

RESUMEN

La malaria aviar es una enfermedad causada por los parásitos del género *Plasmodium* y *Haemoproteus*, que comprometen la condición física y reproductiva de las aves, amenazando la conservación de especies endémicas. Actualmente, ya ha sido reportada en algunas áreas protegidas de las provincias de Esmeraldas, Pichincha, Morona Santiago, Napo, Orellana, Loja. Sin embargo, poco se sabe sobre su prevalencia en hábitats fragmentados, para ello en este estudio se compararon dos zonas, con y sin intervención humana, analizando 33 passerines del Bosque Valle Hermoso y 107 passerines del Bosque Protector Oglán Alto, mediante microscopía y PCR anidada. Los fragmentos de 478 pb del citocromo B fueron secuenciados, analizados en las bases de datos del GenBank - MalAvi mediante BLAST y analizados filogenéticamente mediante el método de máxima verosimilitud. En Valle Hermoso y Oglán Alto, se detectaron prevalencias de malaria aviar de 18.18% (6/33) y 3.81% (4/105) mediante microscopía, mientras que empleando PCR anidada aumentaron a 48.39% (15/31) y 17.14% (18/105), respectivamente. Las infecciones producidas por *Plasmodium* spp. no estuvieron asociadas a cada zona con diferente grado de intervención humana ($p > 0.05$), mientras que las infecciones por *Haemoproteus* spp. sí ($p < 0.05$). Finalmente, se hallaron 17 linajes de hemoparásitos, 8 de los cuales fueron identificados como linajes únicos, incluyendo 5 linajes de *Haemoproteus* en Valle Hermoso, un linaje de *Haemoproteus* y 2 de *Plasmodium* en Oglán Alto. Así, se concluyó que el hábitat fragmentado de Valle Hermoso promovió la prevalencia de malaria aviar en passerines silvestres, favoreciendo a la diversidad de *Haemoproteus* spp.

PALABRAS CLAVE:

- ***PLASMIDIUM***
- ***HAEMOPROTEUS***
- **MICROSCOPIA**
- **PCR ANIDADA**

ABSTRACT

Avian malaria is a disease caused by *Plasmodium* and *Haemoproteus* parasites, which compromise the physical and reproductive condition of birds, jeopardizing the endemic species conservation. Currently, it has already been reported in some protected areas in the provinces of Esmeraldas, Pichincha, Morona Santiago, Napo, Orellana, Loja. However, little is known about its prevalence in fragmented habitats, in this study, two zones were compared with and without human intervention, analyzing 33 passerines from Valle Hermoso Forest and 107 passerines from Oglan Alto Protected Forest, through microscopy and nested PCR. The 478 bp fragments of cytochrome B were sequenced, analyzed in the databases of GenBank - MalAvi by BLAST and phylogenetically analyzed through maximum likelihood method. In Valle Hermoso and Oglán Alto, avian malaria prevalences of 18.18% (6/33) and 3.81% (4/105) were detected by microscopy, while using nested PCR increased to 48.39% (15/31) and 17.14% (18/105), respectively. *Plasmodium* spp. infections were not associated with each area with a different degree of human intervention ($p>0.05$), while *Haemoproteus* spp. infections were ($p<0.05$). Finally, 17 hemoparasite lineages were found, 8 of which were identified as unique lineages, including 5 *Haemoproteus* lineages in Valle Hermoso, one *Haemoproteus* and 2 *Plasmodium* lineages in Oglán Alto. Thus, it was concluded that the fragmented habitat of Valle Hermoso promoted the prevalence of avian malaria in wild passerines, favoring the diversity of *Haemoproteus* spp.

KEYWORDS:

- *PLASMODIUM*
- *HAEMOPROTEUS*
- MICROSCOPY
- NESTED PCR