REVISTA ECUATORIANA DE ORNITOLOGÍA

Dossier: Memorias de la IX Reunión Ecuatoriana de Ornitología

Noviembre 2026

ECOLOGÍA, FILOGENIA Y RASGOS DEL HOSPEDADOR DETERMINAN LA INFECCIÓN POR MALARIA AVIAR EN BOSQUES DE *Polylepis*

Ecology, phylogeny, and host traits determine avian malaria Infection in *Polylepis* forests

Gabriela Mena[1,*]
Peter Hosner[2]
Gabriela Gavilanes[1]
Denisse Benítez[3]
Paul Cárdenas[3]
Boris Tinoco[4]
Carsten Rahbek[2]
Elisa Bonaccorso[1]

[1] Laboratorio de Biología Evolutiva, Universidad San Francisco de Quito, Quito, Ecuador.
[2] Natural History Museum of Denmark, University of Copenhagen, Copenhagen, Dinamarca.
[3] Instituto de Microbiología, Universidad San Francisco de Quito, Quito, Ecuador.
[4] Universidad del Azuay, Cuenca, Ecuador.

*Autora para correspondencia: gabrielaimg5@gmail.com

Mena, G., P. Hosner, G. Gavilanes, D. Benítez, P. Cárdenas, B. Tinoco, C. Rahbek & E. Bonaccorso (2026). Ecología, filogenia y rasgos del hospedador determinan la infección por malaria aviar en bosques de *Polylepis*. *Revista Ecuatoriana de Ornitología, Dossier Memorias de la IX Reunión Ecuatoriana de Ornitología*, 08–09. DOI: https://doi.org/10.18272/reo.vi12.4283

Recibido:	Aceptado:	Publicado en línea:	Editado por:
20.04.2026	08.08.2026	19.11.2026	Juan Freile

Resumen

Los parásitos desempeñan un papel importante en los procesos ecológicos y evolutivos, pero las dinámicas hospedador-parásito en ecosistemas neotropicales de alta montaña siguen siendo poco conocidas. Evaluamos si los ensamblajes de haemosporidios en bosques altoandinos de *Polylepis* están dominados por *Leucocytozoon*, si los patrones de infección presentan una estructura filogenética y ecológica entre los hospedadores, y si las infecciones producen costos fisiológicos detectables. Muestreamos 214 individuos de 37 especies de aves en tres localidades (entre 3700–4000 m s.n.m.) y analizamos muestras sanguíneas para detectar *Plasmodium*, *Haemoproteus* y *Leucocytozoon*. La prevalencia total de infección fue de 39,7%, y *Leucocytozoon* representó el 88,2% de las infecciones. Identificamos 63 linajes parasitarios, incluidos 40 previamente no descritos. La probabilidad de infección varió entre especies de hospedadores, aumentó con la masa corporal y mostró una fuerte señal filogenética, indicando que especies estrechamente emparentadas presentaron niveles similares de susceptibilidad. Los ensamblajes parasitarios también mostraron una estructura filogenética no aleatoria en varias especies de aves. Las redes hospedador-parásito presentaron baja conectancia, especialización moderada y baja diversidad de interacciones, con varias métricas significativamente diferentes de lo esperado bajo modelos nulos. Estos patrones indican que las infecciones se concentran en un conjunto limitado de asociaciones recurrentes y, junto con los análisis filogenéticos, sugieren la presencia de filtros evolutivos que restringen las infecciones a linajes de parásitos estrechamente relacionados. A pesar de la alta prevalencia y las coinfecciones frecuentes, el estado de infección no se asoció con la condición corporal, la concentración de hemoglobina ni el hematocrito. En conjunto, nuestros resultados revelan comunidades de hemosporidios altamente diversas y estructuradas, y evidencian que la diversidad parasitaria en los ecosistemas tropicales de alta montaña permanece considerablemente subestimada.

Palabras clave

Andes, ecología de enfermedades, ecología de montaña, Haemosporida, interacciones hospedador-parásito, *Leucocytozoon*, redes bipartitas, transmisión mediada por vectores.