

Escuela Superior Politécnica del Litoral

Facultad de Ciencias de la Vida

**“Indicador de salud: parásitos haemosporidios en la comunidad de aves del
bosque seco tropical”**

PROYECTO DE TITULACIÓN

Previo a la obtención del Título de:

**MAGÍSTER EN BIOCENCIAS APLICADAS CON MENCIÓN EN
BIODESCUBRIMIENTO**

Presentada por:

Peter Andrés Pibaque Suárez

GUAYAQUIL – ECUADOR

Año: 2025

Agradecimientos

Agradezco a los integrantes del Laboratorio de Zoología – ESPOL, Centro de Investigaciones Biotecnológicas del Ecuador, Departamento de Comportamiento Animal – Universidad de Bielefeld, Arbofino, profesores, amigos, colegas y familiares que me ayudaron en todas las fases de esta maestría.

Declaración Expresa

Yo, Peter Andrés Pibaque Suárez acuerdo y reconozco que:

La titularidad de los derechos patrimoniales de autor (derechos de autor) del proyecto de graduación corresponderá al autor o autores, sin perjuicio de lo cual la ESPOL recibe en este acto una licencia gratuita de plazo indefinido para el uso no comercial y comercial de la obra con facultad de sublicenciar, incluyendo la autorización para su divulgación, así como para la creación y uso de obras derivadas. En el caso de usos comerciales se respetará el porcentaje de participación en beneficios que corresponda a favor del autor o autores. El o los estudiantes deberán procurar en cualquier caso de cesión de sus derechos patrimoniales incluir una cláusula en la cesión que proteja la vigencia de la licencia aquí concedida a la ESPOL.

La titularidad total y exclusiva sobre los derechos patrimoniales de patente de invención, modelo de utilidad, diseño industrial, secreto industrial, secreto empresarial, derechos patrimoniales de autor sobre software o información no divulgada que corresponda o pueda corresponder respecto de cualquier investigación, desarrollo tecnológico o invención realizada por mí durante el desarrollo del proyecto de graduación, pertenecerán de forma total, exclusiva e indivisible a la ESPOL, sin perjuicio del porcentaje que me corresponda de los beneficios económicos que la ESPOL reciba por la explotación de mi innovación, de ser el caso.

En los casos donde la Oficina de Transferencia de Resultados de Investigación (OTRI) de la ESPOL comunique al autor que existe una innovación potencialmente patentable sobre los resultados del proyecto de graduación, no se realizará publicación o divulgación alguna, sin la autorización expresa y previa de la ESPOL.

Guayaquil, 10 de julio de 2025

Peter Andrés Pibaque Suárez

Evaluadores

María Isabelita Jiménez Feijoó

Presidente del Tribunal

Paolo Michael Piedrahita Piedrahita

Tutor de Proyecto

José Luis Rivera Parra

Co-Tutor de Proyecto

Efrén Germán Santos Ordóñez

Docente Evaluador

Julián Alfredo Pérez Correa

Docente Evaluador

Resumen

Los parásitos haemosporidios aviarios (Orden: Haemosporidia) son el organismo causante de la malaria aviar y otras enfermedades que afectan a las aves a nivel mundial. Investigaciones referentes a este tema no han sido conducidas en el bosque seco deciduo, un ecosistema amenazado a nivel global y la avifauna presente en ellos. Se realizó un muestreo mediante la captura de aves por redes de neblina durante el año 2024 para obtener datos de morfología y muestras de sangre de aves en tres diferentes bosques deciduos del Ecuador. El análisis reveló infecciones de parásitos en especies sin registros previos: Saltón gorrinegro - *Arremon abeillei*, Reinita gris y dorada - *Myiothlypis fraseri* y Saltador listado - *Saltator striatipectus*. Pruebas estadísticas no mostraron diferencias en la condición corporal entre individuos infectados y no infectados de dos grupos de especies capturadas. Los resultados también mostraron casos de infección por parásitos no haemosporidios en dos especies sin registros previos de infecciones de parásitos. Este trabajo aporta con nuevos registros de parásitos de aves en el ecosistema del bosque seco deciduo, donde estudios de parasitología mediante técnicas de microscopía y de biología molecular en aves son escasos.

Palabras clave: Haemosporidios, parásitos sanguíneos, bosque seco deciduo, malaria aviar.

Abstract

Avian haemosporidian parasites (Order: Haemosporidia) are the causal organisms for avian malaria and other diseases that affect birds worldwide. Research on this topic has not been conducted in the dry deciduous forest, a globally endangered ecosystem, and the avifauna present in them. Sampling via mist netting was conducted during 2024 to obtain morphology data and blood samples for further evaluation by microscopy and molecular biology methods of birds captured in three deciduous dry forests in Ecuador. Analysis revealed infection by parasites on bird species without records of parasite transmission: Black-capped Sparrow - *Arremon abeillei*, Gray-and-gold warbler - *Myiothlypis fraseri* and Streaked saltator - *Saltator striatipectus*. Statistical testing showed no differences in body condition between infected and non-infected individuals of two groups of captured species. Results also showed infection by non-haemosporidian blood parasites on two species with no previous record of blood parasite infection. This research contributes new parasite observations on birds from the deciduous dry forests, a region where parasitology studies involving microscopy and molecular biology methods are scarce.

Keywords: Haemosporidians, blood parasites, deciduous dry forests, avian malaria.

Índice general

Resumen.....	I
Abstract.....	II
Índice general.....	III
Abreviaturas.....	V
Simbología.....	VI
Índice de figuras.....	VII
Índice de tablas	VII
Capítulo 1.....	1
1. Introducción	2
1.1 Descripción del problema	2
1.2 Justificación del problema	2
1.3 Objetivos	3
1.4 Marco teórico	3
Capítulo 2.....	7
2. Metodología	8
2.1 Sitio de estudio.....	8
2.2 Captura de aves y toma de muestras sanguíneas	9
2.3 Tinción y análisis de placas para identificación de parásitos haemosporidios	10
2.4 Análisis genético para identificación de haemosporidios	11
2.5 Parasitismo, índice de condición de aves y análisis correlacional	12
Capítulo 3.....	14
3. Resultados y análisis	15
3.1 Aves capturadas y muestras obtenidas.....	15
3.2 Morfometría, índice de condición y parasitismo de aves capturadas	16
Capítulo 4.....	21

4.	Discusión.....	22
4.1	Conclusiones	27
4.2	Recomendaciones	28
	Referencias.....	29
	Anexos	41

Abreviaturas

ADN	Ácido desoxirribonucleico
BVPP	Bosque y Vegetación Protector La Prosperina
BPCB	Bosque Protector Cerro Blanco
FA	Finca Armadillo
EDTA	Ácido etilendiaminotetraacético
ESPOL	Escuela Superior Politécnica del Litoral
PCR	Reacción en cadena de la polimerasa

Simbología

g	Gramo
ha	Hectárea
hr	Hora
m	Metro
μm	Micrómetro
μg	Microgramo
mm	Milímetro
ml	Mililitro

Índice de figuras

Figura 1. Especies de aves capturadas en BVPP y parásitos detectados	17
Figura 2. Gel de agarosa 1.5%, resultado de análisis por PCR.....	17
Figura 3. Especies de aves capturadas y parásitos no haemosporidios detectados.....	18
Figura 4. Índice de condición C_0 de especies <i>Arremon abeillei</i> y <i>Myiothlypis fraseri</i>	20

Índice de tablas

Tabla 1 Rasgos taxonómicos utilizados para la identificación de parásitos haemosporidios....	10
Tabla 2 Especies de aves capturadas, prevalencia y detección de parásitos.....	15
Tabla 3 Intensidad de infección en casos detectados por microscopía	18
Tabla 4 Índice de condición de las especies <i>Arremon abeillei</i> y <i>Myiothlypis fraseri</i>	19
Tabla 5 Parásitos haemosporidios observados mediante microscopía	23

Capítulo 1

1. Introducción

1.1 Descripción del problema

Los parásitos haemosporidios (Apicomplexa: Haemosporida) son un grupo de protistas que están distribuidos globalmente, presentan una gran diversidad y multitud de hospederos en aves y reptiles (Valkiūnas, 2005). En aves, este grupo de microorganismos son el agente responsable de la malaria aviar (Valkiūnas & Iezhova, 2018) además de afectar procesos biológicos como el éxito reproductivo (Bosholn et al., 2016), tasas de supervivencia (Ashgar et al., 2016) e incluso han sido relacionados a eventos de extinción de especies endémicas en ecosistemas vulnerables como los bosques tropicales insulares (Atkinson, 2009). En Ecuador los trabajos de investigación relacionados a este grupo son limitados, en la región Costa, solo existen registros de haemosporidios en aves pertenecientes al bosque húmedo del Chocó (de Aguilar, 2018), mientras que el ecosistema de bosque seco tropical solo ha sido evaluado una vez, demostrando la existencia de nuevas especies hospederas de parásitos haemosporidios (Pibaque & Piedrahita, 2022).

Dada a la alta diversidad de aves en la región Neotropical (Lees et al., 2022), se ha propuesto la hipótesis de que también existe una alta diversidad de parásitos haemosporidios en la región (Ellis et al., 2020; Moens & Pérez-Tris, 2016; Ricklefs et al., 2017), por lo cual el presente estudio presentará datos novedosos acerca de la biodiversidad en un grupo de microorganismos que cuenta con un número muy limitado de estudios (Álvarez-Mendízabal et al., 2024).

1.2 Justificación del problema

Adicionalmente al vacío en la literatura científica referente a la presencia de parásitos haemosporidios en la región, los ecosistemas, salud animal y sus efectos en el desarrollo

humano son temas de interés contemporáneo en el enfoque “Una sola salud” de la Organización Mundial de la Salud (OMS, 2023). Dado que el ecosistema de bosque seco tropical alberga varias especies de aves endémicas a nivel regional, las cuales pueden consideradas como valores de conservación, investigaciones referentes a parásitos haemosporidios son relevantes en esta agenda, ya que proveen de datos que pueden ser utilizados para la toma de decisiones asociadas a temas de salud, manejo y conservación de ecosistemas y especies tanto a nivel local como regional.

1.3 Objetivos

1.3.1 Objetivo general

Determinar la presencia de parásitos haemosporidios en avifauna perteneciente al ecosistema de bosque seco tropical mediante técnicas de microscopia y de biología molecular para la evaluación del estado de salud de la avifauna y la prevalencia y diversidad de parásitos.

1.3.2 Objetivos específicos

Identificar mediante análisis de microscopía y moleculares nuevos registros de parásitos haemosporidios.

Determinar especies de aves hospederas, sus parásitos asociados y su correlación mediante la evaluación de características morfométricas de los hospederos.

Estandarizar una metodología para la detección de parásitos haemosporidios de aves, adaptado a los laboratorios en la Escuela Superior Politécnica del Litoral.

1.4 Marco teórico

Los parásitos haemosporidios (Apicomplexa: Haemosporida) son un grupo de tres géneros de protistas: *Haemoproteus*, *Plasmodium* y *Leucocytozoon*, son parásitos heteroxenos

obligados, en vertebrados estos se alojan en células sanguíneas, principalmente eritrocitos y tejidos de sus huéspedes (Valkiūnas, 2005). Los vectores de transmisión de estos microorganismos son dípteros hematófagos de las familias: Hippoboscidae, Ceratopogonidae y Simuliidae (Chakarov et al., 2020; Hellgren et al., 2008; Malmqvist et al., 2004), el ciclo de vida de los haemosporidios involucra fases tanto en hospederos como vectores, los cuales al alimentarse de la sangre de vertebrados infectados ocasionan su transmisión (Sunantaraporn et al., 2022).

Las infecciones por haemosporidios en aves duran años o inclusive pueden permanecer latentes durante toda la vida (Valkiūnas & Atkinson, 2020). La enfermedad principal causada por estos parásitos es la malaria aviar, causada por parásitos del género *Plasmodium* (Rivero & Gandón, 2018), enfermedad que afecta la hematología (Schoenle et al., 2017), desarrollo de tejidos (Coon et al., 2016) y condición física (Ellis et al., 2015). Por otro lado, los efectos negativos ocasionados por *Haemoproteus* están relacionados a elevación de tasas de mortalidad (Marzal et al., 2015), pérdida de masa (Valkiūnas et al., 2006) y disminución de tasas de supervivencia (Martínez-de la Puente et al., 2010), mientras que se ha demostrado que *Leucocytozoon* afecta caracteres sexuales como el canto (Gilman et al., 2007) además de la condición corporal (Martín-Maldonado et al., 2023).

El impacto de los haemosporidios sobre la condición corporal de sus hospederos ha sido evaluado mediante el estudio de conteos de células sanguíneas (Granthon & Williams, 2017) o parámetros morfológicos (De La Torre et al., 2020). En base a estos parámetros es posible el cálculo de índices de condición (Peig & Green, 2009) relacionados a mediciones de masa y tamaño (Schulte-Hostedde et al., 2005), que pueden ser utilizados para identificar la variación entre los individuos de una población afectada por estos microorganismos (Sánchez et al., 2018), los cuales afectan de manera generalizada a diversos grupos de aves a escala global (Doussang et al., 2021).

A pesar de que estos parásitos han sido descritos a nivel global, excepto las regiones polares, los esfuerzos de investigación respecto al tema tienen un sesgo geográfico en Norteamérica y Europa (Clark et al., 2014). La región Neotropical, un hotspot de diversidad biológica (Prieto-Torres et al., 2020), no ha sido evaluada completamente para la presencia de protozoos, tales como los parásitos haemosporidios en sus ecosistemas (Ellis et al., 2020), con la mayoría de observaciones llevadas a cabo en Brasil, Perú y Colombia (Álvarez-Mendizábal et al., 2024).

El bosque seco tropical es uno de los ecosistemas más amenazados a nivel mundial (Prieto-Torres et al., 2021) y está catalogado como ecosistema “En peligro crítico” por la IUCN (Ferrer-Paris et al. 2019). Se ha identificado a las actividades antropogénicas como el principal agente de cambio y las aves como un grupo representativo para determinar el estado de conservación en este ecosistema, del cual se ha perdido el 75% de su extensión en Ecuador (Prieto-Torres et al., 2020; Portillo-Quintero & Sánchez-Azofeifa., 2010).

De acuerdo con BirdLife International (2025), Ecuador está en la quinta posición a nivel mundial respecto a la riqueza de aves con 1626 especies, a pesar de esto, los estudios de parásitos haemosporidios en el país son escasos, en la revisión de parásitos haemosporidios en la región Neotropical realizada por Ellis et al. (2020), Ecuador es mencionado brevemente y acorde a Álvarez-Mendizábal et al. (2024), Ecuador es el país con menos registros de protozoos, grupo al que los parásitos haemosporidios pertenecen, en América del Sur.

La detección de parásitos haemosporidios en aves es realizada mediante el análisis de muestras de sangre (Valkiūnas, 2005) de individuos capturados por medio del uso de redes de neblina (Spotswood et al., 2011) o trampas (Gosler, 2004). La sangre extraída es utilizada para crear placas que serán observadas mediante técnicas de microscopia (Clark et al., 2009) y su posterior almacenamiento en medios de conservación (Di Lecce et al., 2022). La identificación

morfológica de parásitos se realiza mediante claves taxonómicas, las cuales describen los parámetros morfológicos de los haemosporidios en su estadio de vida dentro de los eritrocitos de sus hospederos, donde dependiendo del tamaño y estructuras internas de los parásitos pueden ser clasificados como macro- o micro-gametocitos (Valkiūnas, 2005; Valkiūnas & Iezhova, 2018; Valkiūnas & Iezhova, 2022). Adicionalmente existen protocolos de PCR que permiten la amplificación de ciertas regiones del citocromo-b del ADN mitocondrial de parásitos haemosporidios (Ciloglu et al., 2019; Hellgren et al., 2004; Pérez-Rodríguez et al., 2013; Waldenstrom et al., 2004), cuyos resultados pueden ser secuenciados mediante la técnica Sanger (Barrow et al., 2018) o secuenciación de siguiente generación (Yeo et al., 2022), y mediante el uso de la base de datos MalAvi (Bensch et al., 2009) es posible la comparación y registro de observaciones a diferentes escalas.

En la actualidad solo existe una publicación (Pibaque & Piedrahita, 2022) referente a parásitos haemosporidios en aves del bosque seco tropical en Ecuador, donde se confirmó la presencia de *Haemoproteus* en muestras de sangre de aves mediante técnicas de microscopía. El presente trabajo es una continuación de esta línea de investigación, con la adición del uso de técnicas de biología molecular para la identificación de parásitos previamente no descritos y su posible correlación sobre la condición corporal de sus aves hospederas.

Capítulo 2

2. Metodología

2.1 Sitio de estudio

El presente estudio se desarrolló en tres áreas: Bosque y Vegetación Protector La Prosperina - BVPP, Caseta Jaguar en Bosque Protector Cerro Blanco – BPCB y Finca Armadillo, Arbofino AG – FA. Los sitios BVPP y BPCB fueron elegidos debido a su representatividad como remanentes de bosque seco tropical en ambientes urbanizados, mientras que el sitio FA, fue sugerido como parte de una colaboración académica con Arbofino AG.

El BVPP es un área protegida de 265 ha. donde el ecosistema predominante es el bosque seco tropical (ESPOL, 2023). En este ecosistema predominan plantas como Ceibo – *Ceiba trischistandra*, Bototillo – *Cochlospermum vitifolium*, Palo santo – *Bursera graveolens*, Amarillo – *Centrolobium ochroxylum* entre otras (ESPOL, 2023), respecto a la avifauna se han reportado 214 especies de aves (ESPOL, 2023), 27 endémicas de la región tumbesina tales como: Saltón gorrinegro – *Arremon abeillei*, Pecholuna elegante – *Melanopareia elegans* y Mirlo ecuatoriano – *Turdus maculirostris*. Adicionalmente se realizó un muestreo en el área “Caseta Jaguar” en Bosque Protector Cerro Blanco - BPCB, ecosistema que comparte vegetación y avifauna similar al BVPP.

De igual manera, se muestreó en el área de conservación del sitio “Finca Armadillo” – FA de 103 ha., propiedad de la empresa Arbofino AG en el cantón Pichincha, provincia de Manabí, zona de transición del bosque seco tropical a bosque húmedo tropical del Chocó (Segarra, 2024), caracterizado por plantas como: Caucho – *Castilla elastica*, Bototillo – *Cochlospermum vitifolium* y Guava – *Inga spp.* (Ramón, *comm. pers*), entre las especies de aves registradas en el sitio se encuentran: Batarito cabecigrís – *Dysithamnus mentalis*, Arasari

collarejo – *Pteroglossus torquatus*, Momoto gritón – *Momotus subrufescens*, entre otras (Obs. pers.).

2.2 Captura de aves y toma de muestras sanguíneas

En BVPP, la captura de aves se realizó en los puntos: 2°8'54"S, 79°57'25"O, 100 m.s.n.m. y 2°9'7"S, 79°57'51"O, 144 m.s.n.m. mediante el uso de seis redes de neblina, una de 12 x 3 m y cinco de 2.1 x 2.4 m con ojo de malla de 30 mm, durante el período Mayo a Diciembre de 2024. Las redes fueron abiertas a partir de las 06h00 hasta las 12h00 durante 96 horas por red y un total de 576 horas.

En FA, la captura fue realizada en el punto: 0°58'13" S, 79°52'3" O, 377 m.s.n.m., con cinco redes de neblina de 3x5 m con ojo de malla de 30 mm en una visita en el mes de abril de 2024, durante 30 horas por red y un total de 150 horas.

En BPCB, se realizó una sesión de captura de aves en el punto: 2°8'8" S, 80°5'27" O, 132 m.s.n.m. con una red de neblina de 12x3 m y tres de 2.1 x 2.4 m con ojo de malla de 30 mm, en el mes de julio de 2024, durante 10 horas por red y un total de 40 horas.

Los sitios donde fueron desplegadas las redes de neblina fueron elegidos a discreción del investigador debido a su facilidad de acceso y sugerencias de observadores de aves, en muestreos oportunos.

En cada ave capturada se midieron parámetros morfométricos: masa, largo, ancho y profundidad de pico, longitud de ala y metatarso. Las muestras sanguíneas fueron obtenidas mediante la punción de la vena braquial (Campbell, 2015) usando agujas desechables estériles (Fortune Medical Company, Tianchang, China), entre 5 y 10 µl de sangre fueron extraídos mediante el uso de un tubo capilar heparinizado. Utilizando una cantidad inferior a una gota se procedió a la preparación de placas sanguíneas (Santiago-Alarcón & Carbo-Ramírez, 2015), el

resto de la sangre en el tubo capilar fue transferida a un tubo Eppendorf el cual estaba lleno con 1.5 ml de Etanol Absoluto para su análisis genético posterior. En un subconjunto de muestras se utilizó EDTA como agente de fijación para análisis genéticos y su posterior evaluación en comparación al Etanol Absoluto.

Al final de la extracción de sangre cada ave fue liberada luego de realizar un corte en la parte terminal de la segunda pluma rectriz del ala derecha para evitar muestreos en recapturas (Silvy et al., 2012), el tiempo de procesamiento de cada ave fue de aproximadamente 10 minutos. Debido a limitaciones logísticas, muestras genéticas no fueron tomadas en el sitio de estudio FA.

2.3 Tinción y análisis de placas para identificación de parásitos haemosporidios

La tinción de las placas sanguíneas se realizó de acuerdo a Valkiūnas (2005), con una solución de Giemsa (Sigma-Aldrich, Darmstadt, Alemania) durante un período de 1 hr. Las placas fueron observadas mediante una cámara digital 60MP FHD Camera V8 (Eakins, Shanghai, China) adaptada a un microscopio óptico Micros MC100 (MICROS Austria Produktions, St. Veit, Austria) bajo una magnificación de 400x durante un período de 30 minutos por placa (Cadena-Ortiz et al., 2018). Mediante el uso del software Micro-Manager 2.0 (Edelstein et al., 2014) y Fiji-ImageJ (Schindelin et al., 2012) se tomaron fotografías de alta resolución para la identificación de haemosporidios. La identificación de caracteres taxónomicos fue realizada mediante la consulta de Valkiūnas & Iezhova (2022), Valkiūnas & Iezhova (2018) y Valkiūnas (2005), en la Tabla 1 se presentan los caracteres taxonómicos utilizados para la identificación de parásitos haemosporidios, los parásitos que encuentran en estados iniciales de desarrollo no pueden ser identificados debido a que no se pueden observar las características específicas de *Haemproteus*, *Plasmodium* y *Leucocytozoon*.

Tabla 1

Rasgos taxonómicos utilizados para la identificación de parásitos haemosporidios asociados a la avifauna

Parásito	Rasgos taxonómicos	Referencia
<i>Haemoproteus coatneyi</i>	Núcleo en posición terminal	Valkiunas & Iezhova, 2022
	Gametocito en forma de mancuerna que rodea al núcleo del eritrocito	
	Citoplasma de eritrocito no se deforma, creando una estructura en forma de globo en área de citoplasma no infectada	
No es posible identificar	Inclusiones dentro del citoplasma de eritrocitos se asemejan a microgametocitos de los géneros <i>Haemoproteus</i> y <i>Plasmodium</i>	Valkiunas, 2005
<i>Haemoproteus vireonis</i>	Gametocito que envuelve completa o parcialmente al núcleo del eritrocito infectado.	Valkiunas & Iezhova, 2022
	Pigmentos granulares marcados en citoplasma de gametocito	

2.4 Análisis genético para identificación de haemosporidios

A partir de las muestras fijadas en etanol absoluto y EDTA se realizó la extracción de ADN mediante un protocolo estándar de fenol-cloroformo (Chakarov, comm. pers.), la concentración de ADN fue determinada mediante el uso de un espectrofotómetro Nanodrop 2000 (Thermo Scientific, Waltham MA, USA). Una concentración de ADN entre 20 y 200 ng/μl fue determinada como aceptable para realizar el ensayo de PCR (Chakarov, comm. pers.), si la concentración de ADN excedía los 200 ng/μl se procedió a diluir el ADN a una concentración de 30 ng/μl, añadiendo la cantidad necesaria de agua ultrapura para llegar a la concentración deseada. El protocolo de PCR anidada se basó en Pérez-Rodríguez et al. (2013) con el objetivo de obtener un amplicon de 542 pb del citocromo b del genoma mitocondrial de parásitos haemosporidios luego de la reacción final de la PCR anidada. Este protocolo consiste en dos pasos de amplificación: el primer paso de amplificación fue realizado con los primers Plas1F (5'- GAG AAT TAT GGA GTG GAT GGT G -3') y HaemNR3 (5'- ATA GAA AGA TAA GAA ATA CCA TTC-3'), el perfil de temperatura para esta PCR fue 10 min a 95°C seguido de 25 ciclos de 30 s a 95°C, 30 s a 48°C y 1 min a 72°C, luego de esto se realizó una

segunda PCR usando el producto amplificado de la primera reacción sin diluir como muestra y los primers internos 3760F (5'- GAG TGG ATG GTG TTT TAG AT -3') y HaemJR4 (5'- GAA ATA CCA TTC TGG AAC AAT ATG -3') para la detección de *Haemoproteus*, *Plasmodium* y *Leucocytozoon*. El perfil de temperatura fue igual al de la primera reacción con un período de 35 ciclos. Cada reacción de PCR fue realizada en un volumen total de 10 µl conformados por 5 µl de 2X GoTaq® Master Mix (M712, Promega, concentración final de 1x), 200 nM de cada primer y 1 µl de muestra de ADN extraído o de producto de PCR, respectivamente; y completándose a 10 µl con H₂O ultrapura. Los productos de la segunda reacción de la PCR fueron visualizados en un gel de agarosa al 1.5% con tinción SYBR™ SAFE (Invitrogen, E.E.U.U.) para verificar la existencia de infección por haemosporidios al visualizarse un amplicon de ADN de haemosporidios del tamaño deseado, 542 pb mediante el uso del marcador molecular TrackIt de 100 pb (Invitrogen, E.E.U.U.).

2.5 Parasitismo, índice de condición de aves y análisis correlacional

Mediante el análisis del modelo de regresión lineal de las medidas metatarso y masa, se puede obtener un índice de condición corporal en base a los residuales de este modelo, que puede ser utilizado para el análisis estadístico en vertebrados como las aves (Schulte-Hostedde et al., 2005). Un residual positivo denota a individuos cuya masa corporal es mayor a la esperada por su tamaño mientras que el negativo indica a una masa corporal menor a la esperada (Michlanski et al. 2025). Estos valores fueron utilizados para realizar una comparación estadística mediante la prueba de Kruskal-Wallis (Dytham, 2011) y comprobar si existen diferencias entre la condición de aves infectadas y no infectadas por haemosporidios. El cálculo de índice de condición se realizó mediante la obtención de los residuales de una regresión lineal de los parámetros masa y longitud de metatarso acorde a Schulte-Hostedde et al. (2005).

A partir de la inspección de las placas sanguíneas se procedió a calcular la prevalencia de infección total y por especie (Huyvaert, 2020) en todo el conjunto de muestras, además de verificar cualitativamente la presencia de otros organismos asociados al tejido sanguíneo como *Trypanosoma sp.* y microfilarias (Clark et al., 2009). En cada placa donde se observaron estructuras consistentes con infección por heamosporidios se calculó la intensidad promedio de infección: número de eritrocitos infectados por cada 6000 células no infectadas (Reiczigel et al., 2019; Santiago-Alarcón & Carbo-Ramírez, 2015), finalmente se verificó mediante la prueba Mann-Whitney-Wilcoxon existen diferencias entre el índice de condición en aves infectadas y no infectadas (Dytham, 2011). La evaluación de diferencias entre índices de condición fue realizada en especies en las cuales se logró capturar al menos cinco individuos, cantidad recomendada como mínima para su evaluación (Ellis et al., 2020). Todos los análisis estadísticos fueron realizados en el software R-Studio v2024.12.0 (Posit Team, 2024).

Capítulo 3

3. Resultados y análisis

3.1 Aves capturadas y muestras obtenidas

Se capturó un total de 96 individuos pertenecientes a 18 familias y 6 órdenes (Tabla 2). Se utilizó la taxonomía de Clements et al. (2024) para la identificación de las especies de aves capturadas. Debido a que la extracción de sangre en especies de la familia Trochilidae, es realizada mediante la punción de la vena yugular, lo cual aumenta el riesgo de eventos de mortalidad (Clark et al., 2009), estas fueron excluidas del presente estudio. La extracción de ADN de muestras genéticas conservadas en EDTA no fue exitosa, se presentó contaminación en la extracción, por lo cual estas muestras no fueron consideradas para el análisis molecular.

Tabla 2

Especies capturadas en el presente estudio en tres áreas de bosque seco tropical durante el año 2024. Se indican porcentajes de prevalencia por especie y general, además del resultado de la evaluación por microscopía y biología molecular.

Familia	Especies capturadas	Sitio de Captura	Capturas	# de casos de infección	Prevalencia [%]	Detección Microscopía	Detección PCR
Bucconidae	<i>Malacoptila panamensis</i>	FA	1	0			
Columbidae	<i>Leptotila ochraceiventris</i>	BPCB	1	0			
	<i>Leptotila verreauxi</i>	BVPP	1	0			
Fringillidae	<i>Euphonia xanthogaster</i>	FA	1	0			
Furnariidae	<i>Campylorhamphus pusillus</i>	FA	1	0			
	<i>Dendrocincla fuliginosa</i>	BPCB	1	0			
	<i>Lepidocolaptes souleyetii</i>	BVPP	4	0			
Melanopareiidae	<i>Melanopareia elegans</i>	BVPP	2	0			
Momotidae	<i>Momotus subrufescens</i>	FA	1	0			
Onychorhynchidae	<i>Onychorhynchus coronatus</i>	FA	1	0			
	<i>Myiothlypis fraseri</i>	BVPP, FA	10	2	20	Si	Si
Passerellidae	<i>Arremon aurantirostris</i>	FA	1	0			
	<i>Arremon abeillei</i>	BVPP	11	4	36	Si	Si
Pipridae	<i>Manacus manacus</i>	FA	1	0			
Poliotilidae	<i>Poliotila plumbea</i>	BVPP	1	0			
Ramphastidae	<i>Pteroglossus torquatus</i>	FA	2	0			
Thamnophilidae	<i>Dysithamnus mentalis</i>	FA	1	1		Si**	
	<i>Thamnophilus bernardi</i>	BVPP	3	1	33		Si

Thraupidae	<i>Sicalis flaveola</i>	BVPP	2	0			
	<i>Saltator maximus</i>	FA	1	0			
	<i>Saltator striatipectus</i>	BVPP	3	1	33		Si
	<i>Sporophila corvina</i>	BVPP	3	0			
	<i>Volatinia jacarina</i>	BVPP	16	0			
Trochilidae*	<i>Amazilis amazilia</i>	FA	2	0			
	<i>Amazilia tzacatl</i>	FA	1	0			
	<i>Phaetornis longirostris</i>	FA	10	0			
Turdidae	<i>Turdus maculirostris</i>	BVP	2	0			
Tyrannidae	<i>Mionectes oleagineus</i>	FA	2	0			
	<i>Euscarthmus fulviceps</i>	BVPP	3	0			
	<i>Myiophobus crypterythrus</i>	BVPP	1	0			
	<i>Tolmomyias sulphurescens</i>	BVPP	1	0			
	<i>Cyclarhis gujanensis</i>	BVPP	3	1	33		Si***
Vireonidae	<i>Vireo chivi</i>	BVPP	1	1	100		Si Si
				# total de capturas			96
				# total de ind. infectados			12
				Prevalencia general			13%

BVPP: Bosque y Vegetación Protector Prosperina
 FA: Finca Armadillo
 BPCB: Bosque Protector Cerro Blanco
 *Trochilidae excluidos de análisis
 **Registro de microfilarias
 ***Registro de *Trypanosoma sp.*

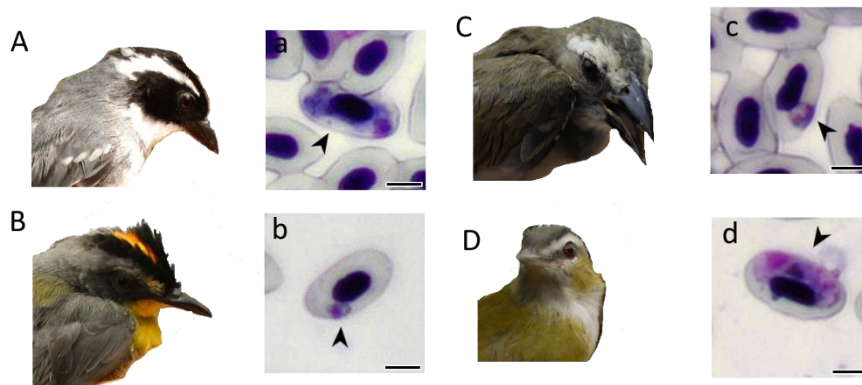
3.2 Morfometría, índice de condición y parasitismo de aves capturadas

Las medidas de cada ave fueron registradas. Mediante el análisis de microscopía de 124 placas sanguíneas, se detectaron 9 individuos infectados por parásitos haemosporidios, mientras que, el análisis por medio de la técnica de PCR anidada detectó 7 individuos infectados. Todos los casos de infección por haemosporidios fueron registrados en aves capturadas en el sitio BVPP con una intensidad de infección menor al 1% para todas las placas donde se observaron haemosporidios (Tabla 3).

Mediante el análisis de placas sanguíneas por microscopía (Fig. 1) se detectó infecciones en las especies *Arremon abeillei* (Passerellidae), *Myiothlypis fraseri* (Parulidae), *Saltator striatipectus* (Thraupidae) y *Vireo chivi* (Vireonidae), todas las infecciones detectadas por microscopia también fueron detectadas mediante la técnica de PCR anidada, excepto en el caso de *Saltator striatipectus*.

Figura 1

Especies de aves capturadas en BVPP y parásitos detectados en muestras sanguíneas colectadas durante el año 2024. (A) *Arremon abeillei*, (a) *Haemoproteus coatneyi*, (B) *Myiothlypis fraseri*, (b) Desconocido, (C) *Saltator striatipectus*, (c) Desconocido, (D) *Vireo chivi* (d) *Haemoproteus vireonis*. Barra de escala: 2 μ m



En una especie se registró infección por haemosporidios por el método de PCR anidada (Fig. 2): *Thamnophilus bernardi* (Thamnophilidae). Las placas sanguíneas obtenidas de esta especie no mostraron indicios de infección por haemosporidios.

Figura 2

(A,B) Electroforesis en gel de agarosa al 1.5%, de los productos de la segunda reacción de PCR. La presencia de amplicones indican la presencia de parásitos haemosporidios. Flecha: (A) Amplificación no específica de ADN extraído de *Melanopareia elegans*. Cabeza de flecha: (B) Muestra positiva, ADN extraído de macho de *Thamnophilus bernardi*. (C) *Melanopareia elegans*. (D) *Thamnophilus bernardi*. Bandas no señaladas pertenecen a muestras obtenidas de las especies *Arremon abeillei*, *Myiothlypis fraseri* y *Vireo chivi*. Recuadros rojos: banda de 600 pb.

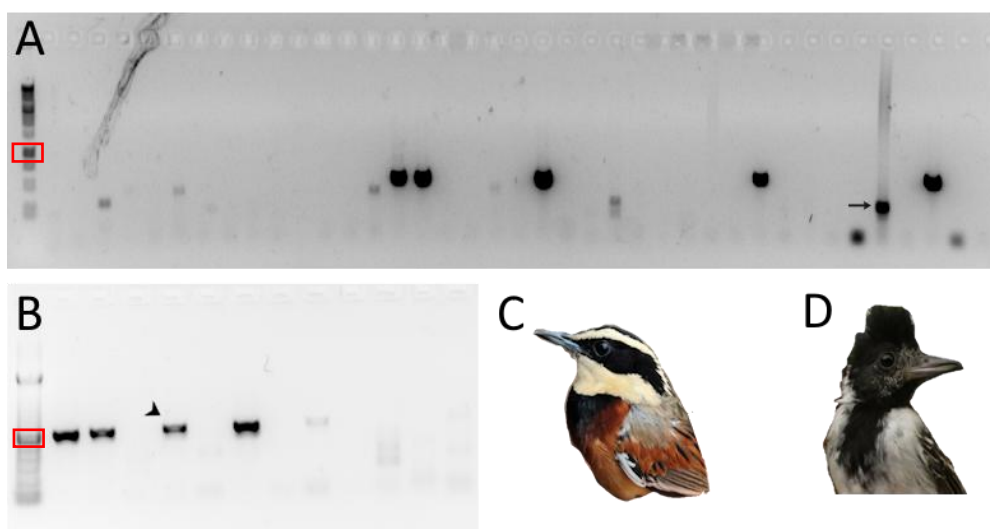


Tabla 3

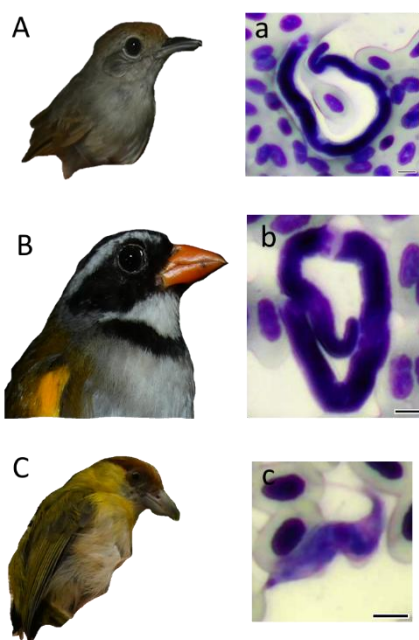
Intensidad de infección en casos detectados por microscopia de aves capturadas durante el año 2024, los conteos mostrados se realizaron en un total de 6000 eritrocitos

Familia	Especie	Placa	Número de eritrocitos infectados
Passerellidae	<i>Arremon abeillei</i>	1	29
		2	14
		3	8
		4	11
Parulidae	<i>Myiothlypis fraseri</i>	1	10
		2	10
Thraupidae	<i>Saltator striatipectus</i>	1	13
Vireonidae	<i>Vireo chivi</i>	1	34

Además de parásitos haemosporidios, se detectaron un caso de presencia de microfilarias (Orden: Rhabditida) y otro de *Trypanosoma sp.* (Orden: Trypanosomatida) mediante la técnica de microscopia en las placas de sangre obtenidas (Fig. 3) en las especies *Dysithamnus mentalis* (Thamnophilidae) y *Cyclarhis gujanensis* (Vireonidae) de los sitios FA y BVPP, respectivamente.

Figura 3

Especies de aves capturadas en el presente estudio y parásitos no haemosporidios detectados en muestras sanguíneas. (A) Hembra de Dysithamnus mentalis, (a) Microfilaria, (B) Arremon aurantirostris, (b) Microfilaria, (C) Cyclarhis gujanensis, (c) Trypanosoma sp. Barra de escala: 2 µm



La prevalencia de parásitos haemosporidios en todas las aves capturadas fue 13% (Tabla 1). Se calculó el índice de condición (Tabla 3, Figura 4) para las especies: *Arremon abeillei* (Passerellidae) y *Myiothlypis fraseri* (Parulidae).

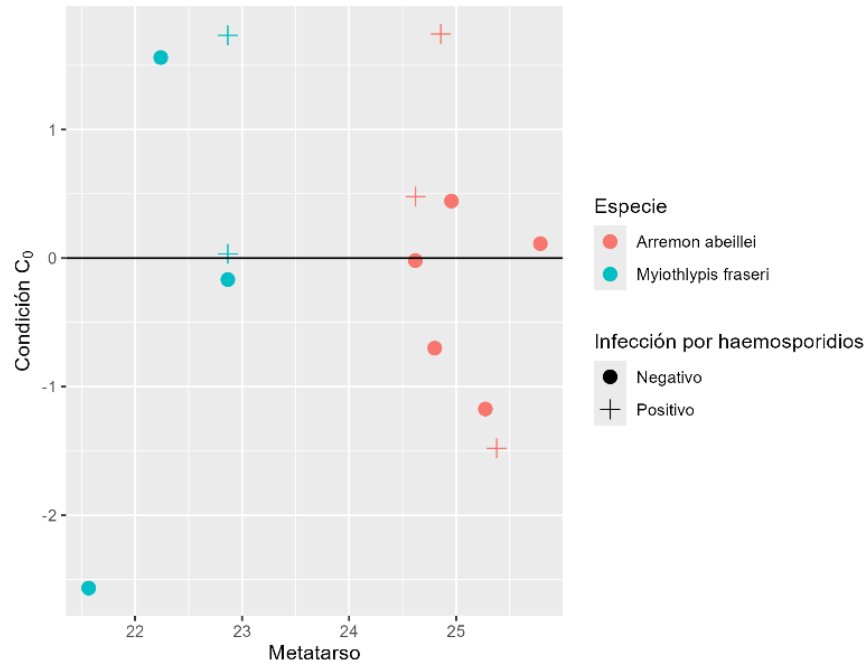
Tabla 4

Índice de condición de las especies Arremon abeillei y Myiothlypis fraseri, el índice fue calculado mediante una regresión lineal de los valores de masa y longitud de metatarso. Valores mayores indican una mejor condición del individuo

Individuo	Especie	Longitud de metatarso [mm]	Masa [g]	Índice de condición
1	<i>Arremon abeillei</i>	25,1	24,0	0,17
2	<i>Arremon abeillei</i>	26,6	25,2	1,65
3	<i>Arremon abeillei</i>	25,4	25,7	0,44
4	<i>Arremon abeillei</i>	23,9	27,9	-1,09
5	<i>Arremon abeillei</i>	24,1	27,4	-0,88
6	<i>Arremon abeillei</i>	24,1	24,9	-0,84
7	<i>Arremon abeillei</i>	24,6	24,0	-0,32
8	<i>Arremon abeillei</i>	25,9	30,0	0,87
1	<i>Myiothlypis fraseri</i>	19,0	8,3	-0,91
2	<i>Myiothlypis fraseri</i>	23,8	11,8	1,90
3	<i>Myiothlypis fraseri</i>	24,6	15,0	0,87
4	<i>Myiothlypis fraseri</i>	22,9	15,0	-0,82
5	<i>Myiothlypis fraseri</i>	22,7	15,0	-1,02

Figura 4

Diagrama: “Índice de condición C_0 ” basado en la regresión lineal de masa y longitud de metatarso para cada individuo de las especies *Arremon abeillei* y *Myiothlypis fraseri*. Cruces denotan individuos infectados por haemosporidios



No se encontraron diferencias significativas entre los índices de condición en aves infectadas y no infectadas para las especies *Arremon abeillei* (Mann-Whitney, $W = 5$, $p \gg 0.05$) y *Myiothlypis fraseri* (Mann-Whitney, $W = 1$, $p \gg 0.05$), en contraste, se encontraron diferencias significativas entre los índices de condición de las especies capturadas (Kruskal-Wallis, $H = 29.6$, g.l. = 4, $p < 0.05$).

Capítulo 4

4. Discusión

El presente trabajo es la primera evaluación de infecciones por haemosporidios mediante el uso de técnicas de microscopía y biología molecular en el bosque seco tropical, adicionalmente se estableció un índice de condición corporal en aves capturadas mediante el uso de redes de neblina, resaltan especies en estado de conservación “Casi amenazado” como: *Arremon abeillei*, *Myiothlypis fraseri*, *Onychorhynchus coronatus* y *Pteroglossus torquatus*, además de una especie catalogada como “Vulnerable”: *Leptotila ochraceiventris* por la Lista Roja de Aves del Ecuador (Freile et al., 2023). No se encontraron diferencias significativas entre los índices de condición corporal entre aves infectadas y no infectadas por haemosporidios, adicionalmente, se realizó una comparación de las especies infectadas encontradas en el presente estudio y la base de datos MalAvi (Bensch et al., 2009), las especies *Vireo chivi*, *Myiothlypis fraseri* y *Thamnophilus bernardi* tienen registros de parásitos haemosporidios de los géneros *Haemoproteus* y *Plasmodium*. Para la especie *Arremon abeillei* se ha registrado por primera vez parásitos haemosporidios por metodologías de biología molecular. Se ha detectado por primera vez parásitos haemosporidios en *Saltator striatipectus* mediante técnicas de microscopía.

Debido a que *Vireo chivi*, se encuentra ampliamente distribuido a lo largo de América, existen registros previos de haemosporidios del género *Haemoproteus* en esta especie (Granthon & Williams, 2017; Ricklefs et al., 2005). Respecto a los registros de haemosporidios en *Arremon abeillei*, solo existe un reporte (Pibaque & Piedrahita, 2022), donde se logró identificar mediante técnicas de microscopia la presencia de *Haemoproteus*. En relación con *Myiothlypis fraseri*, Moens et al. (2016), reportó la presencia de *Haemoproteus* mediante la identificación por PCR y ausencia por medio de observación por microscopia, en contraste, en el presente estudio se detectaron estructuras consistentes con parásitos haemosporidios mediante la observación al microscopio (Tabla 4, Fig. 2).

En la Tabla 5, se describen los parásitos haemosporidios detectados mediante la observación de las placas sanguíneas obtenidas de *A. abeillei*, *M. fraseri*, *S. striatipectus* y *V. chivi*, para estas últimas dos especies no fue posible realizar una identificación a nivel de género o especie debido a que el estado de desarrollo detectado, microgametocito, no tiene características específicas distinguibles entre los géneros *Haemoproteus*, *Plasmodium* o *Leucocytozoon* (Valkiūnas, 2005).

Tabla 5

Parásitos haemosporidios observados directamente mediante técnicas de microscopía y avifauna huésped detectados en el presente estudio

Parásito	Especie huésped
<i>Haemoproteus coatneyi</i>	<i>Arremon abeillei</i>
No es posible identificar	<i>Myothlypis fraseri</i> , <i>Saltator striatipectus</i>
<i>Haemoproteus vireonis</i>	<i>Vireo chivi</i>

En el caso de *Saltator striatipectus*, se observaron estructuras consistentes con infección por haemosporidios en el análisis por microscopía, en contraste, el resultado de la PCR en esta especie fue negativo, casos similares han sido reportados previamente en otros grupos de aves. Se ha sugerido que la variación genética en este grupo de parásitos es la causa probable de tener falsos negativos de acuerdo con el ensayo de PCR elegido (Pérez-Rodríguez et al., 2015, Bernotiené et al., 2016). Existen otros protocolos de PCR que pueden ser utilizados para determinar la presencia de haemosporidios o en su defecto, es posible diseñar primers específicos para ser utilizados en grupos de aves y parásitos de interés (Bernotiené et al., 2016).

Los resultados de amplificación por PCR de las muestras de *T. bernardi*, corroboran que el uso de esta metodología puede detectar infecciones que pueden ser pasadas por alto si solo se utilizan técnicas de microscopía para la detección de haemosporidios (Wardjomto et al., 2023). Es posible que el protocolo de PCR utilizado posea una mayor sensibilidad a los haemosporidios encontrados en los hospederos analizados en el presente estudio. Harvey &

Voelker (2017), sugieren que la detección de los diferentes géneros *Haemoproteus*, *Plasmodium* y *Leucocytozoon* es dependiente del ensayo de PCR a utilizar. Para las especies *Myiothlypis fraseri*, *Arremon abeillei* y *Vireo chivi* se observó un tamaño de amplicon esperado, alrededor de 542 pb (Figura 2, A, B), esto en conjunto con las observaciones de las placas sanguíneas confirma la infección por haemosporidios para individuos en estas especies. Adicionalmente, la muestra obtenida de un individuo de *Thamnophilus bernardi* generó un amplicon del tamaño deseado (Figura 2, B). En contraste, la muestra obtenida de *Melanopareia elegans*, generó un amplicon de menor tamaño al esperado (Figura 2, A), este puede ser un caso de amplificación no específica de material genético (Armstrong & Schulz, 2015). Existe la posibilidad de que los primers utilizados en la reacción de PCR no sean los adecuados para la detección de haemosporidios en esta especie (Valkiunas, 2005), debido a que *M. elegans* tiene una distribución restringida a la región tropical, es probable que se necesite realizar un nuevo diseño de primers adecuados para la identificación de haemosporidios en esta especie, dado que el análisis de placas para este individuo no mostró estructuras consistentes con haemosporidios, este resultado no es considerado como una infección por hemoparásitos.

Debido a que existen varios protocolos para la detección de haemosporidios (Pacheco et al., 2018; Ciloglu et al., 2019), esto presenta una oportunidad para la descripción de nuevos parásitos asociados a la avifauna de la región, lo cual permite la aplicación de diferentes ensayos de PCR y de tipos de secuenciación genética (Reinoso-Pérez et al., 2024). Existe la posibilidad de que los parásitos haemosporidios presentes en la región Neotropical tengan una mayor afinidad a otros primers que los utilizados en la mayoría de ensayos de PCR (Bernotiené et al., 2016), esto se ha evidenciado en grupos como las rapaces, las cuales son evaluadas mediante el uso de un protocolo de PCR modificado (Pérez-Rodríguez et al., 2013) el cual presenta una mayor sensibilidad a haemosporidios del género *Leucocytozoon* además de permitir la detección de *Hamoproteus* y *Plasmodium*.

Resultados obtenidos en este tipo de investigaciones en combinación con la evaluación de parámetros ecológicos pueden ser utilizados para la determinar el estado de salud de las comunidades de aves de diferentes ecosistemas, lo cual puede ser utilizado para la toma de decisiones en enfoques como “Una sola salud” (OMS, 2023).

Además de los registros de parásitos haemosporidios se detectó la presencia de microfilarias en la muestra obtenida de *Dysithamnus mentalis* (Thamnophilidae) y *Trypanosoma sp.* en una muestra de *Cyclarhis gujanensis* (Vireonidae), infecciones por microfilarias son consideradas comunes y benignas en aves (Binkiené et al., 2021). En relación con infecciones por *Trypanosoma sp.* se estima que algunas especies de aves son hospederas de esta clase de parásitos, pero sus efectos aún no están completamente caracterizados (Martínez-Hernández et al., 2022).

El registro de haemosporidios en *Arremon abeillei* y *Thamnophilus bernardi* es relevante con relación a la biodiversidad, ya que estas tres especies son endémicas de la región Tumbesina, además del ampliamente distribuido *Saltator striatipectus*. La probabilidad de que los linajes a identificarse en estas especies no estén descritos, es alta, lo cual apoya a la hipótesis de que la región Neotropical es un área con potencial para la descripción de nuevos parásitos sanguíneos (Moens et al., 2016).

En base a la evaluación de la infección por haemosporidios relacionada a la condición física de sus hospederos, no se encontraron diferencias significativas en el presente estudio, reportes previos difieren en sus resultados: Jiménez-Peñuela et al. (2019) registró índices de condición altos en individuos infectados, mientras que Muriel et al. (2023) no encontró ninguna asociación entre la presencia de parásitos y la condición de las aves afectadas.

Uno de los factores que afectan la detección de parásitos haemosporidios y la condición de sus hospederos es la fase de infección, en la fase aguda se presentan una mayor cantidad de

haemosporidios en los eritrocitos de los hospederos y es posible que ocurran eventos de mortalidad, en el caso de supervivencia de las aves infectadas, estas infecciones pueden durar toda la vida de los hospederos y son determinadas como infecciones crónicas (LaPointe et al., 2012). Debido a que las intensidades de infección en las aves capturadas en el presente estudio son menores al 1%, estas infecciones se consideran en la etapa crónica, de acuerdo a Da Silva et al. (2021), análisis a nivel hormonal y la cuantificación de células sanguíneas en conjunto con la obtención de índices de condición permiten la evaluación de grupos de especies de interés y podrían ser utilizados en estudios futuros.

Acorde a los resultados presentados (Tabla 4) se encontraron individuos con valores más altos de índice de condición que individuos no infectados, es posible que existan mecanismos de compensación que eviten efectos negativos en la condición de las aves (Gutiérrez-Ramos & Acevedo, 2024), además, las aves capturadas por el muestreo de redes de neblina presentan una mejor condición, ya que solo aves que se encuentran relativamente activas son capturadas mediante esta metodología lo cual puede llevar a una estimación variable de los parásitos haemosporidios (Valkiūnas, 2005).

Adicionalmente, se han registrado casos puntuales de aves con altos niveles de infección en bosques secos fuera del Ecuador, González-Olvera et al. (2022), registró prevalencia de haemosporidios del 100% en *Icterus pustulatus* (Icteridae), con un individuo en baja condición física, con una intensidad de infección mayor al 50%, esto sugiere que existen especies que pueden tener una mayor sensibilidad a haemosporidios, adicionalmente se sugieren estudios a largo plazo para tener una mayor detección de parásitos.

Debido a la diversidad de especies en la región neotropical y el bosque seco tropical es necesario el levantamiento de información sobre haemosporidios en otras especies y su posible

relación con interacciones y procesos ecológicos en la región, lo cual brinda la apertura a investigaciones en el futuro.

La descripción de nuevos hospederos de parásitos haemosporidios fue confirmada mediante técnicas de microscopía y de biología molecular, pero en todas las placas donde se encontró haemosporidios la intensidad de infección fue baja. Dado que la información sobre este grupo de parásitos es escasa en el ecosistema analizado, estos resultados pueden ser utilizados para la delimitación de la distribución de diferentes parásitos y su diversidad en la región Neotropical.

Los nuevos registros de parásitos encontrados en el presente estudio permiten el reconocimiento de especies hospederas no descritas previamente para el ecosistema de bosque seco tropical, para el cual este tipo de información es escasa, además de establecer un protocolo para la detección y descripción de estos microorganismos. Debido a la falta de estudios sobre biodiversidad de parásitos, las observaciones presentadas en esta investigación son de interés relacionado a temas de conservación en ecosistemas con alta diversidad (Santiago-Alarcón & Rojas-Soto, 2021).

4.1 Conclusiones

- Parásitos haemosporidios fueron detectados en aves del bosque seco tropical por medio de técnicas de microscopía y de biología molecular.
- Mediante el uso de la técnica de la PCR se detectaron seis casos de infección de haemosporidios, dos de los cuales no fueron detectados mediante el análisis de microscopía.
- Se ha registrado por primera vez parásitos haemosporidios en las especies: Saltón gorrinegro – *Arremon abeillei*, Reinita gris y dorada – *Myiothlypis fraseri* y Saltador listado – *Saltator striatipectus*.

- Se logró la identificación a nivel de especie de los parásitos *Haemoproteus coatneyi* y *Haemoproteus vireonis* mediante el uso de claves taxónomicas.
- No existen diferencias en la condición física entre individuos infectados y no infectados por haemosporidios en las aves capturadas en el presente estudio.
- El establecimiento y estandarización de una metodología de campo y laboratorio permitió la detección y descripción de parásitos haemosporidios.

4.2 Recomendaciones

Para una asignación de especie y linaje de los parásitos detectados se debe realizar el proceso de identificación mediante la técnica de secuenciación genética ya sea por el método Sanger o secuenciación de siguiente generación (Yeo et al., 2022). Adicionalmente, la existencia de patrones de infección podría ser detectada mediante un período de muestreo más amplio, incluyendo tanto la temporada seca como húmeda, además del estudio de la determinación de los vectores transmisores en la región (Ellis et al., 2020). Además, se sugiere que investigaciones futuras sean enfocadas en verificar los efectos, de existir, que los parásitos haemosporidios tengan sobre sus hospederos y vectores en la región.

Referencias

- Álvarez-Mendizábal, P., Tolsa, M., Rojas-Soto, O., MacGregor-Fors, I. & Santiago-Alarcón, D. (2024). Avian Disease Ecology in the Neotropics. En: Ecology of Wildlife Diseases in the Neotropics. Acosta-Jamett, G. & Chaves, A. eds. Springer, Suiza, pp. 85-120.
- Armstrong, J.A. & Schulz, J.R. (2015). Agarose Gel Electrophoresis. CP Essential Lab Tech 10. <https://doi.org/10.1002/9780470089941.et0702s10>
- Asghar, M., Palinauskas, V., Zaghdoudi-Allan, N., Valkiūnas, G., Mukhin, A., Platonova, E., & Hasselquist, D. (2016). Parallel telomere shortening in multiple body tissues owing to malaria infection. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 283(1836), 20161184. <https://doi.org/10.1098/rspb.2016.1184>
- Atkinson, C. (2009). Avian Malaria. En: Parasitic diseases of wild birds. Atkinson, C., Thomas, N., Hunter, D. eds. John Wiley & Sons, Ames, Iowa, pp. 48-49.
- Barrow, L. N., Allen, J. M., Huang, X., Bensch, S., & Witt, C. (2019). Genomic sequence capture of haemosporidian parasites: methods and prospects for enhanced study of host–parasite evolution. *Molecular ecology resources*, 19(2), 400-410. <https://doi.org/10.1111/1755-0998.12977>
- Bensch, S., Hellgren, O., & Pérez-Tris, J. (2009). MalAvi: a public database of malaria parasites and related haemosporidians in avian hosts based on mitochondrial cytochrome b lineages. *Molecular ecology resources*, 9(5), 1353-1358. <https://doi.org/10.1111/j.1755-0998.2009.02692.x>
- Bernotienė, R., Palinauskas, V., Iezhova, T., Murauskaitė, D., & Valkiūnas, G. (2016). Avian haemosporidian parasites (Haemosporida): a comparative analysis of different

polymerase chain reaction assays in detection of mixed infections. *Experimental parasitology*, 163, 31-37. <https://doi.org/10.1016/j.exppara.2016.01.009>

Birdlife International. (2025). Country factsheet: Ecuador. <https://datazone.birdlife.org/country/factsheet/ecuador>

Bosholn, M., Fecchio, A., Silveira, P., Braga, É. M., & Anciães, M. (2016). Effects of avian malaria on male behaviour and female visitation in lekking blue-crowned manakins. *Journal of Avian Biology*, 47(4), 457-465. <https://doi.org/10.1111/jav.00864>

Cadena-Ortiz, H., Mantilla, J. S., de Aguilar, J. R., Flores, D., Bahamonde, D., Matta, N. E., & Bonaccorso, E. (2019). Avian haemosporidian infections in rufous-collared sparrows in an Andean dry forest: diversity and factors related to prevalence and parasitaemia. *Parasitology*, 146(6), 765-773. <https://doi.org/10.1017/S0031182018002081>

Chakarov, N., Kampen, H., Wiegmann, A., Werner, D., & Bensch, S. (2020). Blood parasites in vectors reveal a united blackfly community in the upper canopy. *Parasites & vectors*, 13, 1-8. <https://doi.org/10.1186/s13071-020-04177-0>

Ciloglu, A., Ellis, V. A., Bernotienė, R., Valkiūnas, G., & Bensch, S. (2019). A new one-step multiplex PCR assay for simultaneous detection and identification of avian haemosporidian parasites. *Parasitology Research*, 118, 191-201. <https://doi.org/10.1007/s00436-018-6153-7>

Clark, N. J., Clegg, S. M., & Lima, M. R. (2014). A review of global diversity in avian haemosporidians (*Plasmodium* and *Haemoproteus*: Haemosporida): new insights from molecular data. *International journal for parasitology*, 44(5), 329-338. <https://doi.org/10.1016/j.ijpara.2014.01.004>

- Clark, P., Boardman, W. & Raidal, S. (2009). Collection and handling of blood samples. En: Atlas of clinical avian hematology. Clark, P., Boardman, W. & Raidal, S. eds. Wiley-Blackwell. pp. 17-33
- Clements, J. F., P. C. Rasmussen, T. S. Schulenberg, M. J. Iliff, T. A. Fredericks, J. A. Gerbracht, D. Lepage, A. Spencer, S. M. Billerman, B. L. Sullivan, M. Smith, and C. L. Wood. 2024. The eBird/Clements checklist of Birds of the World: v2024. En: <https://www.birds.cornell.edu/clementschecklist/download/>
- Coon, C., Garcia-Longoria, L., Martin, L., Magallanes, S., de Lope, F., & Marzal, A. (2016). Malaria infection negatively affects feather growth rate in the house sparrow *Passer domesticus*. *Journal of Avian Biology*, 47, 779–787. <https://doi.org/10.1111/jav.00942>
- Da Silva Rodrigues, R., De Souza Penha, V. A., Miwa, R. Y., Branco, J. O., & Junior, O. M. (2021). Stress and Body Condition Predict Haemosporidian Parasitaemia in Birds from Cerrado, Southeastern Brazil. *Ardea*, 109(2). <https://doi.org/10.5253/arde.v109i3.a7>
- De La Torre, G. M., Freitas, F. F., Fratoni, R. D. O., Guaraldo, A. D. C., Dutra, D. D. A., Braga, M., & Manica, L. T. (2020). Hemoparasites and their relation to body condition and plumage coloration of the White-necked thrush (*Turdus albicollis*). *Ethology Ecology & Evolution*, 32(6), 509-526. <https://doi.org/10.1080/03949370.2020.1769739>
- Di Lecce, I., Sudyka, J., Westneat, D. F., & Szulkin, M. (2022). Preserving avian blood and DNA sampled in the wild: A survey of personal experiences. *Ecology and Evolution*, 12(8). <https://doi.org/10.1002/ece3.9232>
- Doussang, D., Sallaberry-Pincheira, N., Cabanne, G. S., Lijtmaer, D. A., González-Acuña, D., & Vianna, J. A. (2021). Specialist versus generalist parasites: the interactions between host diversity, environment and geographic barriers in avian malaria. *International Journal for Parasitology*, 51(11), 899-911. <https://doi.org/10.1016/j.ijpara.2021.04.003>

Dytham, C. (2011). Choosing and using statistics: a biologist's guide. John Wiley & Sons.

Edelstein, A. D., Tsuchida, M. A., Amodaj, N., Pinkard, H., Vale, R. D., & Stuurman, N. (2014). Advanced methods of microscope control using μ Manager software. *Journal of biological methods*, 1(2), e10. <https://doi.org/10.14440/jbm.2014.36>

Ellis, V., Cornet, S., Merrill, L., Kunkel, M. R., Tsunekage, T., & Ricklefs, R. E. (2015). Host immune responses to experimental infection of *Plasmodium relictum* (lineage SGS1) in domestic canaries (*Serinus canaria*). *Parasitology Research*, 114, 3627–3636. <https://doi.org/10.1007/s00436-015-4588-7>

Ellis, V., Fecchio, A., & Ricklefs, R. E. (2020). Haemosporidian parasites of Neotropical birds: Causes and consequences of infection. *The Auk*, 137(4). <https://doi.org/10.1093/auk/ukaa055>

Escuela Superior Politécnica del Litoral (2023). Plan de Manejo. Bosque Protector Prosperina. Guayaquil, Ecuador.

Ferrer-Paris, J. R., Zager, I., Keith, D. A., Oliveira-Miranda, M. A., Rodríguez, J. P., Josse, C., González-Gil, M., Miller, R. M., Zambrana-Torrelío, C., & Barrow, E. (2019). An ecosystem risk assessment of temperate and tropical forests of the Americas with an outlook on future conservation strategies. *Conservation Letters*, 12(2), e12623. <https://doi.org/10.1111/conl.12623>

Freile, J. F., Santander, T., Jiménez-Uzcátegui, G., Carrasco, L., Cisneros-Heredia, D., Guevera, E., Sánchez-Nivicela, M., & Tinoco, B. (2023). *Lista Roja de las Aves de Ecuador* (Versión 1.0, p. 1704 records) [Data as a Darwin Core Archive file, Metadata as an EML file, Metadata as an RTF file]. Ministerio del Ambiente, Agua y Transición Ecológica - Ecuador. <https://doi.org/10.60545/MRBOHL>

- Gilman, S., Blumstein, D. T., & Foufopoulos, J. (2007). The effect of hemosporidian infections on white-crowned sparrow singing behavior. *Ethology*, 113(5), 437-445. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0310.2006.01341.x>
- Gosler, A. (2004). Birds in the hand. En: *Bird Ecology and Conservation, A Handbook of Techniques*. Sutherland, W., Newton, I. & Green, R. eds. Oxford Biology, pp. 85-118.
- Granthon, C., & Williams, D. A. (2017). Avian malaria, body condition, and blood parameters in four species of songbirds. *The Wilson Journal of Ornithology*, 129(3), 492-508. <https://doi.org/10.1676/16-060.1>
- Gutiérrez-Ramos, N. A., & Acevedo, M. A. (2024). Higher body condition with infection by *Haemoproteus* parasites in Bananaquits (*Coereba flaveola*). *PeerJ*, 12, e16361. <https://doi.org/10.7717/peerj.16361>
- Harvey, J.A., Voelker, G., 2017. Avian haemosporidian detection across source materials: prevalence and genetic diversity. *Parasitol Res* 116, 3361–3371. <https://doi.org/10.1007/s00436-017-5654-0>
- Hellgren, O., Bensch, S., & Malmqvist, B. (2008). Bird hosts, blood parasites and their vectors—associations uncovered by molecular analyses of blackfly blood meals. *Molecular Ecology*, 17(6), 1605-1613. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2007.03680.x>
- Hellgren, O., Waldenström, J., & Bensch, S. (2004). A new PCR assay for simultaneous studies of *Leucocytozoon*, *Plasmodium*, and *Haemoproteus* from avian blood. *Journal of parasitology*, 90(4), 797-802. <https://doi.org/10.1645/GE-184R1>

Huyvaert, K. (2021). Wild bird populations in the face of disease. En: Infectious disease ecology on wild birds. 1era ed. Owen, J., Hawley, D., Huyvaert, K. eds. Oxford University Press, pp. 121-144.

Jiménez-Peñuela, J., Ferraguti, M., Martínez-de la Puente, J., Soriguer, R., & Figuerola, J. (2019). Urbanization and blood parasite infections affect the body condition of wild birds. *Science of the Total Environment*, 651, 3015-3022.
<https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2018.10.203>

LaPointe, D. A., Atkinson, C. T., & Samuel, M. D. (2012). Ecology and conservation biology of avian malaria. *Annals of the New York Academy of Sciences*, 1249(1), 211–226.
<https://doi.org/10.1111/j.1749-6632.2011.06431.x>

Lees, A. C., Haskell, L., Allinson, T., Bezeng, S. B., Burfield, I. J., Renjifo, L. M., ... & Butchart, S. H. (2022). State of the world's birds. *Annual Review of Environment and Resources*, 47(1), 231-260. <https://doi.org/10.1146/annurev-environ-112420-014642>

Malmqvist, B., Strasevicius, D., Hellgren, O., Adler, P. H., & Bensch, S. (2004). Vertebrate host specificity of wild-caught blackflies revealed by mitochondrial DNA in blood. *Proceedings of the Royal Society of London. Series B: Biological Sciences*, 271(suppl_4), S152-S155. <https://doi.org/10.1098/rsbl.2003.0120>

Martínez-de la Puente, J., Merino, S., Tomás, G., Moreno, J., Morales, J., Lobato, E., ... & Belda, E. J. (2010). The blood parasite *Haemoproteus* reduces survival in a wild bird: a medication experiment. *Biology letters*, 6(5), 663-665.
<https://doi.org/10.1098/rsbl.2010.0046>

Martínez-Hernández, F., Oria-Martínez, B., Rendón-Franco, E., Villalobos, G., & Muñoz-García, C. I. (2022). *Trypanosoma cruzi*, beyond the dogma of non-infection in birds.

Infection, Genetics and Evolution, 99, 105239.
<https://doi.org/10.1016/j.meegid.2022.105239>

Martín-Maldonado, B., Mencía-Gutiérrez, A., Andreu-Vázquez, C., Fernández, R., Pastor-Tiburón, N., Alvarado, A., ... & González, F. (2023). A four-year survey of Hemoparasites from nocturnal raptors (Strigiformes) confirms a relation between Leucocytozoon and low hematocrit and body condition scores of parasitized birds. *Veterinary Sciences*, 10(1), 54. <https://doi.org/10.3390/vetsci10010054>

Marzal, A., Balbontín, J., Reviriego, M., García-Longoria, L., Relinque, C., Hermosell, I. G., ... & Møller, A. P. (2016). A longitudinal study of age-related changes in Haemoproteus infection in a passerine bird. *Oikos*, 125(8), 1092-1099.
<https://doi.org/10.1111/oik.02778>

Moens, M., & Pérez-Tris, J. (2016). Discovering potential sources of emerging pathogens: South America is a reservoir of generalist avian blood parasites. *International Journal for Parasitology*, 46(1), 41-49. <https://doi.org/10.1016/j.ijpara.2015.08.001>

Michlanski, M., Dachenhaus, J., Johns, J., Kim Nelson, S., Phelps, S., Rivers, J. W., Roby, D. D., Woodis, E., Ryan, K., Adrean, L. J., Sanders, J. L., & Beechler, B. R. (2025). The epidemiology of a novel Leucocytozoon parasite in an endangered population of marbled murrelets (*Brachyramphus marmoratus*) on the Oregon coast. *International Journal for Parasitology: Parasites and Wildlife*, 27, 101078.
<https://doi.org/10.1016/j.ijppaw.2025.101078>

Muriel, J., Garcia-Longoria, L., Magallanes, S., Ortiz, J. A., & Marzal, A. (2023). Avian malaria, haematocrit, and body condition in invasive wetland passerines settled in

southwestern Spain. Avian Research, 14, 100081.
<https://doi.org/10.1016/j.avrs.2023.100081>

Organización Mundial de la Salud. 2023. Una sola salud. En: <https://www.who.int/es/news-room/fact-sheets/detail/one-health>

Pacheco, M.A., Cepeda, A.S., Bernotienė, R., Lotta, I.A., Matta, N.E., Valkiūnas, G., Escalante, A.A., 2018. Primers targeting mitochondrial genes of avian haemosporidians: PCR detection and differential DNA amplification of parasites belonging to different genera. International Journal for Parasitology 48, 657–670.

Peig, J., & Green, A. J. (2009). New perspectives for estimating body condition from mass/length data: the scaled mass index as an alternative method. Oikos, 118(12), 1883-1891. <https://doi.org/10.1111/j.1600-0706.2009.17643.x>

Pérez-Rodríguez, A., de la Puente, J., Onrubia, A., & Pérez-Tris, J. (2013). Molecular characterization of haemosporidian parasites from kites of the genus *Milvus* (Aves: Accipitridae). International journal for parasitology, 43(5), 381-387.
<https://doi.org/10.1016/j.ijpara.2012.12.007>

Pibaque, P., & Piedrahita, P. (2022). First Report of Blood Parasites in Black-Capped Sparrow (*Arremon abeillei*) from Neotropical Dry Deciduous Forest. The Journal of Wildlife Diseases, 58(4), 892-896. <https://doi.org/10.7589/JWD-D-21-00200>

Posit Team (2024). RStudio: Integrated Development Environment for R. Posit Software, PBC, Boston, MA. URL <http://www.posit.co/>.

Portillo-Quintero, C. A., & Sánchez-Azofeifa, G. A. (2010). Extent and conservation of tropical dry forests in the Americas. Biological conservation, 143(1), 144-155.
<https://doi.org/10.1016/j.biocon.2009.09.020>

- Prieto-Torres, D. A., Lira-Noriega, A., & Navarro-Sigüenza, A. G. (2020). Climate change promotes species loss and uneven modification of richness patterns in the avifauna associated to Neotropical seasonally dry forests. *Perspectives in Ecology and Conservation*, 18(1), 19-30. <https://doi.org/10.1016/j.pecon.2020.01.002>
- Prieto-Torres, D. A., Nori, J., Rojas-Soto, O. R., & Navarro-Sigüenza, A. G. (2021). Challenges and opportunities in planning for the conservation of Neotropical seasonally dry forests into the future. *Biological Conservation*, 257, 109083. <https://doi.org/10.1016/j.biocon.2021.109083>
- Reiczigel, J., Marozzi, M., Fábíán, I., & Rózsa, L. (2019). Biostatistics for parasitologists—a primer to quantitative parasitology. *Trends in parasitology*, 35(4), 277-281. <https://doi.org/10.1016/j.pt.2019.01.003>
- Reinoso-Pérez, M.T., Dhondt, K.V., Dulcet, H., Katzenstein, N., Sydenstricker, A.V., Dhondt, A.A., 2024. Seasonal Variation in Detection of Haemosporidia in a Bird Community: A Comparison of Nested Pcr and Microscopy. *Journal of Wildlife Diseases* 60. <https://doi.org/10.7589/JWD-D-23-00023>
- Ricklefs, R., Medeiros, M., Ellis, V., Svensson-Coelho, M., Blake, J. G., Loiselle, B. A., ... & Bensch, S. (2017). Avian migration and the distribution of malaria parasites in New World passerine birds. *Journal of biogeography*, 44(5), 1113-1123. <https://doi.org/10.1111/jbi.12928>
- Ricklefs, R., Swanson, B. L., Fallon, S. M., Martínez-Abraín, A., Scheuerlein, A., Gray, J., & Latta, S. C. (2005). Community relationships of avian malaria parasites in southern Missouri. *Ecological monographs*, 75(4), 543-559. <https://doi.org/10.1890/04-1820>
- Rivero, A., & Gandon, S. (2018). Evolutionary ecology of avian malaria: past to present. *Trends in parasitology*, 34(8), 712-726. <https://doi.org/10.1016/j.pt.2018.06.002>

- Sánchez, C. A., Becker, D. J., Teitelbaum, C. S., Barriga, P., Brown, L. M., Majewska, A. A., ... & Altizer, S. (2018). On the relationship between body condition and parasite infection in wildlife: a review and meta-analysis. *Ecology letters*, 21(12), 1869-1884. <https://doi.org/10.1111/ele.13160>
- Santiago-Alarcon, D., & Carbó-Ramírez, P. (2015). Parásitos sanguíneos de malaria y géneros relacionados (Orden: Haemosporida) en aves de México: recomendaciones metodológicas para campo y laboratorio. *Ornitología Neotropical*, 26(1), 59-77. <https://doi.org/10.58843/ornneo.v26i1.13>
- Santiago-Alarcón, D., Rojas-Soto, O., 2021. Discovering parasite biodiversity in the Tropics: A framework based on multi-host-species ecological niche models. *Ectrps* 33. <https://doi.org/10.53157/ecotropicos.33e0016>
- Schindelin, J., Arganda-Carreras, I., Frise, E., Kaynig, V., Longair, M., Pietzsch, T., ... & Cardona, A. (2012). Fiji: an open-source platform for biological-image analysis. *Nature methods*, 9(7), 676-682. <https://doi.org/10.1038/nmeth.2019>
- Schoenle, L., Kernbach, M., Haussmann, M. F., Bonier, F., & Moore, I. T. (2017). An experimental test of the physiological consequences of avian malaria infection. *Journal of Animal Ecology*, 86(6), 1483-1496. <https://doi.org/10.1111/1365-2656.12753>
- Schulte-Hostedde, A. I., Zinner, B., Millar, J. S., & Hickling, G. J. (2005). Restitution of mass-size residuals: validating body condition indices. *Ecology*, 86(1), 155-163. <https://doi.org/10.1890/04-0232>
- Segarra, G. R. (2024). Diversidad de mamíferos medianos y grandes de la región natural bosque húmedo tropical del Chocó, Manabí-Ecuador [Tesis de postgrado Universidad Estatal Península de Santa Elena]. <https://repositorio.upse.edu.ec/handle/46000/12460>

- Spotswood, E. N., Goodman, K. R., Carlisle, J., Cormier, R. L., Humple, D. L., Rousseau, J., ... & Barton, G. G. (2012). How safe is mist netting? Evaluating the risk of injury and mortality to birds. *Methods in Ecology and Evolution*, 3(1), 29-38. <https://doi.org/10.1111/j.2041-210X.2011.00123.x>
- Sunantaraporn, S., Hortiwakul, T., Kraivichian, K., Siriyasatien, P., & Brownell, N. (2022). Molecular identification of host blood meals and detection of blood parasites in *Culicoides* Latreille (Diptera: Ceratopogonidae) collected from Phatthalung province, Southern Thailand. *Insects*, 13(10), 912. <https://doi.org/10.3390/insects13100912>
- Sylvy, N., Lopez, R. & Peterson, M. (2012). Techniques for marking wildlife. In: *The wildlife techniques manual*, 7th ed., Vol. 1: Research. Johns Hopkins University Press, Baltimore, pp. 230-257.
- Valkiūnas, G. (2005). *Avian malaria parasites and other haemosporidia*. CRC press.
- Valkiūnas, G., & Atkinson, C. T. (2020). Introduction to life cycles, taxonomy, distribution, and basic research techniques. En: *Avian malaria and related parasites in the tropics: ecology, evolution and systematics*, 45-80.
- Valkiūnas, G., & Iezhova, T. (2018). Keys to the avian malaria parasites. *Malaria Journal*, 17, 1-24. <https://doi.org/10.1186/s12936-018-2359-5>
- Valkiūnas, G., & Iezhova, T. (2022). Keys to the avian Haemoproteus parasites (Haemosporida, Haemoproteidae). *Malaria journal*, 21(1), 269. <https://doi.org/10.1186/s12936-022-04235-1>
- Valkiūnas, G., Žičkus, T., Shapoval, A. P., & Iezhova, T. A. (2006). Effect of *Haemoproteus* *belopolskyi* (Haemosporida: Haemoproteidae) on body mass of the blackcap *Sylvia*

atricapilla. *Journal of Parasitology*, 92(5), 1123-1125. <https://doi.org/10.1645/GE-3564-RN.1>

Waldenström, J., Bensch, S., Hasselquist, D., & Östman, Ö. (2004). A new nested polymerase chain reaction method very efficient in detecting *Plasmodium* and *Haemoproteus* infections from avian blood. *Journal of Parasitology*, 90(1), 191-194. <https://doi.org/10.1645/GE-3221RN>

Yeo, H., Harjoko, D. N., & Rheindt, F. E. (2022). Double trouble: untangling mixed sequence signals in bird samples with avian haemosporidian co-infections. *Parasitology*, 149(6), 799-810. <https://doi.org/10.1017/S0031182022000245>

Wardjomto, M. B., Ndlovu, M., Pérez-Rodríguez, A., Pori, T., & Nangammbi, T. C. (2023). Comparative performance of microscopy, nested PCR, and real-time PCR for screening avian haemosporidian parasites in Afrotropical starlings (family Sturnidae). *Parasitology Research*, 122(10), 2393-2404. <https://doi.org/10.1007/s00436-023-07941-0>

1 Anexos

2 Anexo 1. Especies capturadas en el presente estudio en los sitios BVPP, FA y BPCB

Código	Familia	Especie	Nombre común
ARBMAPA001	Bucconidae	Malacoptila panamensis	White-whiskered puffbird
BPLEVE01	Columbidae	Leptotila verreauxi	White-tipped dove
CBLEOC01	Columbidae	Leptotila ochraceiventris	Ochre-bellied dove
ARBEUXA001	Fringillidae	Euphonia xanthogaster	Orange-bellied euphonia
ARBCAPU001	Furnariidae	Campylorhamphus pusillus	Brown-billed scythebill
BPLESO01	Furnariidae	Lepidocolaptes souleyetii	Streak-headed Woodcreeper
BPLESO02	Furnariidae	Lepidocolaptes souleyetii	Streak-headed Woodcreeper
BPLESO03	Furnariidae	Lepidocolaptes souleyetii	Streak-headed Woodcreeper
CBDEFU01	Furnariidae	Dendrocincla fuliginosa	Plain-brown Woodcreeper
	Furnariidae	Lepidocolaptes souleyetii	Streak-headed Woodcreeper
BPMEEL01	Melanopareiidae	Melanopareia elegans	Elegant crescentchest
	Melanopareiidae	Melanopareia elegans	Elegant crescentchest
ARBMOU001	Momotidae	Momotus subrufescens	Whooping motmot
ARBONCO001	Onychorhynchidae	Onychorhynchus coronatus	Royal flycatcher
BPMYFR01	Parulidae	Myiothlypis fraseri	Gray-and-gold warbler
BPMYFR02	Parulidae	Myiothlypis fraseri	Gray-and-gold warbler
BPMYFR03	Parulidae	Myiothlypis fraseri	Gray-and-gold warbler
BPMYFR04	Parulidae	Myiothlypis fraseri	Gray-and-gold warbler
BPMYFR05	Parulidae	Myiothlypis fraseri	Gray-and-gold warbler
BPMYFR06	Parulidae	Myiothlypis fraseri	Gray-and-gold warbler
BPMYFR07	Parulidae	Myiothlypis fraseri	Gray-and-gold warbler
BPMYFR08	Parulidae	Myiothlypis fraseri	Gray-and-gold warbler
CBMYFR01	Parulidae	Myiothlypis fraseri	Gray-and-gold warbler
N/A	Parulidae	Myiothlypis fraseri	Grey-and-gold warbler
ARBARAU001	Passerellidae	Arremon arautiiostris	Orange-billed sparrow
BPARAB01	Passerellidae	Arremon abeillei	Black-capped sparrow
BPARAB02	Passerellidae	Arremon abeillei	Black-capped sparrow
BPARAB03	Passerellidae	Arremon abeillei	Black-capped sparrow
BPARAB04	Passerellidae	Arremon abeillei	Black-capped sparrow
BPARAB05	Passerellidae	Arremon abeillei	Black-capped sparrow
BPARAB06	Passerellidae	Arremon abeillei	Black-capped sparrow
BPARAB07	Passerellidae	Arremon abeillei	Black-capped sparrow
BPARAB08	Passerellidae	Arremon abeillei	Black-capped sparrow
BPARAB09	Passerellidae	Arremon abeillei	Black-capped sparrow
BPARAB10	Passerellidae	Arremon abeillei	Black-capped sparrow
BPARAB11	Passerellidae	Arremon abeillei	Black-capped sparrow
ARBMAN001	Pipridae	Manacus manacus	White-bearded manakin
BPPLOPL01	Poliophtidae	Poliophtila plumbea	Tropical gnatcatcher

[illegible]

BPTUMA01	Turdidae	Turdus maculirostris	Ecuadorian thrush
BPTUMA02	Turdidae	Turdus maculirostris	Ecuadorian thrush
ARBMIOLO01	Tyrannidae	Mionectes oleagineus	Ochre-bellied flycatcher
ARBMIOLO02	Tyrannidae	Mionectes oleagineus	Ochre-bellied flycatcher
BPEUFU01	Tyrannidae	Euscarthmus fulviceps	Fulvous-faced Scrub-Tyrant
BPEUFU02	Tyrannidae	Euscarthmus fulviceps	Fulvous-faced Scrub-Tyrant
BPEUFU03	Tyrannidae	Euscarthmus fulviceps	Fulvous-faced Scrub-Tyrant
BPMYCR01	Tyrannidae	Myiophobus crypterythrus	Mouse-gray flycatcher
BPTOSU01	Tyrannidae	Tolmomyias sulphurescens	Yellow-olive Flatbill
BPCYGU01	Vireonidae	Cyclarhis gujanensis	Rufous-browed peppershrike
BPCYGU02	Vireonidae	Cyclarhis gujanensis	Rufous-browed peppershrike
BPCYGU03	Vireonidae	Cyclarhis gujanensis	Rufous-browed peppershrike
BPVICH01	Vireonidae	Vireo chivi	Chivi vireo

3

4 **Anexo 2.** Índice de condición de individuos capturados en el presente estudio. Cálculo
5 mediante la obtención de residuales de una regresión lineal de valores de masa y longitud de
6 metatarso.

Especie	Índice de condición
<i>Arremon abeillei</i>	3,41
<i>Arremon abeillei</i>	4,55
<i>Arremon abeillei</i>	3,20
<i>Arremon abeillei</i>	1,05
<i>Arremon abeillei</i>	1,41
<i>Arremon abeillei</i>	2,14
<i>Arremon abeillei</i>	1,57
<i>Arremon abeillei</i>	2,91
<i>Arremon abeillei</i>	2,42
<i>Arremon abeillei</i>	2,37
<i>Lepidocolaptes souleyetii</i>	-1,75
<i>Lepidocolaptes souleyetii</i>	-4,74
<i>Lepidocolaptes souleyetii</i>	-4,27
<i>Lepidocolaptes souleyetii</i>	-2,18
<i>Myiothlypis fraseri</i>	2,01
<i>Myiothlypis fraseri</i>	0,80
<i>Myiothlypis fraseri</i>	5,77
<i>Myiothlypis fraseri</i>	5,61
<i>Myiothlypis fraseri</i>	3,91
<i>Myiothlypis fraseri</i>	3,71
<i>Saltator striatipectus</i>	-2,23
<i>Saltator striatipectus</i>	-3,70
<i>Saltator striatipectus</i>	-1,97
<i>Volatinia jacarina</i>	-1,81

<i>Volatinia jacarina</i>	-1,85
<i>Volatinia jacarina</i>	-1,66
<i>Volatinia jacarina</i>	-1,50
<i>Volatinia jacarina</i>	-1,67
<i>Volatinia jacarina</i>	-2,11
<i>Volatinia jacarina</i>	-2,04
<i>Volatinia jacarina</i>	-2,17
<i>Volatinia jacarina</i>	-1,06
<i>Volatinia jacarina</i>	-1,63
<i>Volatinia jacarina</i>	-2,53
<i>Volatinia jacarina</i>	-1,11
<i>Volatinia jacarina</i>	-2,83
<i>Volatinia jacarina</i>	-1,02
<i>Volatinia jacarina</i>	-0,97
