aves de corral y restos de comida humana (Venegas, 2018).	Septiembre a enero (Venegas, 2018).	1,5 a 3 m de altura (Venegas, 2018).	Preocupación menor con una tendencia poblacional estable (IUCN, 2016b).
Zorzal	<i>Turdus falcklandii</i>	<i>Passeriforme</i>	Argentina y Chile (Cerpa, 2018).	Desde Atacama hasta cabo de Hornos, incluyendo el archipiélago de Juan Fernández (Cerpa, 2018; Llanos-Soto et al., 2019; Marín, 2015).	Tamaño: 23 cm. Patas y pico amarillos. Macho: gris por encima con cabeza negruzca, garganta blanca con estrías negruzcas. Pecho grisáceo. Hembra: más parda por encima, cabeza más pálida y pecho con tinte parduzco (Jaramillo et al., 2014).	Principalmente gregaria Forman pequeños grupos pudiendo observarse individuos solitarios. Las bandadas son escasas en la zona central pero más comunes en la zona sur de Chile (Jaramillo et al., 2014).	Amplia variedad de ambientes Áreas boscosas, como bosques de Nothofagus o ambientes exóticos como plantaciones de Pinus radiata, asociado a zonas húmedas o con disponibilidad de aguas en superficies, zonas agrícolas, y jardines y plazas urbanos (Cerpa, 2018; Llanos-Soto et al., 2019; Marín, 2015). Se le puede observar tanto a nivel de suelo como en árboles (Díaz y Armesto, 2003).	Generalista - oportunista Frutos (nativos y cultivados), larvas de insectos, gastrópodos, lombrices y semillas (Cerpa, 2018; Llanos-Soto et al., 2019).	Agosto a febrero (Cerpa, 2018).	2 a 6 m de altura (Cerpa, 2018).	Preocupación menor con una tendencia poblacional estable (IUCN, 2018a).



(a)

(b)

(c)

Figura 3: Rango de distribución nativo de cotorras argentinas (/) comparado con rango nativo de (a) Tiuques (\); (b) Tordos (\); (c) Zorzales (\) (Mapas modificados de: IUCN, 2016a; IUCN, 2016b; IUCN, 2018; IUCN 2018b).

Establecer el impacto producido por la cotorra argentina en términos del efecto directo que tiene sobre la presencia de estas especies de aves en determinados sitios, o en cuanto a las interacciones que establece con éstas, podría contribuir a aumentar la información existente respecto a las consecuencias asociadas a la presencia de esta ave en el país. Determinar la presencia de especies de aves nativas en sitios de nidificación de cotorras argentinas, y de estar presentes, qué tipo de interacciones establecen con las cotorras resulta de gran importancia para estimar que clase de intercambios podrían eventualmente surgir entre cotorras y otras especies de aves, en caso de que estas aumenten su rango de distribución en el país. También resultaría útil para estudiar el posible riesgo de transmisión de patógenos a otras especies, o incluso, para detectar si otras especies de aves se ven beneficiadas por la presencia de esta psitácida invasora.

Cualquier descubrimiento en esta área podría, eventualmente, resaltar la importancia de la implementación de medidas de manejo enfocadas en detener el avance de este loro invasor en Chile.

El presente capítulo busca, por ende, estudiar el impacto causado por la cotorra argentina al evaluar la presencia de tres especies de aves nativas, tiuques, tordos y zorzales, en sitios de nidificación de cotorras argentinas, y de estar presentes, registrar el tipo de interacción existente entre estas.

MÉTODOLÓGÍA

Para cumplir el objetivo específico 2, “Establecer la presencia de aves nativas en los sitios de anidamiento de cotorras argentinas”, se estudió la presencia de tres especies de aves nativas distintas en dichas localidades. Las aves seleccionadas correspondieron al tiuque (*M. chimango*), tordo (*C. curaeus*) y el zorzal (*T. falcklandii*). Estas especies fueron escogidas ya que sus hábitos de vida las llevan a utilizar los mismos ambientes que las cotorras argentinas para forrajear y nidificar.

1.- Registro de presencia e interacciones

El procedimiento de obtención de datos estuvo asociado a un proyecto de investigación que implicó la captura de pichones de cotorra argentina, en distintos puntos de la ciudad de Santiago. Estos sitios fueron escogidos utilizando información previa entregada por el Servicio Agrícola y Ganadero (SAG) y diversas municipalidades respecto a lugares donde hubiesen sido avistados nidos de cotorra argentina. De forma, posterior a la obtención de esta información, los puntos de muestreo fueron seleccionados en base a detalles logísticos como acceso vehicular, acceso al nido, permisos municipales, etc. Se procedió de esta forma a realizar dos procedimientos de muestreo entre 2017 y 2018, ambos durante los meses de noviembre y diciembre, equivalente al periodo reproductivo de la cotorra argentina. La mayoría de los nidos fueron visitados, al menos, en más de una oportunidad; durante una primera instancia de recolección de información y nuevamente durante el procedimiento de muestreo.

Para determinar la existencia de las aves nativas seleccionadas en los sitios de nidificación de cotorras argentinas, de forma paralela al proceso de captura de pichones, se registró, mediante observaciones directas, la presencia de estas especies, y de estarlo, el tipo de interacción que establecían con las cotorras argentinas.

Las interacciones fueron registradas y clasificadas en base a un etograma básico (Brown y Veltman, 1987; De Azevedo *et al.*, 2017; McGarry, 1984). Las interacciones fueron clasificadas como afiliativas cuando las aves (cotorras y otras especies) forrajeaban juntas en la base del árbol o en sus inmediaciones inmediatas. Las interacciones agonistas incluían “llamada de alarma”, cuando una cotorra emitía repetitivas vocalizaciones hacia otra especie de ave; y, “ataques”, cuando un ave se acercaba en vuelo directo y amenazante. Adicionalmente, eventos de ocupación de nido por otras especies también fueron registrados, ya sea por visualización directa de huevos o pichones dentro de una cámara durante el procedimiento de muestreo, o por observación directa de uno o dos conespecíficos (padres putativos), entrando y saliendo de una cámara repetitivamente, así como cuidando su entrada. Finalmente, también fueron registradas la cantidad de veces que un ave se posaba o utilizaba territorio inmediatamente aledaño al árbol donde las cotorras poseían un nido activo, estos eventos fueron, para efectos de este estudio, catalogados como interacciones neutras.

RESULTADOS

Luego de realizar un total de 73 observaciones en distintos puntos de la ciudad de Santiago, durante los procedimientos de muestreo entre los años 2017 y 2018, fue posible detectar la presencia, tanto de tiiques, tordos y zorzales los sitios de nidificación de cotorras argentinas visitados.

Se observaron un total de 30 interacciones entre tiiques y cotorras argentinas. Doce de estas (40%) fueron de naturaleza agonista, más específicamente, ataques por parte de tiiques a cotorras. Por otro lado, también fueron observados compartiendo espacio en los mismos árboles de forma pacífica en 18 oportunidades (60%), eventos registrados como interacciones neutras.

En el caso del tordo, se registraron un total de 17 interacciones. La mayoría de ellas fue de naturaleza pacífica, observándose 14 instancias de interacciones neutras en las que fue posible observar a tordos y cotorras compartiendo el mismo árbol (82,3%). Curiosamente, en dos oportunidades (11,8%), fue posible detectar a tordos utilizando nidos de cotorra y solamente en una ocasión, se detectó una interacción agonista entre

un tordo y una cotorra (5,9%).

Resultados de la misma naturaleza fueron obtenidos para las 26 interacciones registradas entre cotorras argentinas y zorzales. Zorzales y cotorras fueron observados compartiendo espacio en un mismo árbol en 24 ocasiones (92,3%), calificadas como interacciones neutras, forrajeando junto a cotorras en una ocasión (3,8%) y utilizando un nido de cotorra también en una oportunidad (3,8%).

Los resultados obtenidos pueden ser observados en la Figura 4.

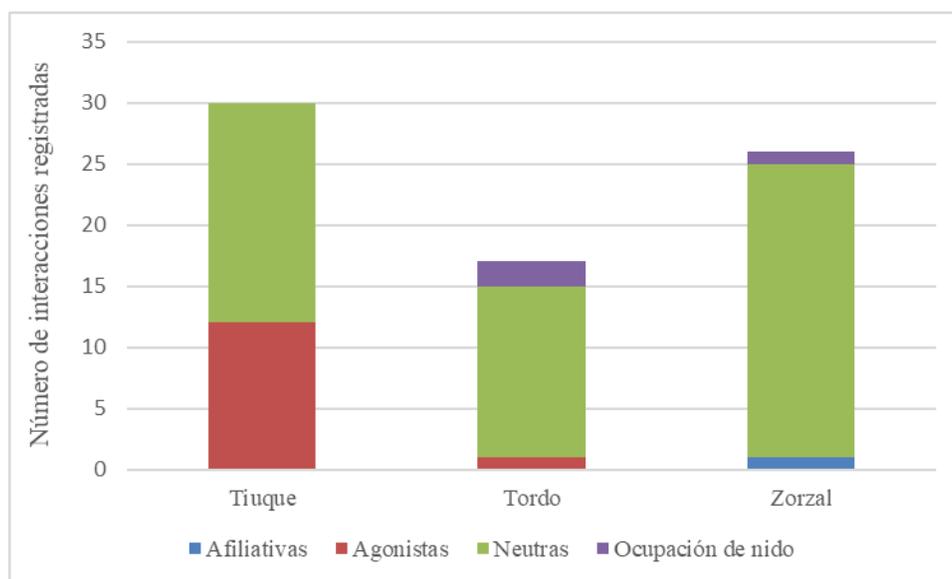


Figura 4: Número de interacciones registradas entre tiuques, tordos, zorzales y cotorras argentinas de acuerdo con su conducta.

La mayor parte de las interacciones registradas, 56 de 73 (equivalente a un 76,7%), correspondieron a instancias en las que las especies nativas seleccionadas compartían espacio de forma pacífica junto a cotorras argentinas (interacciones neutras). Las interacciones de naturaleza agonista fueron las segundas más representadas con un total de 13 eventos, siendo la mayor parte de estos asociados a tiuques (Figura 5).

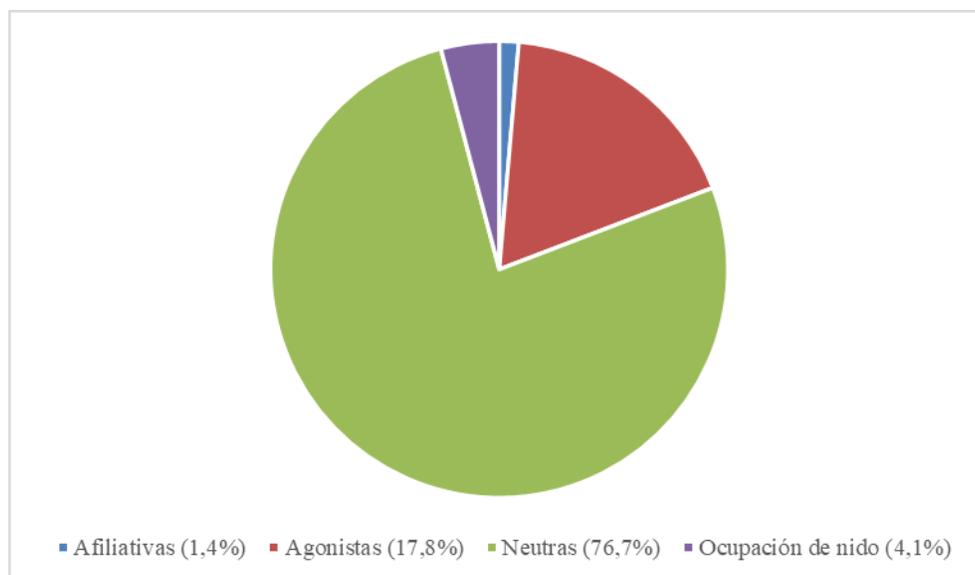


Figura 5: Proporción de interacciones afiliativas, agonistas, neutras y eventos de ocupación de nido registrados entre tiuques, tordos y zorzales con cotorras argentinas.

Las interacciones fueron registradas en una variedad de 20 especies de árboles distintas. Diecisiete de ellas, equivalente a un 85%, corresponden a especies exóticas, mientras que solo tres, equivalente a un 15%, corresponden a especies nativas, dos de ellas adicionalmente corresponden a especies endémicas, la palma chilena (*Jubaea chilensis*) y el peumo (*Cryptocarya alba*). Cerca de la mitad las interacciones registradas, 35 de 73 (46,7%), ocurrieron en dos especies de árboles exóticos, 21 (28%) en Pinos del Paraná (*Araucaria angustifolia*) y 14 (18,7%) en Cedros del Líbano (*Cedrus libani*) (Figura 6).

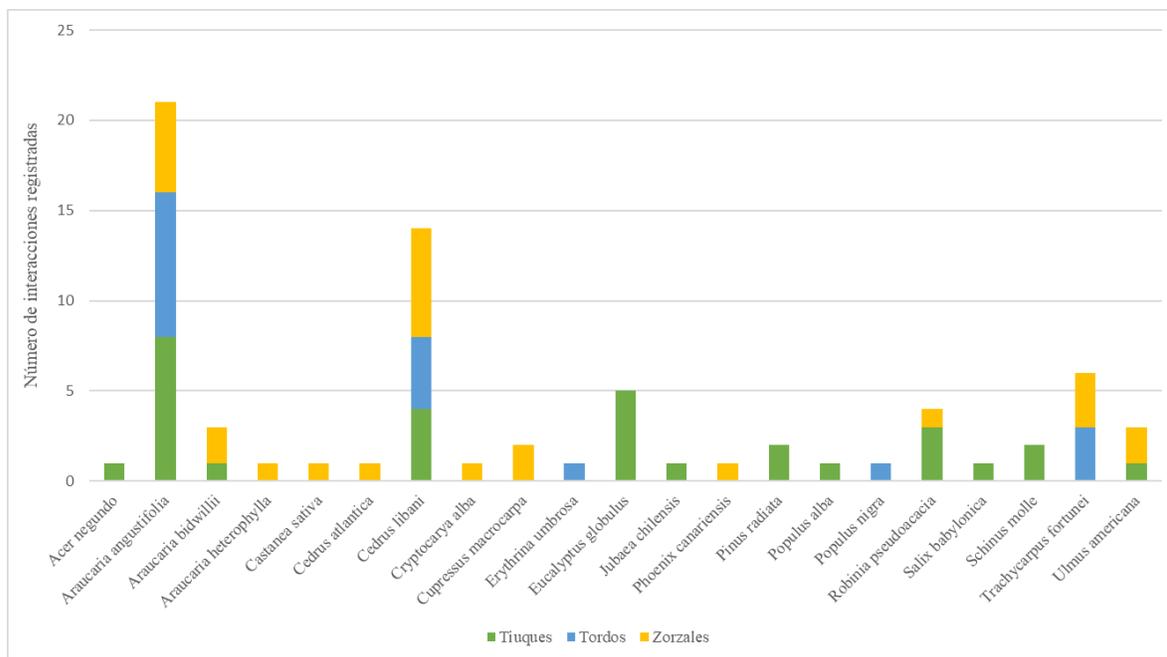


Figura 6: Número de interacciones registradas entre tiuques, tordos, zorzales y cotorras argentinas, de acuerdo con la especie de árbol en las que fueron registradas.

Las tres instancias en las que fue posible detectar a una de estas especies nativas utilizando nidos de cotorra argentina involucraron a tordos utilizando nidos contruidos en pinos del Paraná en dos oportunidades, y a zorzales utilizando un nido construido en una palmera excelsa (*Trachycarpus fortunei*) en una oportunidad, ambas corresponden a especies de árboles exóticos en Chile.

DISCUSIÓN

Comprender las interacciones establecidas por especies nativas e invasoras resulta de importancia para dimensionar el impacto que estas últimas generan a nivel ecológico. Pese a que las cotorras argentinas fueron introducidas a comienzos de los años setenta en Chile, no fue sino hasta el año 2014 que el primer reporte asociado a las interacciones establecidas por este loro invasor con otras especies de aves fue emitido. Dicha publicación correspondió a una observación anecdótica en la que se pudo observar a individuos de cernícalo alimentándose de pichones de cotorra argentina en la ciudad de Santiago (Celis-Diez, 2014).

Considerando que la presencia de especies invasoras puede desencadenar la aparición de eventos de competencia, depredación, y/o agresión con especies nativas, o inclusive el desplazamiento de las últimas (Appelt *et al.*, 2016; Jaksic y Castro, 2014), el presente capítulo buscó determinar la presencia de aves nativas en sitios de nidificación de cotorras argentinas, y de estar presentes, registrar que tipo de interacciones establecen entre ellas.

Los registros obtenidos a lo largo del presente estudio permitieron confirmar la presencia de las especies nativas tiuque, tordo y zorzal en sitios de nidificación de cotorras argentinas, así como observar las interacciones existentes entre estas especies y la cotorra. Estas observaciones corresponden al segundo reporte de presencia de otras especies de aves en sitios de nidificación de cotorras argentinas y de interacciones establecidas entre estas distintas especies de aves y las cotorras (Briceño *et al.*, 2019).

De forma concordante a reportes previos emitidos en otros países (Di Santo *et al.*, 2016; Hernández-Brito *et al.*, 2021), las interacciones observadas entre cotorras argentinas y las tres especies de aves nativas seleccionadas para este estudio, fueron, en su mayoría, de naturaleza neutra. Del total de 75 interacciones registradas, solo 13 (17,33%), fueron de naturaleza agonista. Estas interacciones se registraron casi en su totalidad entre cotorras y tiuques, con quienes adicionalmente, se observó una proporción similar de encuentros neutros y agonistas. En términos de los órdenes de las aves estudiadas, es posible observar que en el caso de las *Passeriformes* (tordos y zorzales), con excepción de un evento agonista entre tordos y cotorras, todas las interacciones registradas fueron de naturaleza neutra o afiliativa. Por otra parte, en el caso del tiuque un *Falconiforme*, se registraron tanto interacciones neutras como agonistas.

Los resultados observados son concordantes con los detectados por Hernández-Brito y colaboradores (2021) en los que, de un registro de 535 interacciones, obtenidas tanto en su distribución nativa como invasora, entre cotorras argentinas y 19 especies distintas de aves que se aproximaron a una distancia inferior a 15 metros de sus

nidos, solamente un 21,53% resultaron en agresiones, las cuales fueron en su mayoría iniciadas por las cotorras (Hernández-Brito *et al.*, 2021).

Es importante destacar que interacciones de similar naturaleza también han sido detectadas en Santiago entre cotorras argentinas y otras especies de aves, adicionales a las expuestas en este trabajo (Briceño *et al.*, 2019). Al igual que en el caso de las tres especies nativas seleccionadas para este análisis, la mayor parte de las interacciones registradas por Briceño y colaboradores (2019) entre cotorras y otras especies de aves presentes en Santiago, correspondieron a instancias en que se registraron interacciones neutras entre cotorras y otras especies de aves (82 de 106, equivalente a un 77,4%). Estas interacciones fueron principalmente compartidas entre cotorras argentinas y aves pertenecientes al orden *Passeriforme* (11 paserinos *versus* 5 especies de aves pertenecientes a otros órdenes). La paloma doméstica (*Columba livia*) fue la especie que más interacciones neutras registró, con un total de 30 instancias en las que se les observó, junto a cotorras argentinas, compartiendo espacio en el mismo árbol. En lo que se refiere a la detección de interacciones agonistas entre cotorras y otras especies, se detectaron únicamente dos eventos, ambos con peucos (*Parabuteo unicinctus*) (Briceño *et al.*, 2019).

Conjuntamente, también se registraron otras instancias de ocupación de nidos de cotorras argentinas por otras especies de aves; palomas domesticas (*C. livia*) ocupando nidos de cotorras en dos oportunidades, halcón perdiguero (*Falco femoralis*) en una oportunidad, cernícalos en seis oportunidades, chuncho (*Glaucidium nanum*) en una oportunidad, gorriones en seis oportunidades, chercanes (*Troglodytes aedon chilensis*) en dos oportunidades y una tórtola (*Zenaida auriculata*) en una oportunidad. Dos de estas; paloma y gorrión, corresponden también a especies invasoras presentes en Santiago (Briceño *et al.*, 2019).

Estos resultados indican que, además de tiuques, tordos y zorzales, otras especies de aves también pueden ser detectadas en sitios de nidificación de cotorra argentina y que estas logran, en gran parte, convivir pacíficamente con estas aves.

Debe considerarse, sin embargo, la posibilidad de que, pese a que corresponden a la mayoría de las interacciones registradas, la cantidad de encuentros neutros y

afiliativos que realmente ocurren entre cotorras y las aves nativas estudiadas, haya sido subestimada en comparación a la cantidad de encuentros agonistas registrados. Esto podría ocurrir ya que los encuentros agonistas son más fáciles de detectar al momento de hacer las observaciones en terreno. También es importante considerar que la obtención de datos fue realizada durante la época reproductiva de la cotorra. Resultaría por ende interesante determinar si los mismos patrones de comportamiento entre cotorras y otras especies se repiten en otras épocas del año.

De forma general las observaciones hechas en la ciudad de Santiago muestran que, de existir interacciones agonistas, estas ocurrirían principalmente entre cotorras y aves rapaces. Otros órdenes de aves, *Passeriformes* principalmente, serían más propensos a relacionarse de forma pacífica con las cotorras (Briceño *et al.*, 2019). Esta diferencia podría asociarse a que las cotorras argentinas constituyen una posible presa para las aves rapaces, posibilidad que cobra más fuerza al considerar que ya ha sido previamente reportado en Argentina que los tijuques pueden depredar cotorras (Biondi *et al.*, 2005) y que existe un reporte de un ave rapaz, el cernícalo, alimentándose de pichones de cotorra en Santiago (Celis-Diez, 2014).

La actual existencia de interacciones pacíficas entre cotorras y otras aves no debiese sugerir la completa ausencia de encuentros agonistas o eventos de competencia en el pasado. Cerca de 50 años han pasado desde que las cotorras argentinas fueron introducidas al país a comienzos de los años setenta (Iriarte *et al.*, 2005), y por ende, existe la posibilidad de que las interacciones pacíficas observadas hoy en día tengan su origen en un fenómeno de diferenciación de nicho ecológico (Connell, 1980) que llevó a la resolución de eventos de competencia que hayan existido al comienzo del proceso de invasión de este loro. Desafortunadamente esta teoría no resulta sencilla de comprobar. Para comenzar, se requeriría conocer con exactitud el nicho ecológico ocupado por las aves nativas de forma previa a la llegada de las cotorras en los años setenta a modo de compararlo con el ocupado hoy en día. Por otro lado, la tarea de comparar nichos pasados respecto a nichos presentes se complica aún más cuando se considera que, en términos alimenticios, por ejemplo, todas las aves nativas estudiadas son de hábitos generalistas. (Biondi *et al.*, 2013; Borray-Escalante *et al.*, 2020; Bucher

et al., 1991; Canavelli *et al.*, 2013; Cerpa, 2018; Figueroa, 2018; Llanos-Soto *et al.*, 2019; Navarro *et al.*, 1995; Tobar *et al.*, 2014; Venegas, 2018).

Otra forma de estudiar si las cotorras argentinas han generado un impacto en el nicho ecológico ocupado por las especies nativas sería estudiar estos en zonas donde las cotorras aún no se encuentran presentes. Sin embargo, cualquier resultado obtenido de un estudio de esta índole debería considerar los cambios en las condiciones del paisaje que han ocurrido desde los años setenta.

Uno de los factores que probablemente haya contribuido a la resolución de posibles eventos de competencia pasados y propicie interacciones pacíficas entre cotorras argentinas y las aves nativas estudiadas, se relaciona con los hábitos generalistas de estas especies. Por un lado, las cotorras argentinas son capaces de construir sus nidos en una amplia variedad de árboles y poseen una dieta generalista que les permite acceder a distintas fuentes de alimento (Borray-Escalante *et al.*, 2020; Bucher y Aramburú, 2014; Eberhard, 1998; Senar *et al.*, 2019; Sol *et al.*, 1997; South y Pruett-Jones, 2000; Viana *et al.*, 2016). Las aves nativas estudiadas, por su parte, también han sido descritas como especies capaces de utilizar una amplia variedad de ambientes para nidificar y de hábitos tróficos oportunistas y generalistas (Biondi *et al.*, 2013; Cerpa, 2018; Figueroa, 2018; Llanos-Soto *et al.*, 2019; Marín, 2015; Tobar *et al.*, 2014; Venegas, 2018). Estos atributos podrían reducir la necesidad de competir por recursos que pueden ser reemplazados con cierto grado de facilidad. Adicionalmente, como puede ser observado en la Tabla 1, la presencia de sutiles diferencias en términos de las preferencias alimentarias podría favorecer de forma complementaria la convivencia pacífica entre estas aves.

Aún más, este fenómeno podría verse facilitado por el ambiente físico en el que estas especies conviven, vale decir, la ciudad. Un estudio realizado en Texas, Estado Unidos, lugar donde las cotorras también son una especie invasora, determinó que los ambientes urbanos podrían facilitar el establecimiento de estas aves debido, principalmente, a la variedad de estructuras presentes en la ciudad que permiten la construcción de nidos (Johns, 2021). Un segundo trabajo comparó los hábitos alimenticios de las cotorras presentes en la ciudad de Barcelona, parte de la

distribución invasora de la cotorra, durante un periodo de 17 años (2001 a 2017). Los resultados obtenidos permitieron observar que el consumo de alimentos a nivel de suelo y el consumo de alimentos de origen humano por parte de las cotorras aumentaron en un 25% y un 8% respectivamente. Conjuntamente se pudo observar que 52,8% de las especies vegetales consumidas por estas psitácidas no son nativas, resaltando aún más el efecto beneficioso que la actividad humana, directa o indirectamente, ejerce sobre la sobrevivencia de las cotorras (Postigo *et al.*, 2021).

Dentro de este contexto resulta interesante destacar la situación vivida en las pampas argentinas a comienzos del siglo XX, donde los cambios producidos como consecuencia de la actividad humana permitieron la expansión de las cotorras argentinas hacia zonas que previamente no ocupaban. Cambios como la modificación de las praderas de pastos largos a pastos cortos, la introducción de cardo y especies de árboles exóticas y la construcción de asentamientos humanos y líneas férreas que llevaron a la instalación de postes eléctricos permitieron a las cotorras hacer uso de espacios a los que previamente no tenían acceso (Bucher y Aramburú, 2014).

Otro efecto positivo de su establecimiento en ambientes urbanos puede relacionarse con la falta de depredadores en estos ambientes. Como fue mencionado anteriormente, Senar y colaboradores (2019) determinaron que el éxito reproductivo de la cotorra argentina es superior en su distribución invasora (Senar *et al.*, 2019), siendo uno de los posibles motivos especulados por los autores que la sobrevivencia de los polluelos podría ser menor en su rango de distribución nativa, debido a la presencia de depredadores. En lo referido a ambientes invadidos, la falta de una historia evolutiva entre cotorras argentinas y posibles depredadores podría implicar que estos últimos no reconozcan a la cotorra como una posible presa, o una presa valiosa, o que sean menos efectivos a la hora de capturarlas y consumirlas (Alexander *et al.*, 2022; Pintor y Byers, 2015).

Un estudio reciente realizado en Argentina, parte de la distribución nativa de la cotorra, buscó determinar la variación de ensambles de aves en tres ambientes urbanos distintos; parques, calles con árboles y calles sin árboles. Los resultados obtenidos demostraron que la diversidad taxonómica de aves es más alta en parques y que

conjuntamente, fue este tipo de ambiente donde se registró una mayor abundancia de cotorras argentinas. Los parques de Buenos Aires se componen de distintos tipos de vegetación (pasto, arbustos y árboles) y trabajos previos han encontrado una relación positiva entre mayor cobertura vegetal y riqueza de distintas especies de aves (Curzel y Leveau, 2021).

Otro factor importante por considerar es que, si bien tuiques, tordos y zorzales corresponden a especies nativas de Chile, también lo son en parte de la distribución nativa de la cotorra argentina (IUCN, 2016a; IUCN, 2016b; IUCN, 2018). Resulta factible entonces que las cotorras ya estuviesen, en diferentes grados, habituadas a la presencia de estas especies, particularmente en el caso de tuique, que ha sido previamente reportado como un posible depredador de la cotorra (Biondi *et al.*, 2005).

Las interacciones neutras y afiliativas observadas entre cotorras argentinas y las aves estudiadas en este trabajo, podrían deberse a una combinación de los diversos factores ya mencionados. Por una parte, es posible que interacciones agonistas previamente existentes ya se hayan resuelto y por otra, los hábitos generalistas de todas las aves involucradas, sumadas a un posible acostumbamiento previo de las cotorras a estas especies, y a la facilitación de recursos otorgada por los ambientes urbanos en que habitan, permitan la convivencia pacífica registrada.

Con relación a los registros obtenidos de tordos y zorzales utilizando nidos de cotorra argentina, es importante destacar que se desconoce si estas aves comenzaron a hacer uso de los nidos de forma posterior a que fuesen abandonados, o si expulsaron a las cotorras para poder utilizar este recurso. Como fue mencionado anteriormente, este tipo de evento ha sido reportado con anterioridad en la distribución nativa de la cotorra y también a lo largo de la distribución invasora, siendo reconocidas como facilitadoras de nidos para otras especies de aves (De Lucca 1992; Hernández-Brito *et al.*, 2021; Martella y Bucher 1984; Port y Brewer 2004).

La importancia de la ocurrencia de estos eventos a lo largo de la distribución invasora de la cotorra argentina no debe ser subestimada. Al introducir un nuevo recurso de nidificación a los ambientes que invaden, las cotorras podrían estar contribuyendo a

modificar las dinámicas reproductivas y de vida de otras especies de aves, consolidando, de esta forma, su rol como un ingeniero ecosistémico, es decir, una especie capaz de modificar el ambiente en el cual es introducida (Briceño et al., 2019; Hernández-Brito *et al.*, 2021).

Dentro de este mismo contexto, es significativo mencionar que se ha observado que además de ser capaces de compartir cámaras de sus nidos con otras especies de aves, las cotorras son incluso capaces de cooperar con dichas especies para repeler ataques de posibles depredadores y/o competidores (Hernández-Brito *et al.*, 2021).

Se desconoce si este tipo de relación afiliativa estaría ocurriendo en Chile, pero dado que hasta la fecha la experiencia nacional se asemeja considerablemente a lo ocurrido en otros países invadidos por este loro, no sería descabellado pensar que distintas especies de aves obtengan un beneficio, traducido en menores tasas de depredación, al cooperar con cotorras argentinas (Hernández-Brito *et al.*, 2021). A modo de ejemplo podría mencionarse el posible beneficio que otras especies de aves podrían percibir al forrajear junto a grandes bandadas de cotorras. Estas permitirían disminuir la cantidad de tiempo destinada a la búsqueda de depredadores, facilitando de esta forma el forrajeo (Briceño *et al.*, 2019).

Por otro lado, el rol de la cotorra como un ingeniero ecosistémico podría, eventualmente, extenderse más allá de la introducción de nuevo recurso de nidificación y de la posible formación de interacciones afiliativas con otras aves que ayuden a evitar eventos de depredación, e involucrar también el papel de la cotorra argentina como una posible fuente de alimento para aves de presa. Esta posibilidad se vería respaldada por los ya existentes registros de eventos de depredación de cernícalos y peucos hacia pichones de cotorra argentina (Briceño *et al.*, 2019; Celiz-Dies, 2014) y por los ataques de tiuques a cotorras, observados en 12 oportunidades en el presente trabajo.

De forma adicional resulta importante mencionar que la presencia de patógenos como *Cryptosporidium* spp., *Giardia* spp. y el ácaro *Ornithonyssus bursa* ha sido reportada en los mismos ejemplares de cotorras analizados en el presente estudio (Briceño *et al.*, 2021; Sandoval-Rodríguez *et al.*, 2021). La cercanía existente entre cotorras

argentinas y otras especies de aves, el forrajeo comunitario, el uso de nidos de cotorra por parte de otras especies y el consumo de cotorras por parte de depredadores podría llevar a la transmisión de estos y otros patógenos a aves nativas. El uso de nidos de cotorra podría constituir un riesgo preocupante si se considera que *Cryptosporidium* spp. y *Giardia* spp. son transmitidos vía oro fecal, que las cotorras utilizan sus nidos para defecar (Viana *et al.*, 2016), y que estos agentes son capaces de sobrevivir en el ambiente por periodos de tiempo prolongados (Olson *et al.*, 1999).

Considerando que el presente trabajo estuvo enmarcado dentro de un procedimiento de muestreo de pichones de cotorra argentina, la totalidad de las interacciones expuestas en el presente informe fueron registradas en árboles en lo que existían nidos. En lo que se refiere a las especies de árboles en las que se encontraban estos nidos puede observarse una mayor representación de pinos del Paraná y cedros del Líbano, representación que se mantiene al observar las interacciones de cotorras argentinas con otras especies de aves además de las tres analizadas en el presente trabajo, añadiendo únicamente la palmera excelsa como una de las especies arbóreas en las que más interacciones se registraron (Briceño *et al.*, 2019). No resulta factible, sin embargo, concluir únicamente en base a las observaciones hechas en el presente estudio que las cotorras prefieren estos árboles para anidar. Aunque el pino del Paraná ha sido previamente identificado como preferido por las cotorras para la construcción de sus nidos en Chile (Díaz y Armesto, 2003) y el cedro del Líbano sería preferido por las cotorras en Italia (Di Santo *et al.*, 2017), se requieren estudios adicionales para determinar si esta preferencia se debe a características propias de los árboles, a su disponibilidad en los parques y plazas en las cuales fueron realizados los muestreos o a una combinación de estos y otros factores.

Sin embargo, el hecho de que la gran mayoría de los árboles en los que fue posible observar nidos de cotorras correspondiesen a especies exóticas resulta interesante. Como fue mencionado anteriormente, los cambios experimentados por las pampas argentinas como consecuencia de la actividad humana permitieron la expansión de las cotorras hacia estas áreas que previamente no ocupaban. Uno de estos cambios tuvo relación con la introducción de especies de árboles exóticos, que con el pasar de los años, comenzaron a ser preferidos por las cotorras para construir sus nidos. Esta

preferencia llevó a que, hoy en día en Argentina, árboles del género *Eucalyptus* spp. sean los más utilizados para la construcción de nidos, seguidos de pinos del Paraná y diferentes especies de pinos (Bucher y Aramburú, 2014).

Si bien hasta la fecha, las cotorras argentinas se han mantenido confinadas principalmente a zonas urbanas de las Regiones de Copiapó, Valparaíso, Metropolitana y del Biobío (Briceño *et al.*, 2017; Caraboni *et al.*, 2020), no se debe descartar la posibilidad de que eventualmente logren instalarse y prosperar en áreas agrícolas y rurales. Su capacidad para establecer interacciones beneficiosas con otras especies de aves podría constituir un elemento clave en el éxito de esta especie para establecerse en nuevas áreas. Un estudio publicado en 2020 estudió la asociación de nidificación existente entre cotorras argentinas y cigüeñas blancas (*Ciconia ciconia*) en España y como ésta última podría facilitar la transición de esta ave invasora desde áreas urbanas a hábitats rurales. Los investigadores pudieron observar cómo al nidificar en los mismos árboles que las cigüeñas, las cotorras eran capaces de disminuir el riesgo de ser depredadas por otras aves y de esta forma disminuir la resistencia biótica a su avance (Hernández-Brito *et al.*, 2020).

Continuar con el estudio de las implicancias ecológicas de la presencia de las cotorras argentinas como especie invasora y en términos de sus interacciones con otras especies de aves, además de su rol como ingeniero ecosistémico, resulta de gran importancia para evaluar con mayor detalle el impacto causado por esta psitácida invasora en el país. El presente trabajo se enfocó en el posible impacto a tres especies de aves nativas de hábitos tróficos y de nidificación generalistas. Sería entonces necesario abordar esta misma problemática desde el punto de vista de otras especies de aves que expresan nichos ecológicos más acotados. Esto resulta particularmente importante si se considera la posibilidad de que las cotorras expandan su rango de distribución y eventualmente establezcan contacto con especies con las que hasta la fecha no han interactuado.

REFERENCIAS

Alexander ME., Skein L., Robinson TB. Rapid learning in a native predator shifts diet preferences towards invasive prey. *Biol. Lett.* 2022; 18:20210655

Amigo J, Ramírez C. A Bioclimatic Classification of Chile: Woodland Communities in the Temperate Zone. *Plant Ecol.* 1998; 136:9–26

Appelt CW, Ward LC, Bender C, Fasnella J, Vossen BJV, Knight L. Examining Potential Relationships between Exotic Monk Parakeets and Avian Communities in an Urban Environment. *Wilson j. ornithol.* 2016; 128:556–66

Badano EI, Cavieres LA, Molina-Montenegro MA, Quiroz CL. Slope aspect influences plant association patterns in the Mediterranean matorral of central Chile. *J. Arid Environ.* 2005; 62:93–108

Biondi LM, Bó MS, Favero M. Dieta del chimango (*Milvago chimango*) durante el periodo reproductivo en el sudeste de la provincia de Buenos Aires, Argentina. *Ornitol. Neotrop.* 2005; 16:31–42

Biondi LM, Guido J, Madrid E, Bó MS, Vassallo AI. The Effect of Age and Sex on Object Exploration and Manipulative Behavior in a Neotropical Raptor, the Chimango Caracara, *Milvago chimango*. *Ethology.* 2013; 199:221–32

Borray-Escalante NA, Mazzoni D, Ortega-Segalerva A, Arroyo L, Morera-Pujol V, González-Solís J, *et al.* Diet assessments as a tool to control invasive species: Comparison between Monk and Rose-ringed parakeets with stable isotopes. *J. Urban Ecol.* 2020; 6:1–8

Brown ED, Veltman CJ. Ethogram of the Australian Magpie (*Gymnorhina tibicen*) in Comparison to Other Cracticidae and Corvus Species. *Ethology.* 1987; 76:309–33

Bucher EH, Aramburú RM. Land-use changes and monk parakeet expansion in the Pampasgrasslands of Argentina. *J. Biogeogr.* 2014; 41:1160–70

Bucher E, Martin L, Martella M, Navarro J. Social behaviour and population

- dynamics of the Monk Parakeet. Proc. Int. Ornithol. Congr. 1991; 20:681–9
- Burger J, Gochfeld M. Nesting behavior and nest site selection in monk parakeets (*Myiopsittamonachus*) in the Pantanal of Brazil. Acta Ethol. 2005; 8:23–34
- Calzada-Preston CE, Pruett-Jones S. The Number and Distribution of Introduced and Naturalized Parrots. diversity. 2021; 13:412
- Caraboni A, Barrientos C, Fuentes P. Registro de una colonia reproductiva de la cotorra argentina (*Myiopsitta monachus*) en la ciudad de Coronel, Región del Biobío, sur de Chile. Rev. chil. ornitol. 2020; 26:96–100
- Celis-Diez J. Observación de cernícalos (*Falco sparverius*) depredando polluelos de cotorra argentina (*Myiopsitta monachus*) en parques urbanos de Santiago. Bol. Chil. Ornitol. 2014; 20:23–4
- Cerpa P. Zorzal patagónico. Medrano F, Barros R, Norambuena H, Matus R, Schmitt F, editores. Red de Observadores de Aves y Vida Silvestre de Chile (Santiago, Chile): Atlas de las aves nidificantes de Chile, 2018.
- Connell JH. Diversity and the coevolution of competitors, or the ghost of competition past. OIKOS. 1980; 35:131–8
- Curzel FE, Leveau LM. Bird Taxonomic and Functional Diversity in Three Habitats in Buenos Aires City, Argentina. Birds. 2021; 2:217–29
- Davis LR. The monk parakeet: a potential threat to agriculture. Proceedings of the 6th Vertebrate Pest Conference. 1974; 7
- Diaz I, Armesto JJ. La conservación de las aves silvestres en ambientes urbanos de Santiago. Revista Ambiente y Desarrollo de CIPMA. 2003; XIX:31-8
- De Azevedo CS, Rodrigues LSF, Fontenelle JCR. Important tools for Amazon Parrotreintroduction programs. Rev. Bras. Ornitol. 2017; 25:1–11
- De Lucca ER. Nidificación del Halconcito Colorado (*Falco sparverius*) en nidos de Cotorra (*Myiopsitta monachus*). Hornero. 1992; 13:238–40

Di Santo M, Battisti C, Bologna MA. Interspecific interactions in nesting and feeding urban sites among introduced Monk Parakeet (*Myiopsitta monachus*) and syntopic bird species. *Ethol. Ecol. Evol.* 2016; 29:138–48

Di Santo M, Bologna MA, Battisti C. Nest tree selection in a crowded introduced population of Monk Parakeet (*Myiopsitta monachus*) in Rome (central Italy): evidence for selectivity. *Zool Ecol.* 2017; 27:196–201

Eberhard, J. Breeding biology of the monk parakeet. *Wilson Bull.* 1998; 110:463–73

Edelaar P, Roques S, Hobson EA, Gonçalves Da Silva A, Avery ML, Russello MA, et al. Shared genetic diversity across the global invasive range of the monk parakeet suggests a common restricted geographic origin and the possibility of convergent selection. *Mol Ecol.* 2015; 24: 2164–76

Figuerola R, Tiuque. Medrano F, Barros R, Norambuena H, Matus R, Schmitt F, editores. *Red de Observadores de Aves y Vida Silvestre de Chile (Santiago, Chile): Atlas de las aves nidificantes de Chile, 2018.*

GISD. Species profile: *Myiopsitta Monachus*. Global Invasive Species Database [Internet]. 2015. Disponible en: <http://www.iucngisd.org/gisd/speciesname/Myiopsitta+monachus> [citado en Julio 2020]

Hernández-Brito D, Blanco G, Tella JL, Carrete M. A protective nesting association with native species counteracts biotic resistance for the spread of an invasive parakeet from urban into rural habitats. *Frontiers in Zoology.* *Front. Zool.* 2020; 17:13

Hernández-Brito D, Carrete M, Blanco G, Romero-Vidal P, Senar JC, Mori, E, et al. The Role of Monk Parakeets as Nest-Site Facilitators in Their Native and Invaded Areas. *biology.* 2021; 10:683

INE. Censo de población y vivienda de Chile año 2017. INE [Internet]. 2017. Disponible en:<http://resultados.censo2017.cl/> [citado en Octubre 2019]

IUCN. Chimango caracara. The IUCN Red List of Threatened Species [Internet]. 2018a. Disponible en: <https://www.iucnredlist.org/species/22696264/132066597> [citado en Febrero2022]

IUCN. *Curaeus curaeus*. The IUCN Red List of Threatened Species [Internet]. 2016a. Disponible en: <https://www.iucnredlist.org/species/22724271/94857354> [citado en Febrero 2022]

IUCN. *Myiopsitta monachus*. The IUCN Red List of Threatened Species [Internet]. 2018b. Disponible en: <https://www.iucnredlist.org/species/45427277/132189848> [citado en Febrero2022]

IUCN. *Turdus falcklandii*. The IUCN Red List of Threatened Species [Internet]. 2016b. Disponible en: <https://www.iucnredlist.org/species/22708885/94182477> [citado en Febrero 2022]

Jaksic F, Castro S, Editores. Invasiones Biológicas en Chile: Causas globales e impactos locales. Santiago, Chile: Ediciones UC, 2014

Jaramillo A, Burke P, Beadle D, editores. Aves de Chile. Barcelona, España: Lynx Edicions,2014.

Kolar C, Lodge D. Progress in invasion biology: predicting invaders. Trends Ecol. Evol. 2001; 16:199–204

Llanos-Soto S, Córdoba M, Moreno L, Kinsella Jm, Mironov S, Cicchino A, *et al.* External and intestinal parasites of the Austral thrush *Turdus falcklandii* (Ave, Turdidae) in central Chile. Braz. J. Vet. Parasitol. 2019; 28:432–42

Mack R, Simberloff D, Lonsdale W, Evans H, Clout M, Bazzaz F. Biotic invasions, causes, epidemiology, global consequences, and control. *Ecol Appl.* 2000; 10:689–710

Marín, M. Biología reproductiva e historia natural del zorzal (*Turdus falcklandii*) en Chile central. *Bol. Mus. Nac. Hist. Nat.* 2015; 62:121–32

Martella MB, Bucher EH. Nesting of the Spot-winged Falconet in Monk Parakeet nests. *Auk.* 1984; 101:614–5

McGarry J. A proposal for a standard ethogram, exemplified by an ethogram of the bluebreasted quail (*Coturnix chinensis*). *Ethology.* 1984; 64:193–220

Mena M, Valdebenito JO, Moreno L, Fuentes-Castillo D, Kinsella JM, Mironov S, *et al.* Parasites of the Shiny Cowbird, *Molothrus bonariensis*, and the Austral Blackbird, *Curaeus curaeus*, (Passeriformes: Icteridae) in Chile. *Braz J Vet Parasitol.* 2020; 29:e021819.

Morales M, Gigena DJ, Benitez-Vieyra SM, Valdez DJ. Subtle sexual plumage color dimorphism and size dimorphism in a South American colonial breeder, the Monk Parakeet (*Myiopsitta monachus*). *Avian Res.* 2020; 11:18

Myers N, Mittermeier RA, Mittermeier CG, Da Fonseca GAB, Kent J. Biodiversity hotspots for conservation priorities. *Nature.* 2000; 403:853–8

Navarro JL, Martella MB, Bucher EH. Effects of laying date, clutch size, and communal nest size on the reproductive success of Monk Parakeets. *Wilson Bull.* 1995; 107:742–6

Olson ME, Goh J, Phillips M, Guselle N, Mcallister TA. Giardia Cyst and Cryptosporidium Oocyst Survival in Water, Soil, and Cattle Feces. *J. Environ. Qual.* 1999; 28:1991–6

Pintor LM, Byers JE. Do native predators benefit from non-native prey? *Ecol. Lett.*

2015; 18:1174–80

Port JL, Brewer GL. Use of Monk parakeet (*Myiopsitta monachus*) nests by Speckled teal (*Anas Flavirostris*) in eastern Argentina. *Ornitol. Neotrop.* 2004; 15:209–18

Postigo JL.; Carillo-Ortiz, J.; Domènech, X.T.; Arroyo, L.; Senar, J.C. Dietary plasticity in an invasive species and implications for management: the case of the monk parakeet in a Mediterranean city. *Animal Biodiversity and Conservation.* 2021; 44: 185–94

Rizzo R, Martínez D, Willson MF, Sabag C. Avifauna de los bosques templados de Sudamérica. Armesto JJ, Villagrán C, Kalin Arroyo M, editores. Editorial Universitaria (Santiago, Chile): *Ecología de los bosques nativos de Chile.* 1996.

Rodríguez-Pastor R, Senar JC, Ortega A, Faus J, Uribe F, Montalvo T. Distribution patterns of invasive Monk Parakeets (*Myiopsitta monachus*) in an urban habitat. *Anim. Biodivers. Conserv.* 2012; 35:107–17

San Martín J, Brevis C, Rubilar L, Krone O, González-Acuña D. Parasitismo gastrointestinal en tijuque común *Milvago chimango chimango* (VIEILLOT, 1816) (Falconidae, Aves) en Ñuble, Chile. *Parasitol Latinoam.* 2006; 61:63–8

Senar JC, Carrillo-Ortiz JG, Ortega-Segalerva A, Dawson Pell FSE, Pascual J. The reproductive capacity of Monk Parakeets *Myiopsitta monachus* is higher in their invasive range. *Bird Study.* 2019; 66:136–40

Sarasola JH, Negro JJ, Bechard MJ, Lanusse A. Not as similar as thought: sexual dichromatism in Chimango Caracaras is expressed in the exposed skin but not in the plumage. *J Ornithol.* 2011; 152:473–9

Schulz JJ, Cayuela L, Echeverria C, Salas J, Rey Benayas JM. Monitoring land cover change of the dryland forest landscape of Central Chile (1975–2008). *Appl. Geogr.* 2010; 30: 436– 47

Strubbe D, Matthysen E. Establishment success of invasive ring-necked and Monk

- Parakeets in Europe. *J. Biogeogr.* 2009; 36: 2264–78
- Silva Lovera CA. Urban sprawl and infrastructural lands: Revamping internal spaces in Santiago de Chile. *Geoforum.* 2015; 67:36–40
- Sol D, Santos DM, Feria E, Clavell J. Habitat selection by the Monk Parakeet during colonization of new area in Spain. *Condor.* 1997; 99:39–46
- South J, Pruett-Jones S. Patterns of Flock Size, Diet, and Vigilance of Naturalized Monk Parakeets in Hyde Park, Chicago. *Condor.* 2000; 102: 848–54
- Tobar C, Rau J, Santibáñez A, Arriagada A, Sade S, Araneda R, *et al.* Dieta del tiuque (*Milvago chimango*) en agrosistemas de la ciudad de Osorno, sur de Chile. *Boletín Chileno de Ornitología.* 2014; 20:13–16
- Venegas A, Tordo. Medrano F, Barros R, Norambuena H, Matus R, Schmitt F, editores. *Redde Observadores de Aves y Vida Silvestre de Chile (Santiago, Chile): Atlas de las aves nidificantes de Chile, 2018.*
- Viana IR, Strubbe D, Zocche JJ. Monk parakeet invasion success: a role for nest thermoregulation and bactericidal potential of plant nest material? *Biol Invasions.* 2016; 18:1305–15
- Vogiatzakis IN, Mannion AM, Griffiths GH. Mediterranean ecosystems: Problems and tools for conservation. *Prog. Phys. Geogr.* 2006; 30:175–200
- Wagner N. Occupation of Monk Parakeet (*Myiopsitta monachus*) nest cavities by House Sparrows (*Passer domesticus*) in Rio Grande do Sul, Brazil. *Boletín SAO.* 2012; 20:72–8

**ESTUDIO DE LA ESTRUCTURA GENÉTICA DE COTORRAS
ARGENTINAS (*Myiopsitta monachus*) INVASORAS DE VIDA LIBRE EN
SANTIAGO, CHILE.**

INTRODUCCIÓN

Las invasiones biológicas son reconocidas como una de las principales amenazas para la conservación de la biodiversidad a causa de efectos negativos que incluyen; la reestructuración de la biota, homogenización biótica, modificación de estructura y funcionamiento de ecosistemas, establecimiento de relaciones de competencia interespecífica, depredación de especies nativas, introducción de nuevos patógenos, hibridación con especies nativas, entre otros (Appelt *et al.*, 2016; Iriarte *et al.*, 2005; Jaksic y Castro, 2014; Wilcove *et al.*, 1998).

Por esto, comprender el proceso de invasión de una especie es de gran importancia para, eventualmente, establecer medidas de manejo, mitigar impactos y predecir posibles futuros rangos de expansión (Dawson Pell *et al.*, 2021). Dentro de este contexto, la caracterización genética de poblaciones invasoras puede aportar información valiosa respecto a su lugar de origen y eventos de introducción, así como también proporcionar conocimiento con relación a distintos aspectos de vida de la especie que podrían contribuir a su éxito o fracaso como invasora (Edelaar *et al.*, 2015).

La cotorra argentina es una especie de ave de la familia de las psitácidas nativa de Paraguay, Uruguay, Bolivia, el sur de Brasil y los sectores norte y central de Argentina. Se caracteriza por ser una especie invasora altamente exitosa que gracias al comercio internacional de mascotas se ha naturalizado en 26 países alrededor del mundo, incluyendo Chile (Calzada- Preston y Pruett-Jones, 2021; Eberhard, 1998; Edelaar *et al.*, 2015; GISD, 2015; Iriarte *et al.*, 2005; South y Pruett-Jones 2000).

Los estudios genéticos realizados en poblaciones tanto invasoras como nativas de cotorras argentinas se han enfocado, hasta la fecha, en la utilización de principalmente microsatélites con el objetivo de estudiar distintos aspectos

asociados a la historia de vida y características de la invasión de esta ave (Bucher *et al.*, 2016; Dawson Pell *et al.*, 2020; Dawson Pell *et al.*, 2021; Edelaar *et al.*, 2015; Gonçalvez da Silva *et al.*, 2010; Martínez *et al.*, 2013; Martínez *et al.*, 2018; Russello *et al.*, 2007; Russello *et al.* 2008).

Bucher y colaboradores, por ejemplo, analizaron el nivel de parentesco existente entre tríos de cotorras, así como el grado de endogamia presente en colonias de cotorras en la provincia de Córdoba, Argentina (Bucher *et al.*, 2016). Los trabajos de Martínez y colaboradores, por su parte, detectaron evidencia de comportamiento polígamo por parte de las cotorras, así como parasitismo de nidada y estudiaron la heredabilidad de distintos rasgos biológicos (Martínez *et al.*, 2013; Martínez *et al.*, 2018).

A través de la caracterización de poblaciones invasoras de cotorras argentinas y estudiando su proceso de invasión en varios países, se determinó el origen geográfico de poblaciones invasoras en distintas ciudades de Estados Unidos. Así, se determinó que tres haplotipos recuperados de 64 individuos fueron idénticos a haplotipos detectados en la distribución nativa de la cotorra argentina, específicamente en cotorras muestreadas en Entre Ríos (Argentina), Rio Grande do Sul (Brasil), Soriano (Uruguay) y diversas localidades del norte y centro de Argentina (Russello *et al.* 2008).

Por otra parte, Gonçalvez da Silva y colaboradores (2010) analizaron cotorras nativas provenientes de la provincia de Entre Ríos en Argentina y de su distribución invasora en Florida y Connecticut en Estados Unidos. Los resultados que obtuvieron indicaron poca pérdida de diversidad genética entre los sitios invadidos respecto al nativo, la existencia de monogamia sexual entre las cotorras y adicionalmente, la posibilidad de dispersión a larga distancia en Estados Unidos. De forma general, los autores concluyen que una alta presión de propágulos ha contribuido al éxito de la invasión de la cotorra argentina en dicho país (Gonçalvez da Silva *et al.*, 2010).

Más recientemente, Edelaar y colaboradores (2015) estudiaron la diversidad genética y el posible origen de distintas poblaciones invasoras de cotorras localizadas en

distintos países del mundo encontrando que todas las poblaciones invasoras analizadas provendrían de una misma fuente localizada en Uruguay. Pese a esto, la diversidad genética varió entre las poblaciones invasoras y fue, de forma general, más baja que en la distribución nativa de las cotorras (Edelaar *et al.*, 2015).

Finalmente, un nuevo trabajo enfocado en el estudio de la estructura poblacional a pequeña escala y grado de parentesco entre cotorras pertenecientes a mismas colonias de Barcelona (España) reveló un alto grado de estructuración entre las poblaciones analizadas. También encontraron altos niveles de parentesco entre cotorras que comparten nidos (Dawson Pell *et al.*, 2021).

La cotorra argentina comenzó a invadir la ciudad de Santiago en 1972, cuando un grupo de individuos fue liberado en el sector nororiente de la ciudad (Iriarte *et al.*, 2005). Desde ese momento, comenzaron a extenderse por el resto del territorio siendo hoy en día posible observar colonias reproductivas de cotorras en diversos puntos de la capital. Su presencia también ha sido reportada en las Regiones de Copiapó, Valparaíso, del Biobío y en Puerto Montt (Caraboni *et al.*, 2020; Iriarte *et al.*, 2005). La importación de cotorras continuó siendo legal hasta el año 1997, momento en que su ingreso fue prohibido, luego de ser declaradas especie dañina por el Servicio Agrícola y Ganadero (Iriarte *et al.*, 2005).

Hasta la fecha, el estudio de la invasión de cotorras argentinas en Chile se ha enfocado en la caracterización de este proceso mediante la determinación del estado sanitario de las cotorras presentes en la ciudad de Santiago (Briceño *et al.*, 2017; Briceño *et al.*, 2021; Sandoval- Rodríguez *et al.*, 2021) o a través del estudio de las interacciones que las cotorras argentinas establecen con otras especies de aves (Briceño *et al.*, 2019; Celiz-Dies, 2014). Aspectos genéticos de las cotorras presentes en la ciudad permanecen, por ende, desconocidos.

La distribución y frecuencia de alelos y genotipos dentro y entre poblaciones, vale decir, su estructura genética, corresponde a un atributo de interés para estudiar en poblaciones invasoras. La estructura genética puede tener consecuencias a distintas escalas, influenciando aspectos, tanto ecológicos como evolutivos y pudiendo llegar incluso a influenciar el comportamiento de las especies (Dawson Pell *et al.*, 2021).

Considerando que el proceso de invasión de la cotorra argentina en Chile se asemeja a lo transcurrido en otros países, donde de forma similar es posible observar poblaciones principalmente urbanas originadas desde pocos eventos de liberación (Edelaar *et al.*, 2015; Iriarte *et al.*, 2005), sería posible esperar entonces, que las cotorras presentes en la ciudad de Santiago presenten un bajo nivel de estructuración poblacional.

Los microsatélites han sido hasta ahora la técnica más utilizada para el estudio de poblaciones de cotorras argentinas, tanto en su distribución nativa como invasora (Bucher *et al.*, 2016; Dawson Pell *et al.*, 2020; Dawson Pell *et al.*, 2021; Edelaar *et al.*, 2015; Gonçalves da Silva *et al.*, 2010; Martínez *et al.*, 2013; Martínez *et al.*, 2018; Russello *et al.*, 2007; Russello *et al.* 2008). Si bien la rápida tasa de mutación y alto polimorfismo de los microsatélites ofrece ventajas al estudiar la estructura y diversidad genética de poblaciones, la técnica también acarrea limitaciones. Además de requerir información previa respecto a la estructura genética de la especie objetivo, eventos tales como fallas durante el proceso de amplificación, homoplasia, la presencia de alelos nulos o una cantidad insuficiente de loci polimórficos en la especie en estudio, pueden limitar el poder de resolución del análisis (Janjua *et al.*, 2020; Lemopoulos *et al.*, 2019). De esta forma, en investigaciones que buscan analizar la estructura o diversidad genética de una población altamente emparentada la cantidad de loci detectados mediante microsatélites podría no ser suficiente para realizar un análisis adecuado (Bohling *et al.*, 2019; Lemopoulos *et al.*, 2019; Luikart *et al.*, 1998).

Dentro de este contexto, la técnica de “Restriction site-associated DNA sequencing” (RADSeq) y particularmente su variación, “Double digest restriction associated DNA sequencing” (ddRADSeq), emergen como alternativas que ofrecen soluciones a las restricciones de la técnica de microsatélites. RADSeq es una técnica de secuenciación genética que permite la identificación de polimorfismos de un solo nucleótido (SNPs) en distintos sitios de la cadena de DNA sin la necesidad de secuenciar el genoma completo (Davey *et al.*, 2011). La adición de una segunda endonucleasa de restricción al proceso de secuenciación implementada por ddRADseq permite la obtención de fragmentos de un tamaño específico (Peterson *et al.*, 2012), esto permite

reducir la profundidad de secuenciación necesaria para alcanzar una cobertura óptima y disminuye el porcentaje de datos faltantes (Aguirre *et al.*, 2019).

A diferencia de los microsatélites, esta metodología permite trabajar con especies para las que no existe ninguna información genética previa, aumentando considerablemente el número de loci analizados. Esto crea una ventaja en términos del poder de resolución del análisis lo que permite realizar inferencias más confiables respecto a diversidad y estructuración genética en poblaciones altamente emparentadas, como en casos de muestras con un bajo número de individuos (Lemopoulos *et al.*, 2019; Peterson *et al.*, 2012). También se ha demostrado también que los SNPs obtenidos mediante RADSeq producen estimaciones más precisas del nivel de parentesco que los microsatélites en algunas especies de aves (Thrasher *et al.*, 2018).

Diversos estudios han comparado inferencias obtenidas mediante microsatélites y RADseq utilizando como base las mismas muestras. De forma general, los autores concluyen que RADseq detecta patrones de estructuración genética de forma más consistente, clara y nítida que los microsatélites, lo que permite realizar estudios a una escala más fina (Bohling *et al.*, 2019; Bradbury *et al.*, 2015; Jeffries *et al.*, 2016; Lemopoulos *et al.*, 2019; Sunde *et al.*, 2020).

Dado que estudiar las características genéticas de especies invasoras permite alcanzar un mayor entendimiento de los procesos de invasión y eventualmente contribuir al planteamiento de medidas de manejo (Dawson Pell *et al.*, 2021), el presente trabajo tuvo como objetivo estudiar los niveles de estructuración poblacional de cotorras argentinas presentes en la ciudad de Santiago mediante el uso de la técnica ddRADseq, una técnica de secuenciación de última generación.

METODOLOGÍA

1.- Muestreo y obtención de material genético

Durante los meses de noviembre y diciembre de los años 2017 y 2018 se capturaron un total de 213 pichones de cotorra argentina. La captura fue realizada mediante el

uso de una plataforma articulada para trabajo en altura que permitió la extracción manual de pichones directamente desde el nido. Cada uno de los pichones pertenecía a un nido de un árbol distinto. Así, cada pichón corresponde a una única muestra de una colonia perteneciente a un árbol en particular. Cada pichón fue depositado dentro de una caja debidamente rotulada para su posterior traslado al Laboratorio de Patología Aviar de la Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias de la Universidad de Chile. El muestreo se realizó en distintas comunas de la ciudad de Santiago.

Las comunas muestreadas fueron agrupadas según su sector de procedencia dentro de la ciudad, dividiéndose así en siete sectores los cuales pueden se listan en la Tabla 2 y pueden ser observados en la Figura 7.

Tabla 2. Agrupación de comunas de acuerdo con su orientación geográfica.

Norte	Recoleta, Conchalí, Independencia, Huechuraba
Nororiente	La Reina, Las Condes, Providencia
Norponiente	Renca
Oriente	Peñalolén
Centro	Santiago
Suroriente	Pirque, Macul, La Florida, Puente Alto
Sur	San Bernardo, La Pintana, La Cisterna

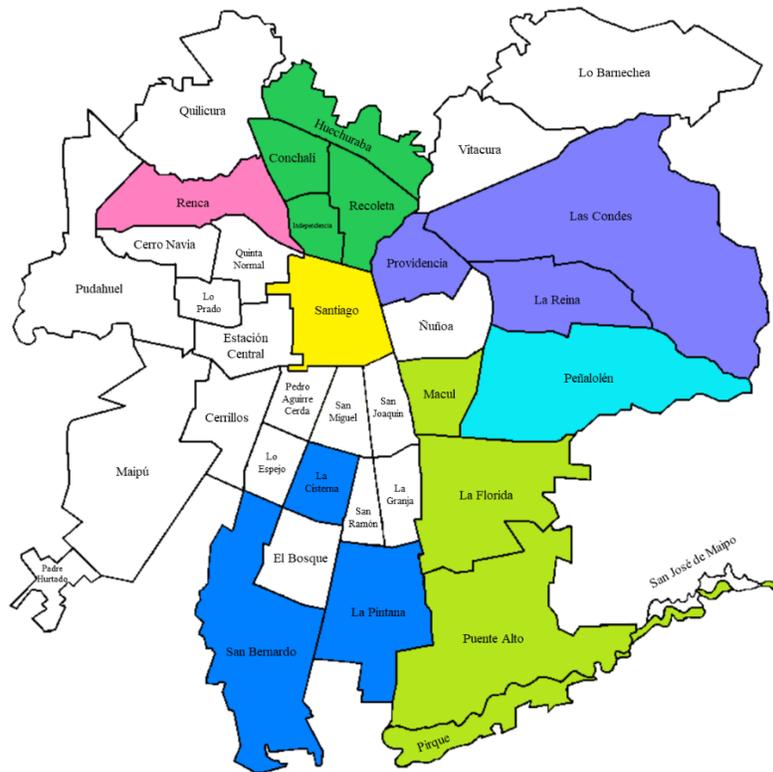


Figura 7: Agrupación de comunas de acuerdo a sector muestreado.

Sector norte (■); Sector nororiental (■); Sector norponiente (■); Sector centro (■); Sector oriente (■); Sector suroriental (■); Sector sur (■).

La obtención de material genético se realizó a partir de muestras de músculo pectoral. Se realizó extracción de DNA utilizando el KIT comercial NucleoSpin® tissue DNA (Macherey-Nagel Ltd., Düren, Alemania) siguiendo instrucciones del fabricante. Posteriormente, se prepararon 10 µl de cada muestra a una concentración de 20 nm/µl las cuales fueron depositadas en placas de PCR para su posterior envío a “Genome Québec” (Québec, Canadá) para ser secuenciadas utilizando la metodología Illumina.

En preparación al proceso de secuenciación, el DNA genómico obtenido desde las muestras fue digerido utilizando dos enzimas de restricción, PstI (reconoce la secuencia 5'-CTGCAG) y MspI (reconoce la secuencia 5'-CCGG). Esta digestión fue realizada incubando además un adaptador específico para cada enzima de restricción. Posteriormente, los fragmentos de DNA se unieron mediante un mix de ligación.

Los fragmentos de DNA obtenidos fueron amplificados y la calidad del producto

final fue evaluada en un gel de agarosa. Las librerías resultantes fueron secuenciadas en una plataforma Illumina HiSeq 4000.

2.- Identificación de SNPs

Luego del proceso de secuenciación, se realizaron análisis de lecturas de secuencia sin procesar de las librerías ddRAD, utilizando el programa Stacks v 1.41 (Catchen *et al.*, 2013). Estos análisis fueron desarrollados específicamente para procesar información de secuencias cortas generadas a partir de tecnologías de secuenciación de nueva generación (Davey *et al.* 2011). Las librerías fueron demultiplexadas, eliminando lecturas asociadas a barcodes ambiguos, se filtraron a un valor de calidad igual a 20 y se recortaron a 90 pb, mediante el comando “*process_radtags*”. Posteriormente, las secuencias fueron apiladas de acuerdo con su similitud mediante el comando “*ustacks*”, con una profundidad de lecturas de al menos tres, para generar cada locus. Posteriormente, se generó un catálogo de loci identificados en los individuos de los distintos sectores de muestreo, utilizando el comando “*cstacks*”. Para esto, el número máximo de discrepancias permitidas al compilar el catálogo fue de 2 (-n 2). Las secuencias apiladas procesadas por “*ustacks*” fueron alineadas con los loci contenidos en el catálogo, mediante el comando “*sstacks*”. Finalmente, el comando “*populations*” fue utilizado para filtrar el conjunto de datos con la finalidad de contener SNPs que se encuentren en al menos el 75% de los individuos. Los resultados obtenidos mediante Stacks fueron transformados a formato VCF para posteriormente ser filtrados mediante el software VCFtools, versión 0.1.11 (Danecek *et al.*, 2011). De esta manera, los SNPs con un minor allele frequency ≤ 0.05 , SNP call rate ≤ 0.5 e individual call rate ≤ 0.5 fueron excluidos de los análisis posteriores.

3.- Análisis de diferenciación genética

Se calcularon las distancias genéticas utilizando el índice de fijación de Wright (FST). La significancia de las comparaciones de los valores de FST fue evaluada utilizando 10.000 permutaciones mediante el paquete de R “StAMPP” (Pembleton *et al.*, 2013).

4.- Estructuración poblacional

Para investigar la estructura genética entre individuos de distintos sectores de la Región Metropolitana, se realizó un análisis de componentes principales mediante PLINK versión

1.09 (Purcell *et al.*, 2007), considerando la agrupación de las muestras como se lista en la Tabla 2. La visualización de los dos primeros componentes fue ploteada utilizando el paquete de R “ggplot2” (Wickham, 2016). Adicionalmente, se realizó un modelamiento bayesiano jerárquico implementado en el software STRUCTURE, utilizando 20.000 iteraciones *burn-in* y de un total de 50.000 iteraciones. Este análisis fue realizado en triplicado. Posteriormente, se calculó la probabilidad *a posteriori* de cada valor de K según lo descrito por Pritchard y colaboradores (2000), asumiendo un *priori* de entre 1 y 10 K .

RESULTADOS

1.- Muestreo

De los 213 pichones de cotorra argentina capturados y pertenecientes a distintos árboles, 204 poseían una cantidad de músculo pectoral suficiente para realizar el proceso de extracción de DNA.

2.- Detección de SNPs

Los resultados obtenidos luego del proceso de secuenciación permitieron la identificación de 102.834 loci. Luego de aplicar el filtro de “minor allele frequency” (MAF) con un valor de 0,05 se retuvieron un total de 79.334 SNPs. Luego, estos fueron filtrados utilizando el filtro SNP call rate y utilizando un valor de 0,05, reteniendo de esta forma, la cantidad final de 3.195 SNPs. Finalmente, se aplicó el filtro individual call rate bajo un valor de 0,5, lo que finalmente permitió la retención de 148 individuos.

3.- Análisis de diferenciación genética

De forma general casi todos los índices de F_{ST} calculados se aproximan a un valor de cero, observándose valores levemente superiores cuando el sector norte está incluido

(Figura 8). Estos resultados revelan la existencia de leves diferencias entre el sector norte y el resto de los sectores muestreados. Así, los valores más altos pueden observarse al comparar a dicho sector con los sectores oriente y sur, alcanzando para ambos un valor de 0,02.

Por otro lado, es posible observar que, con excepción de la comparación con el sector norte, el sector sur presenta valores iguales a cero, al ser comparado con el resto de los sectores.

Al repetir el análisis excluyendo al sector norte, los valores de FST se mantienen iguales para todas las comparaciones realizadas.

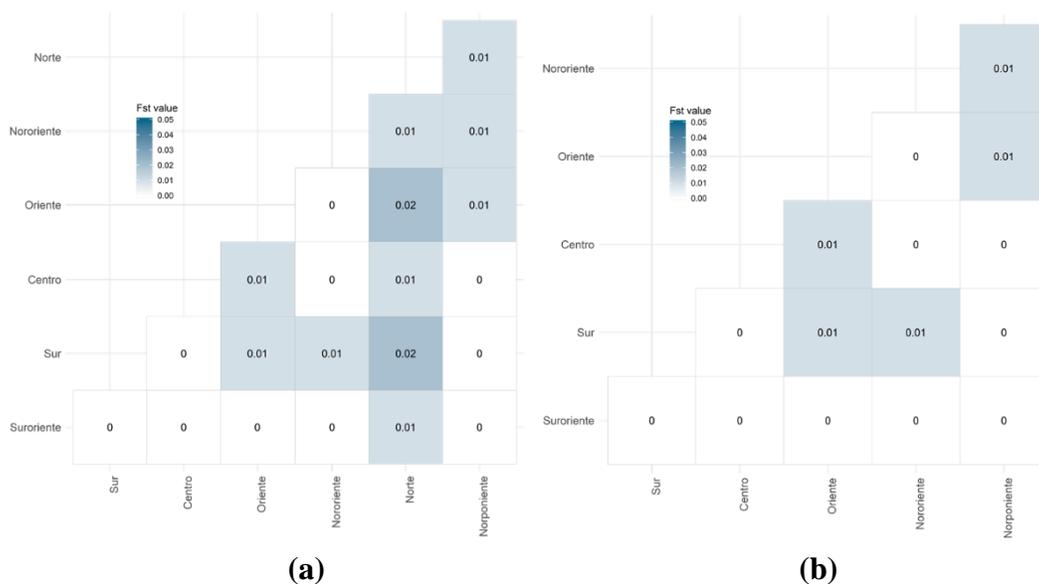


Figura 8. Valores de FST calculados entre las distintas zonas geográficas. (a) corresponde a cálculos de FST que incluyen el sector norte; (b) corresponde a cálculos que no incluyen al sector norte de Santiago.

4.- Estructuración poblacional

Los resultados obtenidos para el análisis de componentes principales revelan diferencias entre el sector norte versus el resto de los sectores de la ciudad, cuando el

sector norte es incluido en el análisis (Figura 9). Al realizar el mismo análisis sin incluir el sector norte, no se perciben mayores diferencias entre los sectores estudiados. Cabe destacar que los valores de PC1 y PC2 para el análisis que incluyó al sector norte fueron de 3,1% y 2,3% respectivamente, mientras que para el análisis que no incluyó al sector norte fueron de 3,0% para PC1 y 2,0% para PC2.

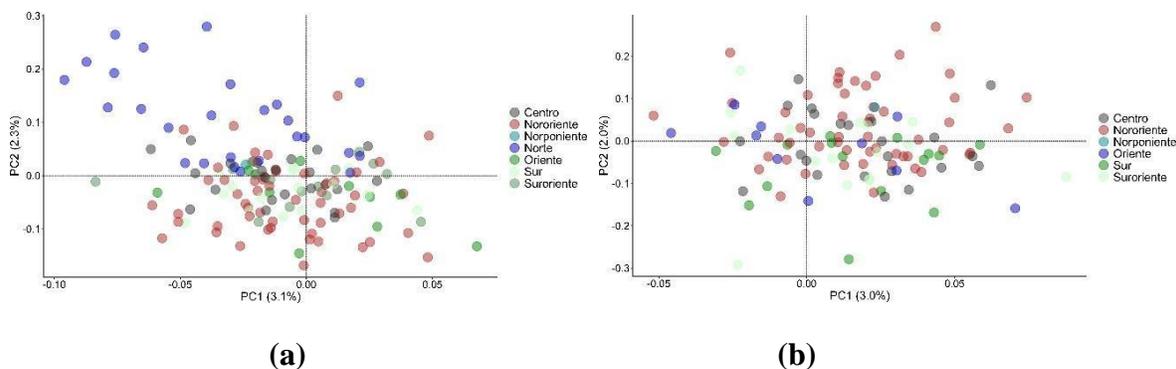
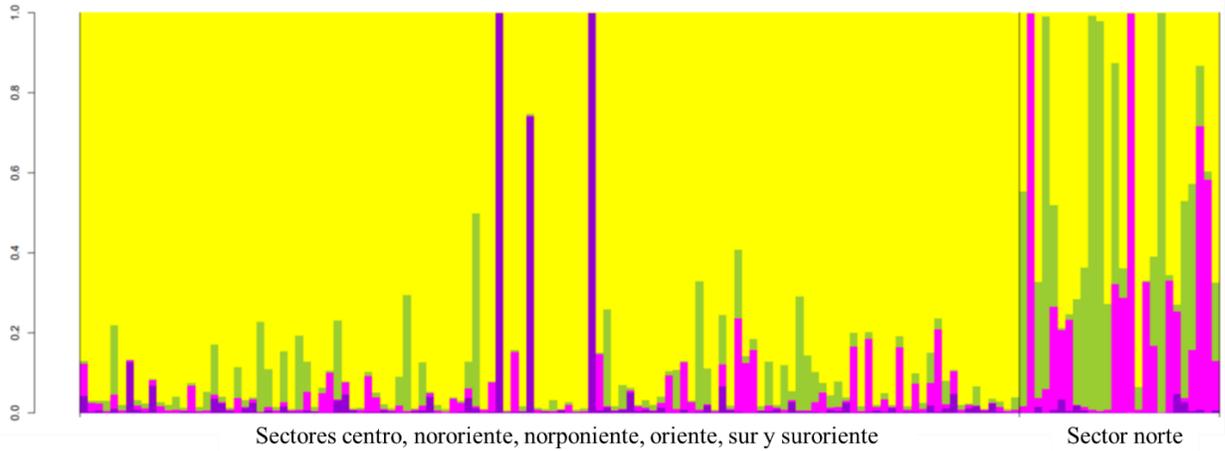
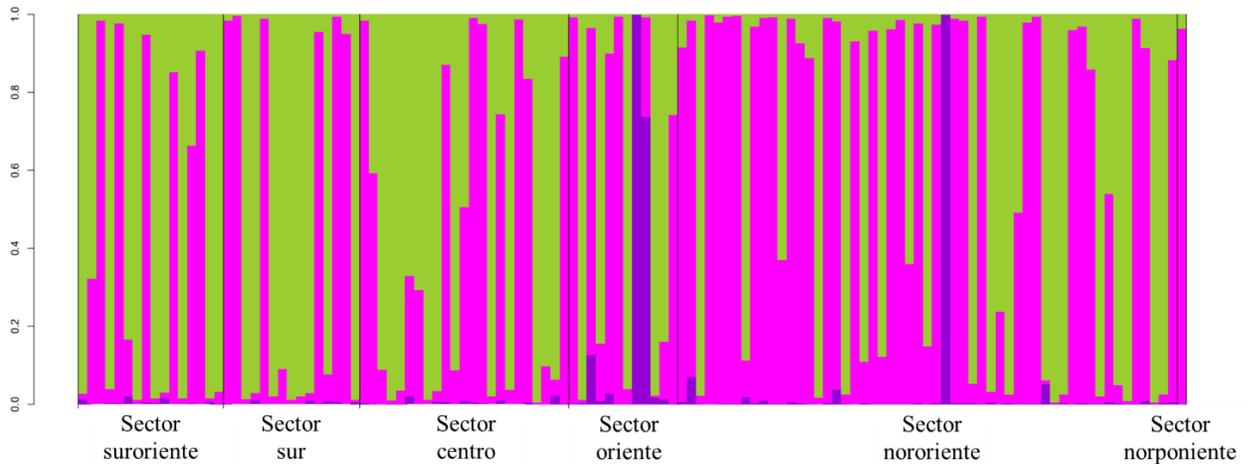


Figura 9. Resultados obtenidos para el análisis de componentes principales. (a) corresponde a los resultados obtenidos que incluyen al sector norte; (b) corresponde a los resultados que no incluyen al sector norte de Santiago.

De forma similar, los resultados obtenidos para el análisis de STRUCTURE revelaron diferencias entre el sector norte versus el resto de los sectores. Nuevamente, estas diferencias no se detectan al repetir el análisis sin considerar el sector norte de Santiago (Figura 10). Para el análisis que incluyó al sector norte, los sectores fueron divididos en dos, el sector norte y una combinación de los sectores centro, nororiente, norponiente, oriente, sur y suroriente. De esta forma, se obtuvo un valor más probable de $K = 4$. En el caso del análisis que no incluyó al norte, los sectores centro, nororiente, norponiente, oriente, sur y suroriente fueron agregados por separado obteniéndose un valor más probable de $K = 3$. En ambos análisis, fue posible detectar tres muestras que destacaron por su diferencia respecto al resto, estas fueron individualizadas y corresponden a dos muestras de cotorras provenientes de la comuna de Peñalolén (PEÑ-002 y PEÑ-013) y a una cotorra capturada en la comuna de Providencia (PRO-002).



(a)



(b)

Figura 10. Resultados obtenidos para el análisis de estructuración poblacional de cotorra argentina invasora y realizado con STRUCTURE; (a) corresponde a los resultados obtenidos que incluyen al sector norte (b) corresponde a los resultados que no incluyen al sector norte de Santiago.

DISCUSIÓN

Pocos estudios se han realizado en el país con el objetivo de caracterizar la invasión de las cotorras argentinas o para evaluar el alcance del impacto generado por esta ave invasora. Los trabajos publicados hasta la fecha se han enfocado en la descripción de las interacciones establecidas por cotorras y otras especies de aves y en pesquisas

sanitarias que han buscado determinar la existencia de agentes patógenos en estas psitácidas (Briceño *et al.*, 2017; Briceño *et al.*, 2019; Briceño *et al.*, 2021; Celis-Diez, 2014; Sandoval-Rodríguez *et al.*, 2021). La caracterización genética de las cotorras argentinas presentes en el territorio nacional ha sido, hasta ahora, un área de estudio desatendida. Considerando que los estudios genéticos pueden ayudar a comprender de mejor forma los procesos de invasión, el presente capítulo buscó examinar los niveles de estructuración genética de cotorras argentinas presentes en la Región Metropolitana mediante el uso de una técnica de última generación, no utilizada hasta la fecha en esta especie.

Estudios genéticos previos realizados en cotorras argentinas, que utilizaron la técnica de microsatélites, tuvieron que basar su análisis en la cantidad de microsatélites descritos para la especie. De esta forma trabajos enfocados en estudiar las características genéticas de poblaciones invasoras de cotorras argentinas han utilizado desde 7 a 21 loci microsatélites (Edelaar *et al.*, 2015; Dawson Pell *et al.*, 2021; Gonçalves da Silva *et al.*, 2010). El uso de la técnica ddRADseq permitió en esta forma estudiar la estructura genética de las cotorras presentes en Santiago con un alto poder de resolución.

Los resultados obtenidos para este análisis concuerdan con la hipótesis planteada, ya que se pudo observar un bajo nivel de estructuración entre los individuos muestreados en distintos puntos de Santiago. Fue posible, sin embargo, detectar una pequeña diferencia en los individuos localizados en el sector norte de la ciudad.

De forma general, los valores obtenidos para el cálculo de F_{ST} fueron muy cercanos o iguales a cero. Estos pueden variar entre cero y uno, siendo un valor de cero indicativo de que las poblaciones comparadas se cruzan libremente y no existe diferenciación genética entre ellas. Por otra parte, un valor de uno implica que toda la variación observada se explica por la estructura de la población y que, por ende, los grupos comparados no comparten ninguna diversidad genética (Willing *et al.*, 2012). Teniendo en cuenta que un valor de F_{ST} mayor a 0,15 puede ser considerado como

significativo al diferenciar poblaciones (Frankham *et al.*, 2002), los resultados obtenidos serían entonces indicativos de la existencia de un alto flujo entre los distintos grupos muestreados, observándose, sin embargo, una pequeña diferencia entre las cotorras presentes en el sector norte de Santiago en comparación con el resto de los individuos.

Esta diferencia fue confirmada con el análisis de componentes principales que permitió nuevamente observar diferencias entre el sector norte y el resto de los sectores. Sin embargo, al igual que en el caso del cálculo de FST, los resultados debenser analizados con cautela ya que, en conjunto, los componentes principales 1 y 2 explican solo el 5,4% de la variación genética en el caso del análisis que incluye al sector norte y un 5% en el caso del análisis que no lo incluye.

El análisis realizado con STRUCTURE reveló los mismos resultados que indican la diferenciación genética entre las cotorras muestreadas en la zona norte versus las pertenecientes al resto de los sectores. En el caso del análisis que incluye al sector norte, se obtuvo un valor más probable de $K = 4$, lo que indicaría la existencia de cuatro clusters o subpoblaciones. Estos se reducen a tres, al no considerar al sector norte de Santiago en el análisis.

No obstante, los análisis realizados y resultados obtenidos no permiten determinar la causa tras los niveles de estructuración detectados. Si bien se ha reportado que las cotorras argentinas son capaces de generar colonias reproductivas exitosas a partir de la liberación de un número reducido de ejemplares (Edelaar *et al.*, 2015), no es posible asegurar que la baja estructuración detectada en Santiago se deba a que todas las cotorras presentes actualmente en la ciudad provienen del evento de liberación registrado en 1972 (Iriarte *et al.*, 2005).

Evidencia reunida a lo largo de la distribución invasora de la cotorra argentina indica que una alta presión de propágulos a lo largo de los años habría contribuido al éxito invasor de esta especie en Estados Unidos (Gonçalves da Silva *et al.*, 2010), y que diferentes eventos de liberación de cotorras argentinas habrían permitido la colonización de nuevas ciudades en España (Edelaar *et al.*, 2015; Hernández-Brito *et al.*, 2022).

Además de las existentes en Santiago, se han reportado colonias reproductivas de esta psitácida en las Regiones de Copiapó, Valparaíso, del Biobío y Puerto Montt (Caraboni *et al.*, 2020; Iriarte *et al.*, 2015). Si bien, existe evidencia genética que indicaría que las cotorras son capaces de dispersarse a través de largas distancias en Estados Unidos (Gonçalves da Silva *et al.*, 2010), también han sido reconocidas como aves altamente filopátricas cuyos rangos de dispersión promedio reportados son de 1.230 m en Argentina (Martín y Bucher, 2003) y de 16 m para machos y 144 m para hembras en España (Dawson Pell *et al.*, 2021). De esta forma, resulta probable que las colonias reproductivas detectadas en otras regiones en Chile hayan surgido como resultado de liberaciones que ocurrieron *in situ*. De la misma forma, también es probable que a lo largo de los años distintos eventos de liberación hayan ocurrido en Santiago.

Resulta interesante destacar que estudios genéticos realizados en distintas poblaciones nativas de cotorras argentinas han detectado que estas son altamente estructuradas (Edelaar *et al.*, 2015; Gonçalves da Silva *et al.*, 2010), por lo que es posible que eventos de liberación adicionales al de 1972 no hayan contribuido en gran medida a modificar la estructura genética existente en las cotorras de Santiago.

En lo que respecta a las leves diferencias observadas entre las cotorras presentes en el sector norte de la ciudad versus aquellas presentes en los sectores restantes, dado los bajos valores de FST obtenidos, estas deben ser interpretadas con prudencia. Es posible, sin embargo, que estas tengan su origen en la disposición geográfica de la ciudad. Las cotorras argentinas pueden, en gran medida, moverse libremente dentro de Santiago lo que permite un flujo continuo de ejemplares. Sin embargo, el sector norte, compuesto por las comunas de Conchalí, Independencia, Huechuraba y Recoleta, se encuentra parcialmente separado del resto de las zonas muestreadas por el Parque Metropolitano de Santiago. Este corresponde a un conjunto montañoso compuesto por el Cerro San Cristóbal, zona Tupahue, Cerro Chacarillas, Cerro Los Gemelos, zona La Pirámide y faldeos del Cerro El Carbón. El conjunto alcanza una altura de 288 m desde su base y cubre un área de 722 ha aproximadamente (Barkos, 2012). Existe la posibilidad de que esta barrera geográfica haya llevado, con el paso

de los años y por ende de las generaciones, a la diferenciación de las cotorras ubicadas en dicha zona respecto a las que habitan al sur del parque. Estudios realizados en España demuestran que la capacidad reproductiva de las cotorras es más alta en la distribución invasora, detectándose que un 56% de las cotorras que se reproducen son capaces de producir una segunda nidada durante la misma temporada reproductiva (Senar *et al.*, 2019). Esto podría implicar que, desde su introducción en 1972, posiblemente más de 50 generaciones de cotorras se han sucedido en Santiago. Considerando que se ha demostrado que poblaciones introducidas de aves pueden experimentar una rápida diferenciación, tanto en términos genéticos como de historia de vida (Duncan *et al.*, 2003), la posibilidad de que las cotorras presentes en el sector norte de Santiago se estén diferenciando de las presentes en el resto de la ciudad no debe ser descartada.

Por otro lado, también resulta posible que estas diferencias se deban a que las colonias reproductivas presentes en las comunas del sector norte hayan tenido su origen en -o hayan sido afectadas por- distintos eventos de liberación no asociados al registrado en 1972. En dicho caso, la divergencia observada podría tener su origen en cotorras obtenidas en su distribución nativa desde poblaciones diferentes a las que dieron origen al grupo liberado en 1972.

Del mismo modo, las tres muestras que se destacaron por ser notoriamente diferentes al resto (PEÑ-002, PEÑ-013 y PRO-002) podrían corresponder a cotorras cuyo origen geográfico difiere al de las demás cotorras estudiadas. Esto respaldaría aún más la posibilidad de eventos de liberación de cotorras adicionales al de 1972.

Las poblaciones invasoras deben sortear diversos obstáculos antes de establecerse exitosamente en un nuevo territorio (Jaksic y Castro, 2014). Uno de estos obstáculos se asocia a los efectos negativos que la introducción de un número reducido de individuos puede implicar en términos genéticos. Así, poblaciones pequeñas presentan un mayor riesgo de extinción por efectos de estocasticidad genética (Duncan *et al.*, 2003). Informes asociados a la pérdida de diversidad genética en poblaciones invasoras de cotorras argentinas respecto a poblaciones nativas varían, reportándose tanto pérdida como ausencia de pérdida de diversidad genética en

colonias invasoras (Edelaar *et al.*, 2015; Gonçalves da Silva *et al.*, 2010). El evidente éxito que la cotorra argentina ha tenido como especie invasora en distintos países del mundo (Calzada-Preston y Pruett-Jones, 2021) parece indicar, que, de existir pérdida de diversidad genética en las poblaciones invasoras, las cotorras no han sido afectadas negativamente por este fenómeno. Pese a que la diversidad genética ha sido considerada como un factor importante que contribuiría al éxito de las especies invasoras, también se ha descrito que, en lo referido a aves, la existencia de rasgos pre adaptativos tales como; la habilidad para dispersarse a través de largas distancias, flexibilidad de comportamiento y un amplio nicho ecológico, así como rasgos que favorecen el crecimiento poblacional como una alta tasa de fecundidad, contribuyen al establecimiento de las especies (Duncan *et al.*, 2003; Edelaar *et al.*, 2015).

Es posible que la gran capacidad de adaptación de la cotorra argentina, basada en atributos como su habilidad para construir sus nidos en diversos tipos de estructuras, sus hábitos tróficos generalistas, su alta tolerancia a la presencia de otras especies de aves y a la actividad humana y su alta capacidad reproductiva hayan logrado contrarrestar los efectos negativos asociados a una posible disminución de diversidad genética (Borray-Escalante *et al.*, 2020; Briceño *et al.*, 2019; Bucher y Aramburú, 2014; Eberhard, 1998; Edelaar *et al.*, 2015; Hernández-Brito *et al.*, 2021; Senar *et al.*, 2019; Sol *et al.*, 1997; South y Pruett-Jones, 2000; Viana *et al.*, 2016).

Dado que el presente trabajo se ha enfocado en cotorras argentinas presentes en la ciudad de Santiago, se desconoce si los niveles de estructuración detectados pueden ser comparados con aquellos existentes en la distribución nativa de la cotorra argentina, particularmente en Argentina y Uruguay; países desde donde se habrían importado los ejemplares que ingresaron a Chile (Iriarte *et al.*, 2005). De la misma forma, se desconoce si las colonias presentes actualmente en Chile han experimentado pérdida de diversidad genética respecto a poblaciones nativas. Comparar los niveles de estructuración y diversidad genética entre poblaciones invasoras y nativas podría entregar información valiosa respecto al proceso de

invasión de las cotorras argentinas en Chile. En caso de que se detectasen niveles similares de estructuración y no existiese disminución de diversidad genética, o esta no fuese significativa, podría hipotetizarse que una alta presión de propágulos a través de los años, combinada con nuevos eventos de liberación, hayan mantenido los niveles de diversidad genética estables, evitando de esa forma fenómenos de deriva génica (Gonçalves da Silva *et al.*, 2010). Tal vez aún más importante, próximas investigaciones deberían incluir a las colonias reproductivas existentes en las Regiones de Copiapó, Valparaíso, del Biobío y Puerto Montt (Caraboni *et al.*, 2020; Iriarte *et al.*, 2015). Estudiar las características genéticas de estas colonias podría contribuir a esclarecer si estas surgen de aves provenientes de la misma Región Metropolitana, o si están asociadas a otros eventos de ingreso y liberación.

El presente trabajo corresponde a una primera aproximación a la caracterización genética de la invasión de cotorras argentinas en Chile. Futuros estudios que, mediante el uso de técnicas de última generación, evalúen con mayor profundidad los niveles de diversidad genética, por ejemplo, incluyendo más muestras u otras poblaciones invasoras y/o nativas podría permitir comprender mejor el proceso de invasión de la cotorra argentina en Chile. Esta información podría entregar herramientas para abordar de manera más eficiente medidas de control necesarias para mantener a esta psitácida confinada a áreas urbanas y evitar su avance hacia zonas rurales y agrícolas, tarea particularmente importante en un área reconocida como prioritaria para la conservación de la biodiversidad (Myers *et al.*, 2000).

REFERENCIAS

- Aguirre NC, Filippi CV, Zaina G, Rivas JG, Acuña CV, Villalba PM, *et al.* Optimizing ddRADseq in Non-Model Species: A Case Study in *Eucalyptus dunnii* Maiden. *agronomy*. 2019; 9:484
- Appelt CW, Ward LC, Bender C, Fasenella J, Vossen BJV, Kinght L. Examining Potential Relationships between Exotic Monk Parakeets and Avian Communities in an Urban Environment. *Wilson j. ornithol.* 2016; 128:556–66
- Barkos I. Tesis de pregrado. 2012. Parque Metropolitano de Santiago: edificio institucional. Facultad de Arquitectura y Urbanismo. Universidad de Chile.
- Bohling J, Small M, Von Bargen J, Louden A, DeHaan. Comparing inferences derived from microsatellite and RADseq datasets: a case study involving threatened bull trout. *Conservation Genetics*. 2019; 20:329–42
- Borray-Escalante NA, Mazzoni D, Ortega-Segalerva A, Arroyo L, Morera-Pujol V, González-Solís J, *et al.* Diet assessments as a tool to control invasive species: Comparison between Monk and Rose-ringed parakeets with stable isotopes. *J. Urban Ecol.* 2020; 6:1–8
- Bradbury IR, Hamilton LC, Dempson B, Robertson MJ, Bourret V, Bernatchez L, *et al.* Transatlantic secondary contact in Atlantic Salmon, comparing microsatellites, a single nucleotide polymorphism array and restriction-site associated DNA sequencing for the resolution of complex spatial structure. *Mol. Ecol.* 2015; 24:5130–44
- Briceño C, Sandoval-Rodríguez A, Yévenes K, Larraechea M, Morgado, A.; Chappuzeau C, *et al.* Interactions between invasive Monk Parakeets (*Myiopsitta monachus*) and other bird species during nesting seasons in Santiago, Chile. *Animals*. 2019; 9: 923
- Briceño C, Surot D, González-Acuña D, Martínez FJ, Fredes F. Parasitic survey on introduced monk parakeets (*Myiopsitta monachus*) in Santiago, Chile. *Braz. J. Vet. Parasitol.* 2017; 26:129–35

Briceño C, Yévenes K, Larraechea M, Sandoval-Rodríguez A, Silva-De La Fuente MC, Fredes, F, *et al.* First record of *Ornithonyssus bursa* (Berlese, 1888) (Mesostigmata: Macronyssidae) parasitizing invasive monk parakeets in Santiago, Chile. *Braz J Vet Parasitol.* 2021; 30:e024020

Bucher EH, Aramburú RM. Land-use changes and monk parakeet expansion in the Pampasgrasslands of Argentina. *J. Biogeogr.* 2014; 41:1160–70

Bucher, EH, Martínez JJ, Aranzamendi MC. Genetic relatedness in Monk Parakeet breeding trios. *J Ornithol.* 2016; 157:1119–22

Calzada-Preston CE, Pruett-Jones S. The Number and Distribution of Introduced and Naturalized Parrots. *diversity.* 2021; 13:412

Caraboni A, Barrientos C, Fuentes P. Registro de una colonia reproductiva de la cotorra argentina (*Myiopsitta monachus*) en la ciudad de Coronel, Región del Biobío, sur de Chile. *Rev. chil. ornitol.* 2020; 26:96–100

Catchen J, Hohenlohe PA, Bassham S, Amores A, Cresko WA. Stacks: an analysis tool set for population genomics. *Mol. Ecol.* 2013; 22:3124–40

Celis-Diez J. Observación de cernícalos (*Falco sparverius*) depredando polluelos de cotorra argentina (*Myiopsitta monachus*) en parques urbanos de Santiago. *Bol. Chil. Ornitol.* 2014; 20:23–4

Danecek P, Auton A, Abecasis G, Albers CA, Banks E, Depristo MA, *et al.* The variant callformat and VCF tools. *Bioinformatics.* 2011; 27:2156–58

Davey JW, Hohenlohe PA, Etter PD, Boone JQ, Catchen JM, Blaxter ML. Genome-wide genetic marker discovery and genotyping using next-generation sequencing. *Nat Rev Genet.* 2011; 12:499–510

Dawson Pell FSE, Hatchwell BJ, Ortega-Segalerva A, Dawson DA, Horsburgh GJ, Senar JC. Microsatellite characterisation and sex-typing in two invasive parakeet species, the monkparakeet *Myiopsitta monachus* and ring-necked parakeet *Psittacula krameri*. *Mol. Biol. Rep.* 2020; 47:1543–50

Dawson Pell FSE, Senar JC, Franks DW, Hatchwell BJ. Fine-scale genetic structure reflects limited and coordinated dispersal in the colonial monk parakeet, *Myiopsitta monachus*. *Mol. Ecol.* 2021; 30:1531–1544

Do C, Waples RS, Peel D, Macbeth GM, Tillett, BJ, Ovenden JR. Neestimator v2: re-implementation of software for the estimation of contemporary effective population size (N_e) from genetic data. *Mol. Ecol. Resour.* 2014; 14:209–14

Duncan RP, Blackburn TM, Sold. The Ecology of Bird Introductions. *Annu. Rev. Ecol. Evol. Syst.* 2003; 34:71–98

Eberhard, J. Breeding biology of the monk parakeet. *Wilson Bull.* 1998; 110:463–73

Edelaar P, Roques S, Hobson EA, Gonçalves Da Silva A, Avery ML, Russello MA, et al. Shared genetic diversity across the global invasive range of the monk parakeet suggests a common restricted geographic origin and the possibility of convergent selection. *Mol Ecol.* 2015; 24:2164–76

Frankham R, Ballou JD, Briscoe DA. Introduction to Conservation Genetics. Cambridge: Cambridge University Press, 2002.

GISD. Species profile: *Myiopsitta Monachus*. Global Invasive Species Database [Internet]. 2015. Disponible en: <http://www.iucngisd.org/gisd/speciesname/Myiopsitta+monachus> [citado en Julio 2020]

Gonçalves da Silva A, Eberhard JR, Wright TF, Avery ML, Russello MA. Genetic evidence for high propagule pressure and long-distance dispersal in monk parakeet (*Myiopsittamonachus*) invasive populations. *Mol. Ecol.* 2010; 19:3336–50

Hernández-Brito D, Carrete M, Blanco G, Romero-Vidal P, Senar JC, Mori, E, et al. The Role of Monk Parakeets as Nest-Site Facilitators in Their Native and Invaded Areas. *biology.* 2021; 10:683

Hernández-Brito D, Carrete M, Tella JL. Annual Censuses and Citizen Science Data Show Rapid Population Increases and Range Expansion of Invasive Rose-Ringed and

- Monk Parakeets in Seville, Spain. *animals*. 2022; 12:677
- Iriarte JA, Lobos GA, Jaksic FM. Invasive vertebrate species in Chile and their control and monitoring by governmental agencies. *Rev. Chil. Hist. Nat.* 2005; 78:143–54
- Janjua S, Peters JL, Weckworth B, Abbas FI, Bahn V, Johansson O, *et al.* Improving our conservation genetic toolkit: ddRAD-seq for SNPs in snow leopards. *Conserv. Genet. Resour.* 2020; 12:257–61
- Jaksic F, Castro S, Editores. *Invasiones Biológicas en Chile: Causas globales e impactos locales*. Santiago, Chile: Ediciones UC, 2014
- Jeffries DL, Copp GH, Lawson Handley L, Hakan Olsén K, Sayer CS, Hänfling B. Comparing RADseq and microsatellites to infer complex phylogeographic patterns, an empirical perspective in the Crucian carp, *Carassius carassius*, L. *Mol. Ecol.* 2016; 25:2997-3018
- Lemopoulos A, Prokkola JM, Uusi-Heikkilä S, Vasemägi A, Huusko A, Hyvärinen P, *et al.* Comparing RADseq and microsatellites for estimating genetic diversity and relatedness
— Implications for brown trout conservation. *Ecol. Evol.* 2019; 9:2106–20
- Luikart G, Allendorf FW, Cornuet JM, Sherwin WB. Distortion of Allele Frequency Distributions Provides a Test for Recent Population Bottlenecks. *J. Hered.* 1998; 89:238–47
- Martín LF, Bucher EH. Natal Dispersal and First Breeding Age in Monk Parakeets. *The Auk*. 1993; 110:930–3
- Martínez JJ, Aranzamendi MC, Bucher EH. Quantitative genetics in the monk parakeet (*Myiopsitta monachus*) from central Argentina: Estimation of heritability and maternal effects on external morphological traits. *PLoS One*. 2018; 13:e0201823

- Martínez JJ, Aranzamendi MC, Masello JF, Bucher EH. Genetic evidence of extra-pair paternity and intraspecific brood parasitism in the monk parakeet. *Front. Zool.* 2013; 10:68
- Myers N, Mittermeier RA, Mittermeier CG, Fonseca GA, Kent J. Biodiversity hotspots for conservation priorities. *Nature.* 2000; 403:853–8
- Pembleton LW, Cogan NOI, Forster JW. St AMPP: an R package for calculation of genetic differentiation and structure of mixed-ploidy level populations. *Mol. Ecol. Resour.* 2013; 13:946–52
- Peterson BK, Weber JN, Kay EH, Fisher HS, Hoekstra HE. Double Digest RADseq: An Inexpensive Method for De Novo SNP Discovery and Genotyping in Model and Non-Model Species. *PloS One.* 2012; 7:e37135
- Pritchard JK, Stephens M, Donnelly P. Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics.* 2000; 155:945–59
- Purcell, S.; Neale, B.; Todd-Brown, K.; Thomas, L.; Ferreira, M.A. R.; Bender, D, et al. PLINK: a tool set for whole-genome association and population-based linkage analyses. *Am.J. Hum. Genet.* 2007; 81:559–75
- Russello MA, Saranathan V, Buhrman-Deever S, Eberhard J, Caccone, A. Characterization of polymorphic microsatellite loci for the invasive monk parakeet (*Myiopsitta monachus*). *Mol. Ecol.* 2007; 7:990–2
- Russello MA, Avery ML, Wright TF. Genetic evidence links invasive monk parakeet populations in the United States to the international pet trade. *BMC Evol. Biol.* 2008; 8:217
- Sandoval-Rodríguez A, Marcone D, Alegría-Morán R, Larraechea M, Yévenes K, Fredes F, et al. *Cryptosporidium* spp. and *Giardia* spp. in Free-Ranging Introduced Monk Parakeets from Santiago, Chile. *Animals.* 2021; 11:801
- Senar JC, Carrillo-Ortiz JG, Ortega-Segalerva A, Dawson Pell FSE, Pascual J. The reproductive capacity of Monk Parakeets *Myiopsitta monachus* is higher in their invasive range. *Bird Study.* 2019; 66:136–40

- Sol D, Santos DM, Feria E, Clavell J. Habitat selection by the Monk Parakeet during colonization of new area in Spain. *Condor*. 1997; 99:39–46
- South J, Pruett-Jones S. Patterns of Flock Size, Diet, and Vigilance of Naturalized Monk Parakeets in Hyde Park, Chicago. *Condor*. 2000; 102: 848–54
- Sunde J, Yildirim Y, Tibblin P, Forsman A. Comparing the Performance of Microsatellites and RADseq in Population Genetic Studies: Analysis of Data for Pike (*Esox Lucius*) and a Synthesis of Previous Studies. 2020; 11:218
- Thrasher DJ, Butcher BG, Campagna L, Webster MS, Lovette IJ. Double-digest RAD sequencing outperforms microsatellite loci at assigning paternity and estimating relatedness: A proof of concept in a highly promiscuous bird. *Mol. Ecol*. 2018; 18:953–65
- Viana IR, Strubbe D, Zocche JJ. Monk parakeet invasion success: a role for nest thermoregulation and bactericidal potential of plant nest material? *Biol Invasions*. 2016; 18:1305–15
- Wickham H. *ggplot2: Elegant Graphics for Data Analysis*. 2^a ed. New York: Springer, 2016.
- Wilcove DS, Rothstein D, Dubow J, Phillips A, Losos E. Quantifying Threats to Imperiled Species in the United States. *Bioscience*. 1998; 48:607–15
- Willing EM, Dreyer C, van Oosterhout C. Estimates of Genetic Differentiation Measured by F_{ST} Do Not Necessarily Require Large Sample Sizes When Using Many SNP Markers. *PloS One*. 2012; 7:e42649

DISCUSIÓN Y CONCLUSIONES GENERALES

Dada su capacidad para alterar profundamente los ambientes que invaden, pudiendo incluso causar la extinción de especies nativas, las especies invasoras han sido reconocidas como uno de los principales impulsores de la degradación de la naturaleza (Appelt *et al.*, 2016; IPBES, 2019; Jaksic y Castro, 2014; Wilcove *et al.*, 1998).

La cotorra argentina es una psitácida que ha tenido un amplio éxito como especie invasora en diversos países del mundo incluyendo a Chile (Calzada-Preston y Pruett-Jones, 2021; GISD, 2015). Desde su introducción en 1972 y posterior expansión por la Región Metropolitana, pocos trabajos han buscado comprender y determinar el impacto causado por la invasión de esta ave en Chile. Dada la necesidad de más información respecto a las características de la invasión de esta psitácida en Chile, el objetivo general del presente trabajo fue caracterizar la invasión de cotorras argentinas presentes en la ciudad de Santiago, desde un enfoque sanitario, ecológico y genético.

De esta forma, el primer capítulo, enfocado en la detección de tres especies de patógenos en pichones de cotorra argentina, *Cryptosporidium* spp., *Campylobacter* spp., y *Chlamidophila psittaci*, permitió la identificación de ooquistes de *Cryptosporidium* spp. en muestras de heces de pichones de cotorras argentinas. Pesquisas sanitarias paralelas realizadas a los mismos pichones analizados en el presente trabajo detectaron la presencia de quistes de *Giardia* spp. en muestras de heces y del ácaro *O. bursa* sobre los pichones. Adicionalmente anticuerpos contra *C. Psittaci* fueron recientemente detectados en individuos adultos. En conjunto estos hallazgos confirman que las cotorras argentinas presentes en la ciudad de Santiago son portadoras de diversos agentes patógenos, y que conjuntamente, estos son zoonóticos (Briceño *et al.*, 2021; Larraechea, 2021; Sandoval-Rodríguez *et al.*, 2021; Waap *et al.*, 2020). Cabe preguntarse entonces, ¿es posible que las cotorras argentinas sean portadoras de aún más agentes patógenos?, ¿constituyen estas aves un peligro para especies de aves nativas que podrían contraer estos agentes?, ¿existe un flujo de agentes infecciosos entre cotorras argentinas y otras especies de aves?,

¿existe un riesgo real de transmisión de estos, y posiblemente otros, patógenos a seres humanos? Futuras pesquisas sanitarias deberían enfocarse en la resolución de estas preguntas.

El segundo capítulo buscó determinar la presencia de tres especies de aves nativas, tiuques, tordos y zorzales, en sitios de nidificación de cotorras argentinas. Además de confirmar la presencia de estas tres especies de aves en dichos sitios fue posible registrar los diferentes tipos de interacciones que establecían con las cotorras argentinas. De forma general la mayor parte de los encuentros observados fueron de naturaleza neutra, particularmente en el caso de tordos y zorzales, existiendo una proporción similar de encuentros neutrales y agonistas entre cotorras y tiuques. Interesantemente se detectó que tanto tordos como zorzales pueden hacer uso de nidos de cotorras argentinas. Registros de naturaleza similar fueron obtenidos al estudiar la presencia de otras especies de aves en los sitios de nidificación de cotorras argentinas (Briceño *et al.*, 2019). Así, la evidencia actual sugiere que, en gran medida, las cotorras argentinas son capaces de convivir de forma pacífica con otras especies de aves, ya sea mediante interacciones neutras al compartir espacio sin la existencia de agresiones, o incluso de forma afiliativa al forrajear en compañía de otras especies. Es muy posible que la naturaleza generalista de todas las aves involucradas en este estudio sea un factor clave que contribuye a la existencia de las interacciones neutras y afiliativas detectadas (Borray- Escalante *et al.*, 2020; Biondi *et al.*, 2013; Cerpa, 2018; Figueroa, 2018; Llanos-Soto *et al.*, 2019; Marín, 2015; South y Pruett-Jones, 2000; Tobar *et al.*, 2014; Venegas, 2018; Viana *et al.*, 2016). Conjuntamente las cotorras podrían constituir una posible presa para aves rapaces presentes en la ciudad, y tal vez aún más importante, podrían actuar como ingenieros ecosistémicos al introducir un nuevo recurso de nidificación en el territorio (Briceño *et al.*, 2019). Resulta factible cuestionarse entonces si la presencia de las cotorras en Chile está causando cambios en los hábitos de vida de especies que pueden verse beneficiadas por este nuevo recurso o por las interacciones afiliativas que pueden llegar a establecer con esta psitácida invasora. También resulta importante determinar si la habilidad de la cotorra de convivir, y posiblemente de colaborar, con otras aves facilitaría la colonización de nuevas áreas del país.

Aún más, considerando los hallazgos sanitarios realizados, surge la duda de si las interacciones neutras y afiliativas registradas, así como el uso de nidos de cotorras por parte de otras especies constituyen un factor de riesgo que podría favorecer la transmisión de patógenos hacia especies de aves nativas.

Finalmente, el tercer capítulo buscó estudiar los niveles de estructuración genética de las cotorras presentes en la ciudad de Santiago, mediante el uso de una técnica de secuenciación de última generación, ddRADseq. Los resultados obtenidos revelaron un bajo nivel de estructuración dentro de la ciudad con ligeras diferencias expresadas por las cotorras pertenecientes al sector norte de la capital. Estas diferencias podrían indicar que las cotorras presentes en este sector están pasando por un proceso de diferenciación, o que tuvieron su origen en -o han sido afectadas por- distintos eventos de liberación no asociados al registrado en 1972. La detección de tres individuos genéticamente distintos al resto de las cotorras analizadas apoyaría la posibilidad de nuevos eventos de liberación. Se desconoce, no obstante, si los niveles de estructuración poblacional detectados son comparables a los existentes a lo largo de la distribución nativa, y si ha existido o no pérdida de diversidad genética en comparación a las poblaciones de origen. De la misma manera no se sabe si eventos de liberación adicionales al ya conocido han contribuido a mantener niveles de diversidad estables a través de los años.

Trabajos venideros que busquen incluir a individuos presentes en otras ciudades del país y comparen los niveles de estructuración y diversidad presentes en Chile con aquellos presentes en la distribución nativa y en otros países invadidos contribuiría a aumentar el conocimiento respecto a las características del proceso de invasión de esta ave en el país.

Si bien el presente trabajo de tesis contribuye a aumentar el conocimiento respecto a las características del proceso de invasión de la cotorra argentina en Chile, la adquisición de dicha información abre la puerta a nuevas interrogantes sobre el alcance del impacto que la presencia y expansión de esta psitácida en el país podría generar sobre otras especies y el ser humano.

Un informe emitido por el servicio agrícola y ganadero el año 2005 ya anunciaba que la erradicación de la cotorra argentina de Chile no resultaba factible, y que cualquier medida destinada a su control debía enfocarse en mantenerlas confinadas a áreas urbanas (Tala *et al.*, 2005). Recordando que la zona central de Chile es reconocida como un hotspot de biodiversidad y un sitio prioritario para la implementación de medidas de conservación (Myers *et al.*, 2000), proteger a la flora y fauna nativa de la zona del posible avance de una especie invasora que tiene la capacidad de modificar los ecosistemas que invade, que puede ser una fuente de patógenos y que puede afectar gravemente a cultivos agrícolas, resulta de vital importancia. Futuros esfuerzos investigativos deberían enfocarse en comprender a mayor cabalidad el proceso invasivo de esta ave en Chile con el objetivo de evaluar el riesgo de su expansión hacia áreas silvestres y/o agrícolas y eventualmente colaborar en el diseño de estrategias para controlar su avance e impacto.

REFERENCIAS

Amigo J, Ramírez C. A Bioclimatic Classification of Chile: Woodland Communities in the Temperate Zone. *Plant Ecol.* 1998; 136:9–26

Arroyo MTK, Marquet P, Marticorena C, Simonetti JA, Cavieres L, Squeo FA, Rozzi R, Massardo F. El Hotspot chileno, prioridad mundial para la conservación. Saball P, Arroyo MTK, Castilla JC, Estades C, Guevara JMLD, Larraín S, Moreno C, Rivas F, Rovira J, Sánchez A, Sierralta L, editores. Biodiversidad de Chile. Patrimonio y Desafíos. Comisión Nacional del Medio Ambiente (Santiago), 2006.

Ancilloto L, Studer V, Howard T, Smith VS, Mcalister E, Beccaloni J, *et al.* Environmental drivers of parasite load and species richness in introduced parakeets in an urban landscape. *Parasitol. Res.* 2018; 117:3591–9

Appelt CW, Ward LC, Bender C, Fasenella J, Vossen BJV, Kinght L. Examining Potential Relationships between Exotic Monk Parakeets and Avian Communities in an Urban Environment. *Wilson j. ornithol.* 2016; 128:556–66

Aramburú R, Calvo S, Alzugaray ME, Cichino A. Ectoparasitic load of monk parakeet (*Myiopsitta monachus*, Psittacidae) nestlings. *Ornitol. Neotrop.* 2003; 14:415–8

Biondi LM, Guido J, Madrid E, Bó MS, Vassallo AI. The Effect of Age and Sex on Object Exploration and Manipulative Behavior in a Neotropical Raptor, the Chimango Caracara, *Milvago chimango*. *Ethology.* 2013; 199:221–32

Borray-Escalante NA, Mazzoni D, Ortega-Segalerva A, Arroyo L, Morera-Pujol V, González-Solís J, *et al.* Diet assessments as a tool to control invasive species: Comparison between Monk and Rose-ringed parakeets with stable isotopes. *J. Urban Ecol.* 2020; 6:1–8

Briceño C, Sandoval-Rodríguez A, Yévenes K, Larraechea M, Morgado, A.; Chappuzeau C, *et al.* Interactions between invasive Monk Parakeets (*Myiopsitta monachus*) and other bird species during nesting seasons in Santiago, Chile. *Animals.* 2019; 9: 923

Briceño C, Surot D, González-Acuña D, Martínez FJ, Fredes F. Parasitic survey on introduced monk parakeets (*Myiopsitta monachus*) in Santiago, Chile. *Braz. J. Vet. Parasitol.* 2017; 26:129–35

Briceño C, Yévenes K, Larraechea M, Sandoval-Rodríguez A, Silva-De La Fuente MC, Fredes, F, *et al.* First record of *Ornithonyssus bursa* (Berlese, 1888) (Mesostigmata: Macronyssidae) parasitizing invasive monk parakeets in Santiago, Chile. *Braz J Vet Parasitol.* 2021; 30:e024020

Bucher EH, Aramburú RM. Land-use changes and monk parakeet expansion in the Pampasgrasslands of Argentina. *J. Biogeogr.* 2014; 41:1160–70

Bucher E, Martin L, Martella M, Navarro J. Social behaviour and population dynamics of the Monk Parakeet. *Proc. Int. Ornithol. Congr.* 1991; 20:681–9

Calzada-Preston CE, Pruett-Jones S. The Number and Distribution of Introduced and Naturalized Parrots. *diversity.* 2021; 13:412

Canavelli SB, Swisher ME, Branch LC. Factors Related to Farmers' Preferences to Decrease Monk Parakeet Damage to Crops. *Hum. Dimens. Wildl.* 2013; 18:124–37

Caraboni A, Barrientos C, Fuentes P. Registro de una colonia reproductiva de la cotorra argentina (*Myiopsitta monachus*) en la ciudad de Coronel, Región del Biobío, sur de Chile. *Rev. chil. ornitol.* 2020; 26:96–100

Celis-Diez J. Observación de cernícalos (*Falco sparverius*) depredando polluelos de cotorra argentina (*Myiopsitta monachus*) en parques urbanos de Santiago. *Bol. Chil. Ornitol.* 2014; 20:23–4

Cerpa P. Zorzal patagónico. Medrano F, Barros R, Norambuena H, Matus R, Schmitt F, editores. *Red de Observadores de Aves y Vida Silvestre de Chile (Santiago, Chile): Atlas de las aves nidificantes de Chile, 2018.*

Conroy MJ, Senar JC. Modeling Demographic Processes in Marked Populations. *Environmental and Ecological Statistics.* Thomson DL, Cooch EG, Conroy MJ, editores. Boston (Massachusetts): Springer, 2009.

Davis LR. The monk parakeet: a potential threat to agriculture. *Proceedings of the 6th*

Vertebrate Pest Conference. 1974; 7

Dawson Pell FSE, Senar JC, Franks DW, Hatchwell BJ. Fine-scale genetic structure reflects limited and coordinated dispersal in the colonial monk parakeet, *Myiopsitta monachus*. *Mol. Ecol.* 2021; 30:1531–1544

Di Santo M, Battisti C, Bologna MA. Interspecific interactions in nesting and feeding urban sites among introduced Monk Parakeet (*Myiopsitta monachus*) and syntopic bird species. *Ethol. Ecol. Evol.* 2016; 29:138–48

Eberhard, J. Breeding biology of the monk parakeet. *Wilson Bull.* 1998; 110:463–73

Edelaar P, Roques S, Hobson EA, Gonçalves Da Silva A, Avery ML, Russello MA, et al. Shared genetic diversity across the global invasive range of the monk parakeet suggests a common restricted geographic origin and the possibility of convergent selection. *Mol Ecol.* 2015; 24:2164–76

Figuroa R. Tiuque. Medrano F, Barros R, Norambuena H, Matus R, Schmitt F, editores. Red de Observadores de Aves y Vida Silvestre de Chile (Santiago, Chile): Atlas de las aves nidificantes de Chile, 2018.

GISD. Species profile: *Myiopsitta Monachus*. Global Invasive Species Database [Internet]. 2015. Disponible en: <http://www.iucngisd.org/gisd/speciesname/Myiopsitta+monachus> [citado en Julio 2020]

Gonçalves da Silva A, Eberhard JR, Wright TF, Avery ML, Russello MA. Genetic evidence for high propagule pressure and long-distance dispersal in monk parakeet (*Myiopsittamonachus*) invasive populations. *Mol. Ecol.* 2010; 19:3336–50

INE. Censo de Población y Vivienda de Chile año 2017. INE: Santiago, Chile [Internet]. Disponible en: <http://resultados.censo2017.cl/> [citado en Febrero 2021]

IPBES. Global assessment report of the Intergovernmental Science-Policy Platform on Biodiversity and Ecosystem Services. Brondízio ES, Settele J, Díaz S, Ngo H T, editores. IPBES secretariat, Bonn, Germany, 2019.

Iriarte JA, Lobos GA, Jaksic FM. Invasive vertebrate species in Chile and their

control and monitoring by governmental agencies. *Rev. Chil. Hist. Nat.* 2005; 78:143–54

Jaksic F, Castro S, Editores. *Invasiones Biológicas en Chile: Causas globales e impactos locales*. Santiago, Chile: Ediciones UC, 2014

Kolar C, Lodge D. Progress in invasion biology: predicting invaders. *Trends Ecol. Evol.* 2001; 16:199–204

Larraechea M. 2020. Tesis/Memoria. Detección de anticuerpos contra *Chlamydophila Psittaci* en cotorras argentinas (*Myiopsitta Monachus*) de vida libre. Universidad de Chile. Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias.

Llanos-Soto S, Córdoba M, Moreno L, Kinsella Jm, Mironov S, Cicchino A, *et al.* External and intestinal parasites of the Austral thrush *Turdus falcklandii* (Ave, Turdidae) in central Chile. *Braz. J. Vet. Parasitol.* 2019; 28:432–42

Mack R, Simberloff D, Lonsdale W, Evans H, Clout M, Bazzaz F. Biotic invasions, causes, epidemiology, global consequences, and control. *Ecol Appl.* 2000; 10:689–710

Marín, M. Biología reproductiva e historia natural del zorzal (*Turdus falcklandii*) en Chile central. *Bol. Mus. Nac. Hist. Nat.* 2015; 62:121–32

Martínez De La Puente J, Díez-Fernández A, Montalvo T, Bueno-Marí R, Pangrani Q, Soriguer RC, *et al.* Do Invasive Mosquito and Bird Species Alter Avian Malaria Parasite Transmission? *Diversity.* 2020; 12:111

Meyerson LA, Mooney HA. Invasive Alien Species in an Era of Globalization. *Front Ecol Environ.* 2007; 5:199–208

Mori E, Ancilloto L, Groombridge J, Howard T, Smith VS, Menchetti M. Macroparasites of introduced parakeets in Italy: a possible role for parasite-mediated competition. *Parasitol Res.* 2015; 114:3277–81

Mori E, Pascual-Sala J, Fattorini N, Menchetti M, Montalvo T, Senar JC. Ectoparasite sharing among native and invasive birds in a metropolitan area.

Parasitol. Res. 2018;118:399–409

Morinha F, Carrete M, Tella J, Blanco G. High Prevalence of Novel Beak and Feather Disease Virus in Sympatric Invasive Parakeets Introduced to Spain From Asia and South America. *Diversity*. 2020; 12:192

Myers N, Mittermeier RA, Mittermeier CG, Fonseca GA, Kent J. Biodiversity hotspots for conservation priorities. *Nature*. 2000; 403:853–8

Navarro JL, Martella MB, Bucher EH. Effects of laying date, clutch size, and communal nest size on the reproductive success of Monk Parakeets. *Wilson Bull*. 1995; 107:742–6

Papini R, Girivetto M, Marangi M, Mancianti F, Giangaspero A. 2012. Endoparasite Infections in Pet and Zoo Birds in Italy. *Scientific World J*. 2012; 253127

Sandoval-Rodríguez A, Marcone D, Alegría-Morán R, Larraechea M, Yévenes K, Fredes F, *et al.* *Cryptosporidium* spp. and *Giardia* spp. in Free-Ranging Introduced Monk Parakeets from Santiago, Chile. *Animals*. 2021; 11:801

Schulz JJ, Cayuela L, Echeverria C, Salas J, Rey Benayas J.M. Monitoring land cover change of the dryland forest landscape of Central Chile (1975–2008). *Appl. Geogr*. 2010; 30:436–47

Senar JC, Carrillo-Ortiz JG, Ortega-Segalerva A, Dawson Pell FSE, Pascual J. The reproductive capacity of Monk Parakeets *Myiopsitta monachus* is higher in their invasive range. *Bird Study*. 2019; 66:136–40

Sol D, Santos DM, Feria E, Clavell J. Habitat selection by the Monk Parakeet during colonization of new area in Spain. *Condor*. 1997; 99:39–46

South J, Pruett-Jones S. Patterns of Flock Size, Diet, and Vigilance of Naturalized Monk Parakeets in Hyde Park, Chicago. *Condor*. 2000; 102: 848–54

Strubbe D, Matthysen E. Establishment success of invasive ring-necked and Monk Parakeets in Europe. *J. Biogeogr*. 2009; 36: 2264–78

Tala C, Guzmán P, González P. Cotorra argentina (*Myiopsitta monachus*) convidado

de piedra en nuestras ciudades y un invasor potencial, aunque real, de sectores agrícolas. Servicio Agrícola y Ganadero – División de Protección de los Recursos Naturales

Renovables – Boletín DIPROTEN [Internet]. 2005. Disponible en: https://boletindeporen.sag.gob.cl/dic_feb2005/cotorra_argentina.pdf [citado en Julio 2018]

Tobar C, Rau J, Santibáñez A, Arriagada A, Sade S, Araneda R, *et al.* Dieta del tiuque (Milvago chimango) en agrosistemas de la ciudad de Osorno, sur de Chile. *Boletín Chileno de Ornitología*. 2014; 20:13–16

Venegas A. Tordo. Medrano F, Barros R, Norambuena H, Matus R, Schmitt F, editores. Redde Observadores de Aves y Vida Silvestre de Chile (Santiago, Chile): Atlas de las aves nidificantes de Chile, 2018.

Viana IR, Strubbe D, Zocche JJ. Monk parakeet invasion success: a role for nest thermoregulation and bactericidal potential of plant nest material? *Biol Invasions*. 2016; 18:1305–15

Villaseñor NR, Chiang LA, Hernández HJ, Escobar MAH. Contribución del espacio verde informal a la conservación de aves en ciudades: Un estudio comparativo sobre la diversidad de la comunidad de aves en sitios baldíos, parques urbanos y áreas residenciales. *Ornitol. Neotrop*. 2021; 32:179–87

Vogiatzakis IN, Mannion AM, Griffiths GH. Mediterranean ecosystems: problems and tools for conservation. *Prog Phys Geogr*. 2006; 30:175–200

Waap H, Aguin-Pombo D, Maia M. Case Report: Human Dermatitis Linked to *Ornithonyssus bursa* (Dermanyssosidea: Macronyssidae) Infestation in Portugal. *Front. Vet. Sci*. 2020; 7:567902

Wilcove DS, Rothstein D, Dubow J, Phillips A, Losos E. Quantifying Threats to Imperiled Species in the United States. *Bioscience*. 1998; 48:607–15

Anexo 1: Árboles incluidos en proceso de muestreo

	FECHA	COMUNA	N° ÁRBOL	CÓDIGO	ESPECIE
1	08-11-2017	CON	3	Con003	<i>Fraxinus spp</i>
2	08-11-2017	CON	5	Con005	<i>Fraxinus spp</i>
3	08-11-2017	CON	6	Con006	<i>Fraxinus spp</i>
4	08-11-2017	CON	8	Con008	<i>Araucaria spp</i>
5	10-11-2017	PRO	26	Pro026	<i>Araucaria spp</i>
6	10-11-2017	PRO	28	Pro028	<i>Cedrus libani</i>
7	10-11-2017	PRO	2	Pro002	<i>Cedrus libani</i>
8	10-11-2017	SBE	20	Sbe020	<i>Cedrus libani</i>
9	10-11-2017	SBE	21	Sbe021	<i>Cedrus libani</i>
10	10-11-2017	SBE	16	Sbe016	<i>Schinus molle</i>
11	10-11-2017	SBE	19	Sbe019	<i>Cedrus libani</i>
12	14-11-2017	LRE	130	Lre130	<i>Pinus spp</i>
13	14-11-2017	LRE	32	Lre32	<i>Robinia Pseudoacacia</i>
14	14-11-2017	LRE	40	Lre40	<i>Pinus spp</i>
15	14-11-2017	REC	1	Rec001	<i>Arecaceae spp</i>
16	14-11-2017	REC	23	Rec023	<i>Arecaceae spp</i>
17	16-11-2017	MAC	4	Mac004	<i>Eucalyptus spp</i>
18	16-11-2017	MAC	5	Mac005	<i>Populus spp</i>
19	16-11-2017	MAC	6	Mac006	<i>Robinia Pseudoacacia</i>
20	16-11-2017	PEÑ	9	Peñ009	<i>Robinia Pseudoacacia</i>
21	17-11-2017	SAN	36	San036	<i>Cedrus libani</i>
22	17-11-2017	PRO	32	Pro032	<i>Austrocedrus chilensis</i>
23	17-11-2017	PRO	33	Pro033	<i>Austrocedrus chilensis</i>
24	17-11-2017	PRO	34	Pro034A	<i>Araucaria spp</i>
25	21-11-2017	LRE	129-Q	Lre129Q	<i>Robinia Pseudoacacia</i>
26	21-11-2017	HUE	3	Hue003	<i>Populus spp</i>
27	21-11-2017	HUE	5	Hue005	<i>Populus spp</i>
28	21-11-2017	HUE	8	Hue008	<i>Araucaria spp</i>
29	22-11-2017	SBE	22	Sbe022	<i>Eucalyptus spp</i>
30	22-11-2017	SBE	1	Sbe001	<i>Pinus spp</i>
31	22-11-2017	SBE	17	Sbe017	<i>Schinus molle</i>
32	23-11-2017	PEÑ	2	Peñ002	<i>Robinia Pseudoacacia</i>
33	23-11-2017	PEÑ	12	Peñ012	<i>Liquidambar styraciflua</i>
34	23-11-2017	PEÑ	13	Peñ013	<i>Araucaria spp</i>
35	23-11-2017	PEÑ	15	Peñ015	<i>Eucalyptus spp</i>
36	23-11-2017	PEÑ	16	Peñ016	<i>Eucalyptus spp</i>
37	23-11-2017	PEÑ	18	Peñ018	<i>Araucaria spp</i>
38	27-11-2017	PRO	37	Pro037	<i>Cedrus libani</i>
39	27-11-2017	PRO	38	Pro038	<i>Cedrus libani</i>
40	27-11-2017	PRO	40	Pro040	<i>Cedrus libani</i>
41	28-11-2017	LCO	25-Q	Lco025-Q	<i>Arecaceae spp</i>
42	28-11-2017	LCO	26-Q	Lco026-Q	<i>Arecaceae spp</i>
43	28-11-2017	LCO	27-Q	Lco027-Q	<i>Ulmus spp</i>
44	29-11-2017	MAI	7	Mai007	<i>Araucaria spp</i>

45	29-11-2017	MAI	13	Mai013	<i>Eucalyptus spp</i>
46	29-11-2017	MAI	15	Mai015	<i>Eucalyptus spp</i>
47	29-11-2017	MAI	16	Mai016	<i>Eucalyptus spp</i>
48	29-11-2017	MAI	21	Mai021	<i>Araucaria spp</i>
49	29-11-2017	MAI	22	Mai022	<i>Cedrus libani</i>
50	29-11-2017	MAI	24	Mai024	<i>Arecaceae spp</i>
51	29-11-2017	LRE	42	Lre42	<i>Araucaria spp</i>
52	29-11-2017	LRE	43	Lre43	<i>Araucaria spp</i>
53	29-11-2017	LRE	129-P	Lre129-P	<i>Eucalyptus spp</i>
54	29-11-2017	LCO	15	Lco015	<i>Cedrus libani</i>
55	30-11-2017	MAI	4	Mai004	<i>Platanus orientalis</i>
56	30-11-2017	MAI	5	Mai005	<i>Platanus orientalis</i>
57	30-11-2017	MAI	6	Mai006	<i>Platanus orientalis</i>
58	01-12-2017	REC	16	Rec016	<i>Arecaceae spp</i>
59	01-12-2017	REC	17	Rec017	<i>Arecaceae spp</i>
60	01-12-2017	REC	36	Rec036	<i>Arecaceae spp</i>
61	01-12-2017	REC	15	Rec015	<i>Arecaceae spp</i>
62	01-12-2017	REC	3	Rec003	<i>Arecaceae spp</i>
63	01-12-2017	REC	2	Rec002	<i>Arecaceae spp</i>
64	01-12-2017	REC	4	Rec004	<i>Arecaceae spp</i>
65	01-12-2017	CON	9	Con009	<i>Arecaceae spp</i>
66	06-12-2017	LCO	10	Lco010	<i>Cedrus libani</i>
67	06-12-2017	LCO	9	Lco009	<i>Cedrus libani</i>
68	06-12-2017	LCO	11	Lco011	<i>Cedrus libani</i>
69	06-12-2017	LCO	1	Lco001	<i>Cedrus libani</i>
70	06-12-2017	PAL	7	Pal007	<i>Araucaria spp</i>
71	06-12-2017	PAL	4	Pal004	<i>Araucaria spp</i>
72	06-12-2017	PAL	6	Pal006	<i>Eucalyptus spp</i>
73	06-12-2017	PAL	1	Pal001	<i>Araucaria spp</i>
74	06-12-2017	PAL	2	Pal002	<i>Araucaria spp</i>
75	07-12-2016	LGR	1	LGr001	<i>Araucaria spp</i>
76	07-12-2016	LGR	2	LGr002	<i>Araucaria spp</i>
77	07-12-2016	LGR	3	LGr003	<i>Araucaria spp</i>
78	07-12-2016	LGR	5	LGr005	<i>Araucaria spp</i>
79	07-12-2016	LCO	19	Lco019	<i>Cedrus libani</i>
80	07-12-2016	LCO	20	Lco020	<i>Cedrus libani</i>
81	07-12-2016	LCO	17	Lco017	<i>Cedrus libani</i>
82	07-12-2016	LCO	8	Lco008	<i>Cedrus libani</i>
83	12-12-2017	LCI	2	Lci002	<i>Arecaceae spp</i>
84	12-12-2017	SAN	23	San023	<i>Cedrus libani</i>
85	12-12-2017	SAN	22	San022	<i>Cedrus libani</i>
86	12-12-2017	SAN	37	San037	<i>Jubaea chilensis</i>
87	12-12-2017	IND	7	Ind007	<i>Arecaceae spp</i>
88	13-12-2017	LFL	9	LFI009	<i>Arecaceae spp</i>
89	13-12-2017	LFL	11	LFI011	<i>Arecaceae spp</i>
90	13-12-2017	LFL	12	LFI012	<i>Arecaceae spp</i>
91	14-12-2017	MAC	1	Mac001	<i>Pinus spp</i>

92	14-12-2017	MAC	3	Mac003	<i>Ulmus spp</i>
93	14-12-2017	LRE	124-Q	Lre124-Q	<i>Schinus molle</i>
94	15-12-2017	SMI	10	Smi010	<i>Arecaceae spp</i>
95	15-12-2017	SMI	9	Smi009	<i>Arecaceae spp</i>
96	15-12-2017	SMI	6	Smi006	<i>Arecaceae spp</i>
97	15-12-2017	SMI	8	Smi008	<i>Ulmus spp</i>
98	15-12-2017	SMI	5	Smi005	<i>Araucaria spp</i>
99	15-12-2017	SMI	7	Smi007	<i>Araucaria spp</i>
100	29-10-2018	LRE	38	Lre38	<i>Eucalyptus spp</i>
101	29-10-2018	LRE	39	Lre39	<i>Robinia Pseudoacacia</i>
102	29-10-2018	LRE	40	Lre40	<i>Pinus spp</i>
103	30-10-2018	REN	1	Ren001	<i>Ulmus spp</i>
104	06-11-2018	MAI	10	Mai010	<i>Cedrus libani</i>
105	06-11-2018	MAI	21-P	Mai021-P	<i>Araucaria spp</i>
106	06-11-2018	MAI	17	Mai017	<i>Platanus orientalis</i>
107	07-11-2018	REC	31	Rec031	<i>Schinus molle</i>
108	07-11-2018	REC	26	Rec026	<i>Schinus molle</i>
109	07-11-2018	REC	28	Rec028	<i>Schinus molle</i>
110	07-11-2018	REC	29	Rec029	<i>Schinus molle</i>
111	07-11-2018	REC	25	Rec025	<i>Schinus molle</i>
112	08-11-2018	HUE	4	Hue004	<i>Populus spp</i>
113	13-11-2018	LRE	30	Lre30	<i>Eucalyptus spp</i>
114	13-11-2018	MAC	8	Mac008	<i>Eucalyptus spp</i>
115	15-11-2018	LRE	1	Lre01	<i>Cedrus libani</i>
116	15-11-2018	LRE	2	Lre02	<i>Cedrus libani</i>
117	15-11-2018	LRE	4	Lre04	<i>Robinia Pseudoacacia</i>
118	15-11-2018	LRE	6	Lre06	<i>Populus spp</i>
119	15-11-2018	LRE	131	Lre131	<i>Schinus molle</i>
120	16-11-2018	LRE	82	Lre82	<i>Cedrus libani</i>
121	19-11-2018	SAN	25	San025	<i>Araucaria spp</i>
122	19-11-2018	SAN	26	San026	<i>Araucaria spp</i>
123	19-11-2018	SAN	35	San035	<i>Araucaria spp</i>
124	20-11-2018	SAN	7	San007	<i>Araucaria spp</i>
125	20-11-2018	SAN	26-R	San026	<i>Araucaria spp</i>
126	21-11-2018	SAN	8	San008	<i>Araucaria spp</i>
127	21-11-2018	SAN	12	San012	<i>Cedrus libani</i>
128	21-11-2018	SAN	13	San013	<i>Cedrus libani</i>
129	21-11-2018	SAN	14	San014	<i>Sequoiadendron giganteum</i>
130	21-11-2018	SAN	15	San015	<i>Sequoiadendron giganteum</i>
131	21-11-2018	SAN	16	San016	<i>Sequoiadendron giganteum</i>
132	21-11-2018	SAN	18	San018	<i>Araucaria spp</i>
133	21-11-2018	SAN	19	San019	<i>Cedrus libani</i>
134	21-11-2018	SAN	27	San027	<i>Austrocedrus chilensis</i>
135	22-11-2018	REC	6	Rec006	<i>Arecaceae spp</i>
136	22-11-2018	REC	7	Rec007	<i>Arecaceae spp</i>
137	22-11-2018	REC	8	Rec008	<i>Arecaceae spp</i>
138	22-11-2018	REC	9	Rec009	<i>Eucalyptus spp</i>

139	22-11-2018	REC	10	Rec010	<i>Arecaceae spp</i>
140	22-11-2018	REC	13	Rec013	<i>Arecaceae spp</i>
141	23-11-2018	REC	24	Rec024	<i>Arecaceae spp</i>
142	23-11-2018	LRE	75	Lre75	<i>Robinia Pseudoacacia</i>
143	23-11-2018	LRE	133	Lre133	<i>Araucaria spp</i>
144	23-11-2018	LRE	134	Lre134	<i>Robinia Pseudoacacia</i>
145	23-11-2018	LRE	135	Lre135	<i>Robinia Pseudoacacia</i>
146	23-11-2018	LRE	136	Lre136	<i>Robinia Pseudoacacia</i>
147	27-11-2018	LRE	67	Lre67	<i>Robinia Pseudoacacia</i>
148	27-11-2018	LRE	138	Lre138	<i>Acer negundo</i>
149	27-11-2018	LRE	139	Lre139	<i>Robinia Pseudoacacia</i>
150	27-11-2018	LRE	140	Lre140	<i>Robinia Pseudoacacia</i>
151	27-11-2018	LRE	142	Lre142	<i>Robinia Pseudoacacia</i>
152	27-11-2018	LRE	143	Lre143	<i>Robinia Pseudoacacia</i>
153	27-11-2018	PEÑ	20	Peñ020	<i>Araucaria spp</i>
154	27-11-2018	PEÑ	19	Peñ019	<i>Araucaria spp</i>
155	27-11-2018	PEÑ	21	Peñ021	<i>Araucaria spp</i>
156	27-11-2018	PEÑ	22	Peñ022	<i>Araucaria spp</i>
157	27-11-2018	PEÑ	23	Peñ023	<i>Araucaria spp</i>
158	27-11-2018	PEÑ	24	Peñ024	<i>Araucaria spp</i>
159	28-11-2018	SMI	11	Smi011	<i>Araucaria spp</i>
160	28-11-2018	SMI	4	Smi004	<i>Arecaceae spp</i>
161	28-11-2018	SMI	12	Smi012	<i>Araucaria spp</i>
162	28-11-2018	SAN-FR	1	San-fr 1	<i>Araucaria spp</i>
163	28-11-2018	SAN-FR	2	San-fr2	<i>Araucaria spp</i>
164	30-11-2018	SBE	2	Sbe002	<i>Cedrus libani</i>
165	30-11-2018	SBE	8	Sbe008	<i>Cedrus libani</i>
166	30-11-2018	SBE	10	Sbe010	<i>Cedrus libani</i>
167	30-11-2018	SBE	24	sbe024	<i>Araucaria spp</i>
168	30-11-2018	SBE	25	Sbe025	<i>Araucaria spp</i>
169	03-12-2018	LCO	23	Lco023	<i>Cedrus libani</i>
170	03-12-2018	LCO	24	Lco024	<i>Cedrus libani</i>
171	03-12-2018	LCO	26-P	Lco026-P	<i>Fraxinus spp</i>
172	03-12-2018	LCO	29	Lco029	<i>Fraxinus spp</i>
173	03-12-2018	LCO	32	Lco032	<i>Robinia Pseudoacacia</i>
174	03-12-2018	LCO	33	Lco033	<i>Populus spp</i>
175	03-12-2018	LCO	34	Lco034	<i>Populus spp</i>
176	03-12-2018	LPI	2	Lpi002	<i>Araucaria spp</i>
177	05-12-2018	LPI	6	Lpi006	<i>Eucalyptus spp</i>
178	05-12-2018	LPI	8	Lpi008	<i>Araucaria spp</i>
179	05-12-2018	LPI	9	Lpi009	<i>Eucalyptus spp</i>
180	05-12-2018	LPI	10	Lpi010	<i>Araucaria spp</i>
181	06-12-2018	PIR	1	Pir001	<i>Araucaria spp</i>
182	06-12-2018	PIR	3	Pir003	<i>Araucaria spp</i>
183	06-12-2018	PIR	5	Pir005	<i>Araucaria spp</i>
184	07-12-2018	LCO	14	Lco014	<i>Cedrus libani</i>
185	07-12-2018	LCO	22	Lco022	<i>Araucaria spp</i>

186	07-12-2018	LCO	32	Lco032	<i>Robinia Pseudoacacia</i>
187	07-12-2018	LRE	70	Lre70	<i>Populus spp</i>
188	07-12-2018	LRE	71	Lre71	<i>Populus spp</i>
189	07-12-2018	LRE	72	Lre72	<i>Populus spp</i>
190	07-12-2018	LRE	73	Lre73	<i>Populus spp</i>
191	07-12-2018	LRE	148	Lre148	<i>Robinia Pseudoacacia</i>
192	07-12-2018	LRE	149	Lre149	<i>Populus spp</i>
193	07-12-2018	LRE	150	Lre150	<i>Populus spp</i>
194	07-12-2018	LRE	151	Lre151	<i>Populus spp</i>
195	07-12-2018	LRE	152	Lre152	<i>Robinia Pseudoacacia</i>
196	12-12-2018	VIT	1	Vit001	<i>Arecaceae spp</i>
197	12-12-2018	VIT	2	Vit002	<i>Arecaceae spp</i>
198	12-12-2018	VIT	3	Vit003	<i>Arecaceae spp</i>
199	12-12-2018	VIT	6	Vit006	<i>Pinus spp</i>
200	12-12-2018	VIT	8	Vit008	<i>Pinus spp</i>
201	12-12-2018	VIT	11	Vit011	<i>Eucalyptus spp</i>
202	12-12-2018	VIT	13	Vit013	<i>Eucalyptus spp</i>
203	12-12-2018	VIT	19	Vit019	<i>Pinus spp</i>
204	13-12-2018	PRO	14	Pro014	<i>Pinus spp</i>
205	13-12-2018	PRO	41	Pro041	<i>Araucaria spp</i>
206	14-12-2018	SAN	CAIDO	SanCan	/
207	14-12-2018	SAN	2	San002	<i>Araucaria spp</i>
208	14-12-2018	SAN	9	San009	<i>Araucaria spp</i>
209	14-12-2018	SAN	38	San038	<i>Pinus spp</i>
210	14-12-2018	SAN	39	San039	<i>Pinus spp</i>
211	17-12-2018	PRO	42	Pro042	<i>Pinus spp</i>
212	17-12-2018	PRO	44	Pro044	<i>Araucaria spp</i>
213	17-12-2018	PRO	45	Pro045	<i>Pinus spp</i>

Anexo 2



UNIVERSIDAD DE CHILE

Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias

Comité de Bioética Animal

Santiago, 13 de diciembre de 2016

CERTIFICADO N° 19-2016

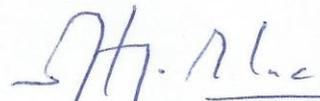
En relación con los procedimientos propuestos para el uso de animales experimentales, y teniendo a la vista la metodología del Proyecto: **“An integral approach to assess the impact of monk parakeets in Santiago: Ecological and public health implications of a neglected invasive species in Chile”**. Este comité entiende que dicho proyecto será financiado por **FONDECYT Iniciación N° 11160852** y ejecutado por el **Dr. Cristóbal Briceño**, Investigador Responsable del proyecto.

De acuerdo a los detalles contenidos en el Formulario para obtención de certificado de Comité de Bioética de la Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias de la Universidad de Chile, este Comité certifica que el Proyecto satisface lo estipulado en la guía de principios directrices internacionales para el uso de animales en investigación biomédica, elaborada por el Consejo para las Organizaciones Internacionales de las Ciencias Biomédicas, adecuada y adoptada por este Comité, y se ajusta a la legislación chilena vigente sobre la materia, incluida la Norma NCh 324-2011.

A este respecto el Comité entiende que todos los ensayos se llevarán a cabo con 300 pichones de cotorra argentina (*Myiopsitta monachus*), especie invasora en Chile. Además cuenta con la autorización de captura correspondiente emitida por el Servicio Agrícola y Ganadero. Los ensayos se realizarán entre diciembre 2016 y diciembre 2019.


Dra. Tamara Tadich G.
Director
Comité de Bioética Animal




Dr. Santiago Urcelay
Presidente
Comité de Bioética Animal



Anexo 3



CERTIFICADO N° 82

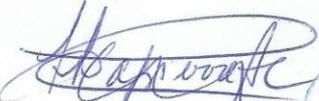
Santiago, 6 diciembre, 2016

El Comité de Bioseguridad de la Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias de la Universidad de Chile, ha revisado proyecto FONDECYT de Iniciación titulado "An integral approach to assess the impact of monk parakeets in Santiago: Ecological and public health implications of a neglected invasive species in Chile", cuyo Investigador Responsable es el Dr. Cristóbal Briceño, académico de FAVET.

Entre otras el proyecto cuenta con las siguientes medidas de bioseguridad:

- 1.- Todo el personal recibe una inducción en normas de bioseguridad. Se utilizará vestimenta adecuada para realizar el trabajo con los animales.
- 2.- Se considera el uso de delantales, guantes, gafas, gabinete de bioseguridad para el trabajo con las bacterias en laboratorios clase 2. Se trabajará con vestimenta adecuada para trabajo con el parásito y se utilizarán los agentes químicos adecuados.
- 3.- Todo el material biológico utilizado será adecuadamente descontaminado antes de su eliminación. Los cadáveres de los animales serán incinerados.

Este proyecto fue revisado por el comité de bioseguridad en base a las especificaciones contenidas en el "Manual de Bioseguridad en el Laboratorio, de la Organización Mundial de la Salud (versión 2005)" y el "Manual de Bioseguridad de Conicyt" (versión 2008), que previenen los riesgos para las personas, los animales y el medioambiente.


LISETTE LAPIERRE ACEVEDO

Coordinadora
Comité de Bioseguridad





Anexo 4

RESOLUCIÓN EXENTA Nº:716/2016

AUTORIZA AL SEÑOR CRISTOBAL BRICEÑO U. LA CAPTURA DE ESPECIES DE FAUNA SILVESTRE CONSIDERADAS PERJUDICIALES O DAÑINAS EN ZONAS URBANAS DE LA REGIÓN METROPOLITANA.

Santiago, 03/ 02/ 2016

VISTOS:

Lo dispuesto en la Ley Nº 18.755 Orgánica del Servicio Agrícola y Ganadero, modificada por la Ley Nº 19.283, la ley Nº4.601 de Caza, modificada por la Ley Nº 19.473, de 1996; el D.S. Nº5, de 1998 y sus modificaciones, del Ministerio de Agricultura; la Resolución Nº 2.433 del 27 de abril de 2012 del Director Nacional del Servicio Agrícola y Ganadero, modificada por la Res. Exenta Nº437, del 21 de enero de 2013.

CONSIDERANDO:

1. Que la Ley Nº4.601 de Caza, modificada por la Ley Nº19.473, en su artículo 7º establece la prohibición de cazar o capturar animales de fauna silvestre en zonas urbanas, sin perjuicio de que el Servicio puede autorizar la caza o captura para determinados fines.
2. Que la especie *Myiopsitta monachus*, se encuentra catalogada como especie perjudicial o dañina en el artículo 6º del Decreto Supremo Nº05/98 y sus modificaciones.
3. Que el Sr. Cristóbal Briceño, mediante carta de diciembre 11 de 2015, solicita autorización para la captura y/o caza de ejemplares de la especie de *Myiopsitta monachus* para estudios de patógenos zoonóticos, en zonas urbanas de la Región Metropolitana.

RESUELVO:

1. Autorízase al señor Cristobal Briceño, RUT Nº13.068.715-6 la captura y/o caza de ejemplares de la especie *Myiopsitta monachus* con fines científicos.
2. Se autoriza la captura y/o caza de los ejemplares de *Myiopsitta monachus* (*Cotorra argentina*) en zonas urbanas de la Región Metropolitana, de forma manual y mediante trampas de malla.
3. La presente autorización tendrá una vigencia de tres años a partir de la fecha de la presente resolución.
4. En el caso que la captura de los individuos no sea efectuada, el Sr. Briceño deberá informar el hecho a la División de Protección de Recursos Naturales Renovables.
5. Toda infracción a las disposiciones contenidas en la Ley de Caza y su Reglamento, y a la autorización que se ha otorgado será sancionada por el Servicio Agrícola y Ganadero.

ANOTESE Y TRANSCRIBASE

**RAFAEL ASENJO FUENTEALBA
JEFE (S) DIVISIÓN PROTECCIÓN DE LOS
RECURSOS NATURALES RENOVABLES**

Anexos

Nombre	Tipo	Archivo	Copias	Hojas
Correo Información adicional	Digital			

Adjuntos

Documento	Fecha Publicación
553/2016 Registro de Ingreso de documento Externo	18/01/2016

RAF/DLL

Distribución:

- Cristian Ortega Pineda - Coordinador Transparencia SIAC - Or.OC
- Marcela Soledad Cespedes Moya - Secretaria Subdepto. de Vida Silvestre - Or.OC
- Natalia Paz Gonzalez Piña - Encargado Regional Protección Recursos Naturales SAG RM (S) Protección Recursos Naturales Renovables Región Metropolitana - Or.RM
- Oscar Enrique Concha Díaz - Director Regional Servicio Agrícola y Ganadero Región Metropolitana de Santiago - Or.RM

División Protección de los Recursos Naturales Renovables - Paseo Bulnes N° 140



El presente documento ha sido suscrito por medio de firma electrónica avanzada en los términos de la Ley 19.799 (Sobre Documentos Electrónicos, Firma Electrónica y Servicios de Certificación de dicha Firma), siendo válido de la misma manera y produciendo los mismos efectos que los expedidos por escrito y en soporte de papel, con firma convencional.

El documento original puede ser obtenido de:

<http://firmaelectronica.sag.gob.cl/SignServerEsign/visualizadorXML/C0C04985723B9A83320FE9A44022FFD50124ED30>

ANEXO 5: RESULTADOS DETECCIÓN *Cryptosporidium* spp.

MUESTRA	RESULTADO	MUESTRA	RESULTADO	MUESTRA	RESULTADO	MUESTRA	RESULTADO
CON 3	N	REC 26	N	MAI 4	N	SAN-FR 1	N
CON 5	N	REC 28	N	MAI 5	N	SAN-FR 2	N
CON 6	N	REC 29	N	MAI 6	N	SBE 2	N
CON 8	N	REC 25	N	REC 16	N	SBE 8	N
PRO 26	N	HUE 4	N	REC 17	N	SBE 10	N
PRO 28	P	LRE 30	N	REC 36	N	SBE 24	NA
PRO 2	N	MAC 8	NA	REC 15	N	SBE 25	N
SBE 20	N	LRE 1	N	REC 3	P	LCO 23	N
SBE 21	NA	LRE 2	N	REC 2	N	LCO 24	N
SBE 16	P	LRE 4	N	REC 4	N	LCO 26-P	P
SBE 19	N	LRE 6	N	CON 9	N	LCO 29	N
LRE 130	N	LRE 131	N	LCO 10	N	LCO 32	N
LRE 32	N	LRE 82	N	LCO 9	N	LCO 33	N
LRE 40	N	SAN 25	N	LCO 11	N	LCO 34	N
REC 1	N	SAN 26	NA	LCO 1	N	LPI 2	N
REC 23	N	SAN 35	N	PAL 7	N	LPI 6	N
MAC 4	N	SAN 7	N	PAL 4	N	LPI 8	N
MAC 5	N	SAN 26-R	P	PAL 6	N	LPI 9	N
MAC 6	N	SAN 8	N	PAL 1	N	LPI 10	N
PEÑ 9	P	SAN 12	N	PAL 2	N	PIR 1	NA
SAN 36	N	SAN 13	N	LGR 1	N	PIR 3	N
PRO 32	N	SAN 14	N	LGR 2	N	PIR 5	N
PRO 33	N	SAN 15	N	LGR 3	N	LCO 14	N
PRO 34	P	SAN 16	N	LGR 5	N	LCO 22	N
LRE 129-Q	N	SAN 18	NA	LCO 19	N	LCO 32	N
HUE 3	N	SAN 19	N	LCO 20	N	LRE 70	N
HUE 5	N	SAN 27	N	LCO 17	N	LRE 71	N
HUE 8	N	REC 6	N	LCO 8	N	LRE 72	N
SBE 22	N	REC 7	N	LCI 2	N	LRE 73	NA
SBE 1	N	REC 8	N	SAN 23	N	LRE 148	N
SBE 17	N	REC 9	N	SAN 22	N	LRE 149	N
PEÑ 2	N	REC 10	N	SAN 37	N	LRE 150	NA
PEÑ 12	N	REC 13	N	IND 7	N	LRE 151	N
PEÑ 13	N	REC 24	N	LFL 9	N	LRE 152	N
PEÑ 15	N	LRE 75	N	LFL 11	N	VIT 1	N
PEÑ 16	N	LRE 133	N	LFL 12	N	VIT 2	N
PEÑ 18	P	LRE 134	N	MAC 1	N	VIT 3	N
PRO 37	N	LRE 135	N	MAC 3	N	VIT 6	N
PRO 38	N	LRE 136	N	LRE 124-Q	N	VIT 8	N
PRO 40	N	LRE 67	N	SMI 10	N	VIT 11	N
LCO 25-Q	N	LRE 138	N	SMI 9	N	VIT 13	N
LCO 26-Q	N	LRE 139	N	SMI 6	N	VIT 19	N
LCO 27-Q	N	LRE 140	N	SMI 8	N	PRO 14	N
MAI 7	N	LRE 142	N	SMI 5	N	PRO 41	N
MAI 13	N	LRE 143	N	SMI 7	N	SAN CAIDO	N
MAI 15	P	PEÑ 20	N	LRE 38	NA	SAN 2	N
MAI 16	N	PEÑ 19	N	LRE 39	N	SAN 9	N
MAI 21	N	PEÑ 21	N	LRE 40	NA	SAN 38	N
MAI 22	N	PEÑ 22	N	REN 1	NA	SAN 39	N
MAI 24	N	PEÑ 23	N	MAI 10	N	PRO 42	N
LRE 42	N	PEÑ 24	N	MAI 21-P	N	PRO 44	N
LRE 43	P	SMI 11	N	MAI 17	N	PRO 45	N
LRE 129-P	P	SMI 4	N	REC 31	N		
LCO 15	N	SMI 12	N				

ANEXO 6: RESULTADOS DETECCIÓN *Campylobacter* spp.

MUESTRAS	RESULTADO	MUESTRAS	RESULTADO
POOL 1	N	POOL 32	N
POOL 2	N	POOL 33	N
POOL 3	N	POOL 34	N
POOL 4	N	POOL 35	N
POOL 5	N	POOL 36	N
POOL 6	N	POOL 37	N
POOL 7	N	PRO 2	N
POOL 8	N	REC 1	N
POOL 9	N	LCO 25	N
POOL 10	N	MAI 7	N
POOL 11	N	MAI 21	N
POOL 12	N	MAI 22	N
POOL 13	N	MAI 24	N
POOL 14	N	MAI 4	N
POOL 15	N	MAI 6	N
POOL 16	N	LGR1	N
POOL 17	N	SAN 22	N
POOL 18	N	SBE 16	N
POOL 19	N	MAI 17	N
POOL 20	N	REC 8	N
POOL 21	N	LCO 26	N
POOL 22	N	LCO 32	N
POOL 23	N	PRO 41	N
POOL 24	N	SAN CAIDO	N
POOL 25	N	SAN 39	N
POOL 26	N	PRO 42	N
POOL 27	N	PRO 44	N
POOL 28	N	PRO 45	N
POOL 29	N	LRE 147	N
POOL 30	N	LRE NN	N
POOL 31	N		

