

UNIVERSIDAD SAN FRANCISCO DE QUITO USFQ

Colegio de Ciencias Biológicas y Ambientales

**Primera Descripción de las Comunidades de Parásitos en
Elasmobranquios de Galápagos (*Aetobatus ocellatus*, *Rhinoptera
steindachneri* y *Carcharhinus limbatus*)**

Renán Erling Cunalata García

Gestión Ambiental

Trabajo de fin de carrera presentado como requisito
Para la obtención del título de
Licenciatura en gestión ambiental

Puerto Baquerizo Moreno, 20 de junio de 2025

UNIVERSIDAD SAN FRANCISCO DE QUITO USFQ

Colegio de Ciencias Biológicas y Ambientales

HOJA DE CALIFICACIÓN

DE TRABAJO DE FIN DE CARRERA

Primera Descripción de las Comunidades de Parásitos en Elasmobranquios de Galápagos (*Aetobatus ocellatus*, *Rhinoptera steindachneri* y *Carcharhinus limbatus*)

Renán Erling Cunalata García

Nombre del profesor, Título académico **Diana Pazmiño, PhD**

Puerto Baquerizo Moreno, 20 de junio de 2025

© DERECHOS DE AUTOR

Por medio del presente documento certifico que he leído todas las Políticas y Manuales de la Universidad San Francisco de Quito USFQ, incluyendo la Política de Propiedad Intelectual USFQ, y estoy de acuerdo con su contenido, por lo que los derechos de propiedad intelectual del presente trabajo quedan sujetos a lo dispuesto en esas Políticas.

Asimismo, autorizo a la USFQ para que realice la digitalización y publicación de este trabajo en el repositorio virtual, de conformidad a lo dispuesto en la Ley Orgánica de Educación Superior del Ecuador.

Nombres y apellidos: Renán Erling Cunalata García

Código: 00320810

Cédula de identidad: 2000093639

Lugar y fecha: Puerto Baquerizo Moreno, 20 de junio de 2025

ACLARACIÓN PARA PUBLICACIÓN

Nota: El presente trabajo, en su totalidad o cualquiera de sus partes, no debe ser considerado como una publicación, incluso a pesar de estar disponible sin restricciones a través de un repositorio institucional. Esta declaración se alinea con las prácticas y recomendaciones presentadas por el Committee on Publication Ethics COPE descritas por Barbour et al. (2017) Discussion document on best practice for issues around theses publishing, disponible en <http://bit.ly/COPETheses>.

UNPUBLISHED DOCUMENT

Note: The following capstone project is available through Universidad San Francisco de Quito USFQ institutional repository. Nonetheless, this project – in whole or in part – should not be considered a publication. This statement follows the recommendations presented by the Committee on Publication Ethics COPE described by Barbour et al. (2017) Discussion document on best practice for issues around theses publishing available on <http://bit.ly/COPETheses>.

RESUMEN

En las Islas Galápagos, la escasez de estudios sobre parásitos marinos representa una limitación importante para el desarrollo de estrategias de manejo integral y sostenible. Esta falta de información impide evaluar adecuadamente los riesgos que especies como *Stibarobdella macrothela*, *Caligus bonito* y *Caligus priacanthi* pueden representar para los elasmobranquios locales, especialmente frente al avance del cambio climático y el aumento de la actividad humana. En este contexto, el presente estudio constituye la primera evaluación comparativa de comunidades parasitarias en elasmobranquios de Galápagos, centrada en tres especies clave: *Aetobatus ocellatus*, *Rhinoptera steindachneri* y *Carcharhinus limbatus*. Este trabajo no solo documenta por primera vez la presencia de estos parásitos en aguas galapagueñas, sino que también establece una base de comparación con registros obtenidos en otras regiones del mundo, ofreciendo así una perspectiva más amplia sobre su distribución y posible impacto ecológico.

Como parte del análisis, se logró la extracción exitosa de ADN en ocho muestras recolectadas en la isla San Cristóbal. Las secuencias del gen COI correspondientes a parásitos tipo sanguijuela se redujeron de 1407 a 680 pares de bases tras el proceso de limpieza, mientras que las secuencias de copépodos disminuyeron de 1770 a 724 pares de bases. Los parásitos identificados, si bien ya han sido reportados en distintas regiones tropicales, no habían sido registrados previamente en el contexto de los elasmobranquios de Galápagos. En particular, *S. macrothela* una sanguijuela de amplia distribución podría comprometer la salud de tiburones y rayas al provocar lesiones dérmicas, facilitar infecciones secundarias y aumentar el estrés fisiológico. Estas afecciones podrían intensificarse en escenarios ambientales alterados por el cambio climático, donde variables como la temperatura, la salinidad y la disponibilidad de alimento modifican la dinámica entre hospedador y parásito. En conjunto, los resultados

de este estudio evidencian la urgente necesidad de ampliar las investigaciones sobre parásitos marinos en Galápagos. Su inclusión en los programas de conservación y manejo adaptativo es fundamental para comprender su rol ecológico, evaluar su uso como bioindicadores y anticipar su interacción con amenazas adicionales como la pesca y la degradación del hábitat.

Palabras clave: Parásitos marinos, Galápagos, elasmobranquios, *Stibarobdella macrothela*, *Caligus bonito*, *Caligus priacanthi*, cambio climático.

ABSTRACT

In the Galápagos Islands, the lack of studies on marine parasites represents a significant limitation to the development of comprehensive and sustainable ecosystem management strategies. This knowledge gap hinders the proper assessment of the potential risks posed by species such as *Stibarobdella macrothela*, *Caligus bonito*, and *Caligus priacanthi* to local elasmobranch populations especially in the face of increasing human pressures and climate change. In this context, the present study represents the first comparative evaluation of parasitic communities associated with elasmobranchs in Galápagos, focusing on three key species: *Aetobatus ocellatus*, *Rhinoptera steindachneri*, and *Carcharhinus limbatus*. Beyond documenting the first recorded presence of these parasites in Galápagos waters, this research establishes a reference point to compare with parasitic communities reported in other regions of the world, offering a broader perspective on their distribution and potential ecological impact. As part of the analysis, DNA was successfully extracted from eight samples collected on San Cristóbal Island. The COI gene sequences of leech-type parasites were reduced from 1407 to 680 base pairs after the cleaning process, while those of copepod-type parasites decreased from 1770 to 724 base pairs. Although these parasites have been

previously recorded in various tropical regions, their presence in Galápagos elasmobranchs had not been reported until now. In particular, *S. macrothela* a leech species with a broad tropical distribution may threaten the health of sharks and rays by causing dermal lesions, facilitating secondary infections, and increasing physiological stress. These impacts could be exacerbated under climate change scenarios, where shifts in temperature, salinity, and food availability may alter host–parasite dynamics. Altogether, the findings of this study highlight the urgent need to expand research on marine parasites in the Galápagos Islands. Including parasitological data in conservation and adaptive management programs is essential for understanding the ecological roles of these organisms, assessing their potential as bioindicators, and anticipating their interaction with other stressors such as fishing and habitat degradation.

Keywords: Marine parasites, Galápagos, elasmobranchs, *Stibarobdella macrothela*, *Caligus bonito*, *Caligus priacanthi*, climate change.

TABLA DE CONTENIDO

Introducción.....	8
Objetivos.....	11
Materiales y métodos.....	11
Análisis de datos.....	19
Resultados.....	22
Discusión	34
Referencias bibliográficas:	44
Anexos	54

ÍNDICE DE TABLAS

Tabla 1. Información de los ocho parásitos sustraídos de tres especies de elasmobranquios de Galápagos (Aetobatus sp, Rhinoptera steindachneri y Carcharhinus limbatus).....	12
Tabla 2. Detalle de características morfológicas de cuatro especies cercanamente relacionadas de sanguijuelas del género <i>Stibarobdella</i>	15
Tabla 3. Detalle de características morfológicas de tres especies cercanamente relacionadas de Copepodos del género <i>Caligus</i> y <i>Dinematura</i> . <i>Caligus priacanthi</i> (Pilla, 1961) no dispone de información sobre su estructura o al menos la información que busco llenar en esta tabla.....	16
Tabla 4. Detalle de la estructura morfológica de las muestras de ectoparásitos tipo “Sanguijuelas” analizados en este estudio.....	23
Tabla 5. Concentración de ADN, expresada en nanogramos por microlitro (ng/μl), en las muestras de cuatro parásitos sustraídos de los elasmobranquios de Galápagos (Aetobatus sp., Rhinoptera steindachneri y Carcharhinus limbatus).....	25
Tabla 6. Porcentaje de identidad de parásitos tipo sanguijuela obtenido mediante la herramienta BLAST.....	26
Tabla 7. Descripción de la estructura morfológica de las muestras de ectoparásitos “Copépodo”.....	29
Tabla 8. Porcentaje de identidad herramienta BLAST.....	32

ÍNDICE DE FIGURAS

Figura 1: Mapa de las Islas Galápagos que muestra dos sitios específicos en la Isla San Cristóbal donde se realizó la recolección de ectoparásitos: Puerto Grande (S 00°48.009', W 089°28.236') y Cerro Brujo (S 00°46.04', W 089°22.49').	13
Figura 2: (A) Cuerpo ovalado, antenas simples y cilíndricas del individuo SC00346_1; sacos ovígeros transparentes en la región posterior del individuo SC00346_2; (B) Cuerpo ovalado, macho, ramas caudales proporcionales del individuo SC00260_1; organismo completamente transparente del individuo SC00260_2; (C) Cuerpo aplanado dorsoventralmente del individuo SC00409_1; sacos ovígeros transparentes en la parte posterior del individuo SC00409_2; (D) Cuerpo subrectangular, filamentos en antenas y patas de los individuos SC00376_1 y SC00376_3; coloración amarilla con segmentos posteriores rojizos del individuo SC00376_2.....	24
Figura 3: El árbol filogenético del género <i>Stibarobdella</i> , construido con el marcador mitocondrial COI, muestra que las muestras de Galápagos (IDs 1601, 1418, 1551, 1599 y 1600) están más estrechamente relacionadas con las procedentes de Australia que con otras poblaciones geográficamente más cercanas, como las de Hawái o el Atlántico. Para confirmar su identidad, se incluyó un grupo externo compuesto por <i>Stibarobdella tasmanica</i> y <i>S. biannulata</i>	27
Figura 4: A. ID SC00346_1 Cuerpo ovalado, antenas simples y cilíndricas. ID SC00346_2 Sacos ovígeros transparentes en la región posterior; B. ID SC00260_1 Cuerpo ovalado, macho, ramas caudales proporcionales. ID SC00260_2 Organismo completamente transparente; C. ID SC00409_1 Cuerpo aplanado dorsoventralmente. ID SC00409_2 Sacos ovígeros transparentes en la parte posterior; D. ID SC00376_1, ID SC00376_2 Cuerpos subrectangulares.....	27

SC00376_3 Cuerpo subrectangular, filamentos en antenas y patas. ID SC00376_2	
Coloración amarilla con segmentos posteriores rojizos.	30
Figura 5: El árbol filogenético del género <i>Caligus</i> muestra las relaciones evolutivas entre las muestras de Galápagos y otras especies del grupo. Las muestras Galápagos_SC00260 y Galápagos_SC00346 aparecen estrechamente relacionadas con <i>Caligus bonito</i> y <i>C. priacanthi</i> , mientras que la muestra Galápagos_SC00409 muestra una relación muy cercana con <i>Caligus sclerotinosus</i> , procedente de México.....	33

Introducción

Los elasmobranquios, que incluyen tanto a tiburones como a rayas, son fascinantes dentro del reino animal. Se distinguen por sus esqueletos cartilaginosos protegidos por dentículos dérmicos, por su notable habilidad para nadar, y por su papel como depredadores y carroñeros, fundamental en los ecosistemas marinos. Este grupo abarca alrededor de 20.000 especies (Javier, 2022), y a pesar de su vital contribución a los ecosistemas, enfrentan amenazas considerables. Los tiburones, en particular, están sujetos a la práctica del "finning", que implica la mutilación de sus aletas (valiosas en el mercado asiático), seguida del descarte del cuerpo del animal (Lamilla, 2005). Además, se ven afectados por la pesca incidental, los efectos indirectos provenientes de métodos destructivos como la pesca de arrastre y el cambio climático, que amenaza su hábitat. De la misma forma, la sobre pesca y los efectos del cambio climático representan una amenaza para las rayas, y han elevado su riesgo de extinción en los últimos años (Sagarra, 2023)

El cambio climático no solo afecta la distribución de especies y la estabilidad de los ecosistemas marinos, sino que también crea condiciones más favorables para la proliferación de parásitos y especies invasoras (Invasive Species Centre, 2025). El calentamiento de las aguas costeras y los cambios en los patrones de circulación oceánica permiten que estos organismos, antes restringidos a ciertas áreas, expandan su rango geográfico y encuentren nuevos huéspedes (Venegas et al., 2023). A medida que las temperaturas aumentan y los hábitats se alteran, los parásitos encuentran nuevas oportunidades para invadir poblaciones vulnerables, afectando no solo la salud de especies específicas, sino también desestabilizando interacciones complejas en las redes tróficas marinas (Anadón et al., 2005; Organización Naciones Unidas, 2022).

Es esencial, por lo tanto, investigar cómo los parásitos influyen en la estabilidad del medio ambiente y cómo podrían afectar la salud de cada especie huésped. A menudo, la mención de parásitos nos lleva a pensar automáticamente en efectos negativos en sus anfitriones. No obstante, las interacciones parasitarias revelan una complejidad sorprendente. En una investigación pionera, Malek (2007) examinó tiburones cariblanos del Golfo Pérsico (*Carcharhinus dussumieri*) y descubrió la presencia de parásitos internos, específicamente *Acanthobothrium* sp. y *Paraorigmatothorium* sp. (Cestoda). Contrario a la expectativa de efectos perjudiciales, Malek reveló que estos parásitos, a pesar de extraer nutrientes de los intestinos de los tiburones, desempeñan un papel crucial como filtros, protegiendo a los tiburones de la intoxicación por metales pesados (Malek et al., 2007). Asimismo, en 2018, una investigación liderada por Irigoitia destaca aspectos fascinantes de la vida de las rayas (*Atlantoraja castelnaui*, *Sympterygia bonapartii* y *Zearaja chilensis*) en el Atlántico Sudoccidental. Su trabajo revela nuevos registros parasitarios e identifica ocho especies desconocidas, ampliando la comprensión y resaltando la falta de información completa sobre los parásitos que afectan a estas especies. Al profundizar en el análisis, se descubre la presencia de anisákitos en varias especies de rayas, subrayando la complejidad de las interacciones parasitarias y la posibilidad de utilizar estos parásitos como marcadores biológicos para estudios poblacionales en elasmobranquios. Estas investigaciones no solo enriquecen el conocimiento sobre las interacciones entre parásitos y rayas, sino que también enfatizan la necesidad de explorar más a fondo este fascinante y poco estudiado aspecto de la vida marina.

En Galápagos se han llevado a cabo proyectos de monitoreo de tiburones desde el año 2009, y más recientemente, desde el 2019 se han incluido también varias especies de rayas. Estos proyectos, liderados por instituciones locales como la Dirección del Parque

Nacional Galápagos (DPNG), Galapagos Science Center (GSC), Fundación Charles Darwin (FCD) han recogido una gran cantidad de información valiosa para el manejo y conservación de este grupo. En el año 2012, se elaboró el primer manual para el monitoreo y marcaje de tiburones juveniles en las áreas de manglar de la reserva marina de Galápagos (RMG) por parte del Parque Nacional Galápagos (Llerena et al., 2011) y en 2023 se incluyeron potenciales zonas de crianza de la RMG en la lista de espacios ISRA (Hyde et al., 2022), como parte de un esfuerzo global de conservación. A pesar de estos esfuerzos, y de la información recopilada en los últimos años, es evidente la falta de información en ciertos aspectos como salud de tiburones y rayas (Llerena et al., 2011)

La ausencia de estudios sobre parásitos en los tiburones y rayas de Galápagos subraya la necesidad de investigar más a fondo las interacciones entre estos organismos y su potencial impacto en la salud de especies marinas. La presencia de parásitos en especies de las Islas Galápagos plantea preguntas sobre su influencia en la biodiversidad local, ya que aún no se ha comprendido completamente su impacto en la fauna de la región (Rodríguez et al., 2011). Además, entender la distribución de parásitos a nivel global no solo contribuirá a formular estrategias de conservación más efectivas en el contexto local, sino que también aportará valiosas ideas para abordar este fenómeno en un ámbito más amplio (Rodríguez et al., 2011).

Objetivos

Objetivo general

Contribuir al conocimiento sobre parásitos de elasmobranquios en las islas Galápagos, utilizando enfoques morfológicos y moleculares.

Objetivos específicos

- Identificar mediante la combinación de análisis de morfología y análisis moleculares las especies de parásitos encontrados en tres especies de elasmobranquios de Galápagos (*Aetobatus ocellatus*, *Rhinoptera steindachneri*, *Carcharhinus limbatus*).
- Entender las relaciones filogenéticas de los parásitos encontrados en Galápagos con otros parásitos reportados en la región.
- Diseñar y desarrollar infografías educativas que ilustran de manera clara y accesible la diversidad de parásitos encontrados en los elasmobranquios de Galápagos, estimulando el interés por la biología marina.

Materiales y métodos

Colección de las muestras

Para este proyecto se recolectaron únicamente ectoparásitos. Es decir, organismos que se encontraban en la piel de tiburones y rayas. De las 22 muestras recopiladas se seleccionaron ocho, considerando solo aquellas con estructuras morfológicas en buen estado (Tabla 1).

Tabla 1. Información de los ocho parásitos sustraídos de tres especies de elasmobranquios de Galápagos (*Aetobatus* sp, *Rhinoptera steindachneri* y *Carcharhinus limbatus*).

Código de la muestra	Fecha de colección	Localidad de colección	Especie hospedera	Tipo de parásito	# indiv.
SC00260	19/11/2021	Cerro brujo	<i>Aetobatus</i> sp.	Copépodo	1
SC00346	24/01/2023	Puerto Grande	<i>Rhinoptera steindachneri</i>	Copépodo	1
SC00376	03/03/2023	Puerto Grande	<i>Aetobatus</i> sp.	Copépodo	1
SC00409	12/07/2023	Cerro brujo	<i>Aetobatus</i> sp.	Copépodo	1
1418	07/08/2022	Puerto Grande	<i>Carcharhinus limbatus</i>	Sanguijuela	1
1551	26/04/2023	Puerto Grande	<i>Carcharhinus limbatus</i>	Sanguijuela	1
1599	27/04/2023	Puerto Grande	<i>Carcharhinus limbatus</i>	Sanguijuela	1
1600	28/04/2023	Puerto Grande	<i>Carcharhinus limbatus</i>	Sanguijuela	1

Las muestras fueron obtenidas en el marco de los proyectos "Rayas como organismos modelo para entender patrones de movimiento y uso de hábitat, permiso de investigación científica N° PC-09-23", y "El rol de los islotes oceánicos para la conservación de especies marinas migratorias, permiso de investigación científica N° PC-13-23". Estas muestras, obtenidas en la Isla San Cristóbal, provienen de dos localidades específicas: Puerto Grande, donde se recolectaron nueve ectoparásitos, y Cerro Brujo, de donde se obtuvieron únicamente dos muestras (Figura 1). El proceso de obtención de muestras en tiburones y rayas consistió en capturar individualmente a cada elasmobranquio, subirlo al bote y realizar una minuciosa revisión para detectar la presencia de parásitos. En caso de confirmarse la presencia de parásitos, estos se extrajeron con ayuda de pinzas especializadas y se almacenaron en tubos eppendorf con alcohol al 96%. Posteriormente, las muestras fueron trasladadas al Laboratorio de Microbiología y Biología Molecular en el GSC, donde se almacenaron en congeladores a -20 grados centígrados para su preservación.

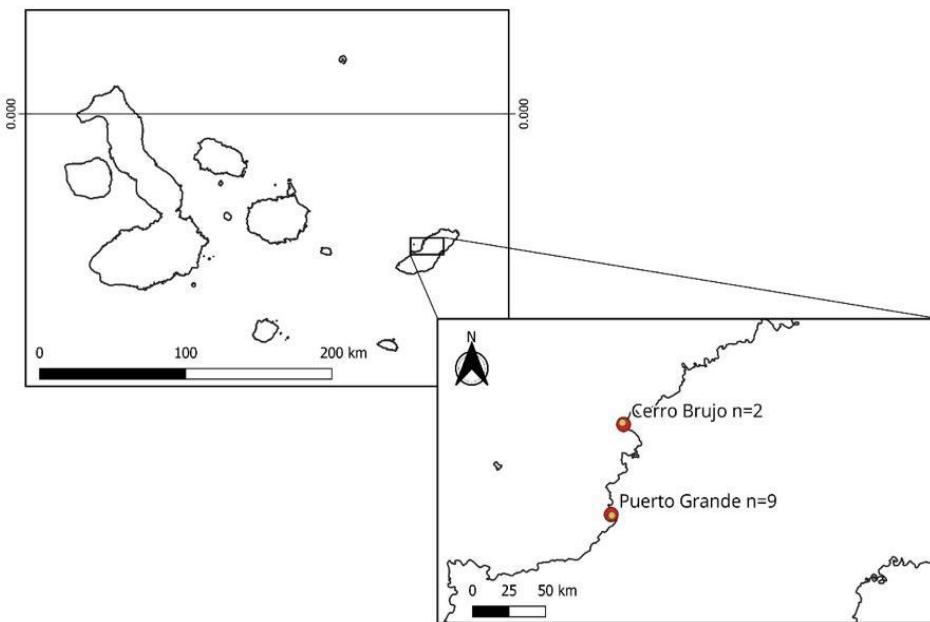


Figura 1: Mapa de las Islas Galápagos que muestra dos sitios específicos en la Isla San Cristóbal donde se realizó la recolección de ectoparásitos: Puerto Grande (S 00°48.009', W 089°28.236') y Cerro Brujo (S 00°46.04', W 089°22.49').

Descripción Morfológica de los ectoparásitos

En el laboratorio, evaluamos la morfología de los parásitos utilizando un estereomicroscopio y capturando imágenes con un teléfono móvil. Para garantizar mediciones precisas, colocamos cada parásito junto a una regla milimétrica. Tomamos fotos desde varios ángulos, incluyendo perfiles y vistas frontal y dorsal, para tener una visualización completa de su estructura física. Utilizamos pinzas esterilizadas con cloro y alcohol para manipular los parásitos y colocarlos en la posición deseada.

Parásitos tipo sanguijuela

Para la descripción de los parásitos tipo sanguijuela se usó la guía taxonómica de Sawyer, R. T., Lawler, A. R., & Oversheet, R. M. (1975) y Burreson, E. M. (2020). La tabla 2 detalla las características morfológicas de cuatro especies del género

Stibarobdella cercanamente relacionadas. Estas características fueron usadas para la identificación de los individuos colectados en este estudio a nivel de especie.

Parásitos tipo copépodo

La tabla 3 detalla las características morfológicas de tres especies de copépodos encontrados normalmente en vertebrados marinos. Estas características fueron usadas para la identificación de los individuos de este estudio a nivel de especie.

Tabla 2. Detalle de características morfológicas de cuatro especies cercanamente relacionadas de sanguijuelas del género *Stibarobdella*.

Especie	Cuerpo	Diámetro corporal	Coloración del cuerpo	Ojos	Ventosas	Tubérculos
<i>Stibarobdella moorei</i> (Lopez et al., 2017)	Cuerpo alargado con un extremo anterior que presenta una ventosa oral.	2.25 ± 0.63 cm, Este tamaño puede variar ligeramente entre los especímenes, pero se mantiene dentro de un rango que la distingue de otras especies de su género.	colores que varían dependiendo del entorno	no tiene ojos en la ventosa oral	Ventosa caudal es más grande que la oral. La ventosa oral es grande, profundamente cóncava y tiene un borde marginal distintivo. Está dispuesta de manera excéntrica, lo que provoca que la superficie dorsal sea más larga que la ventral. La ventosa terminal es pequeña y se ubica en el extremo caudal, ayudando en la estabilidad y en la sujeción adicional al hospedero.	No se menciona la presencia de tubérculos, sin embargo se resalta la presencia de una compleja disposición de fibras musculares circulares y longitudinales que le permiten expandir y contraer su cuerpo para adherirse firmemente y moverse en el hospedero.
<i>Stibarobdella macrothela</i> (Schmarda, 1861; SOTO, 2000; Llewellyn, 1996).	Cuerpo fusiforme	No se conoce un valor exacto del diámetro, pero se ha encontrado individuos de una longitud total de 67 mm, con un ancho máximo de 14 mm y una altura máxima de 9 mm, lo que indica que es un organismo relativamente delgado y alargado.	La coloración del cuerpo es rojiza cuando el espécimen está fresco, lo que puede ser un indicativo de su estado fisiológico. Al fijarse en alcohol al 70%, la coloración cambia a un tono crema.) (varía desde marrón amarillento hasta verde azulado)	Tiene presencia de ojos “ocelos”, manchas de pigmento en forma de corona en la superficie dorsal de la ventosa oral.	Posee una ventosa caudal notablemente grande, hasta tres veces el tamaño de la ventosa oral, lo que es característico dentro de las especies del grupo Pontobdellinae Ventosa oral: tiene una forma ligeramente ovalada y se encuentra unida de forma excéntrica , lo que significa que no está perfectamente centrada en relación con el eje del cuerpo.	Algunos especímenes presentan grandes tubérculos redondeados, en especial aquellos provenientes de Florida. Sin embargo, no todos los especímenes presentan esta característica. Los tubérculos son generalmente blancos o de color crema y pueden estar dispuestos en bandas o manchas de pigmento en algunas regiones del cuerpo.
<i>Stibarobdella loricata</i> (Harding, 1924) SOTO, 2000; Llewellyn, 1996	Cuerpo fusiforme, que se estrecha gradualmente hacia el extremo anterior.	La cabeza mide 1.5 (0.85-2.6) mm de largo y 0.39 (0.31-0.47) mm de ancho. No tiene cuello. La segmentación comienza en la parte posterior de la cabeza.	Color verde oliva, mientras que los ejemplares conservados en solución fijadora se vuelven de un color amarillo pálido. (los especímenes oscilan entre amarillo pálido, verde y marrón.)	Este parásito no tiene una mancha ocular en la ventosa caudal, pero posee muchos fotoreceptores.	Ventosa oral: Forma cupuliforme, adherida excéntricamente (superficie dorsal más larga), Ventosa caudal: Forma cupuliforme cuando está contraída, con diámetro menor al máximo del cuerpo, pero al expandirse lo iguala aproximadamente. Esta ventosa es aproximadamente del mismo tamaño que la ventosa caudal, pero cuando ambas están completamente expandidas, la ventosa posterior es ligeramente más grande.	La especie muestra tuberculación. En la región preclitelar y en algunas partes de la región clitelar , los tubérculos pueden estar ausentes o ser significativamente más pequeños, con un número de tubérculos en la superficie ventral que varía de 4 a 7, con una posible asimetría bilateral.

<i>Stibarobdella tasmanica</i> (Hickman, 1947) (Burreson, 2020)	Cilíndrica y alargada, con un urosoma que es amplio y aplanado.	Puede alcanzar hasta 8.0 mm	Es amarillo pálido a marrón verdoso.	Carece de ojos en la ventosa oral.	La ventosa oral está bien desarrollada y la ventosa caudal es pequeña y terminal.	Carece de tubérculos, su cuerpo es liso.

Tabla 3. Detalle de características morfológicas de tres especies cercanamente relacionadas de Copepodos del género *Caligus* y *Dinematura*.

Caligus priacanthi (Pilla, 1961) no dispone de información sobre su estructura o al menos la información que busco llenar en esta tabla.

Especie	Diámetro corporal	Forma del cuerpo	Presencia de antenas	Cono bucal	Patas natatorias	Carácter sexual	Coloración	Saco ovígero
<i>Caligus bonito</i> , (Wilson, 1905). (Öktener, Alaş & Türker, 2017) (Agasawa, Ohashi & Tanaka, 2019)	Varía entre 4.5 a 5 mm en machos mientras que en hembras se encontraron especímenes femeninos recolectados: 6.4 a 7.2 mm	Típica de copépodos calídicos; cuerpo alargado y segmentado.	Sí, presentan tres almohadillas adhesivas en las antenas.	No se menciona un cono bucal, pero es característico en copépodos sifonostomatoídes, probablemente presente	Pata 1: Exopodito con setas que portan dientes. Pata 2: Endopodito: Primer segmento con 4 dientes. Segundo segmento con dientes en dos filas levemente alternas.	Machos identificados, con morfología detallada. Maxilípedo de 3 segmentos: Segmento proximal con 4 tubérculos pequeños. Segmento distal forma una garra con una seta corta.	No se menciona específicamente el color en el documento.	La hembra tiene sacos ovígeros.
<i>Dinematura coleoptrata</i> (Guerin-Meneville, 1837)	El tamaño total de la hembra varía entre 10.9 mm y 12.6 mm de largo.	El cuerpo tiene una forma subrectangular en varias secciones, siendo subovado o subcircular en algunas áreas.	La primera antena tiene 2 segmentos, siendo el segundo el doble de largo que el primero, con espinas y setas en sus márgenes. La segunda antena tiene 3 segmentos.	El tubo bucal mide 1 mm de largo y se estrecha a lo largo de su longitud.	Se describen varias patas birráneas (patas natatorias), como la primera, segunda, tercera y cuarta pereióditos, con varios segmentos y estructuras especializadas, como espinas y cirri en sus márgenes.	Los caracteres sexuales se mencionan en el segmento genital de la hembra, que es más ancho que largo y tiene dos procesos posterolaterales largos.	No se menciona.	No se menciona.

<p><i>Caligus sclerotinosus</i> <i>Roubal, Armitage & Rohde, 1983</i></p>	<p>El cuerpo mide aproximadamente entre 3.5 y 4.5 mm de largo en hembras adultas, y entre 2.5 y 3.5 mm en machos (Maran et al., 2012).</p>	<p>Ovalado y aplanado dorsoventralmente, típico del género <i>Caligus</i>. El prosoma (parte anterior) es ancho, y el urosoma (parte posterior) más estrecho.</p>	<p>Sí, posee antenas. Las antenas del primer par son cortas y uncinadas (con forma de gancho), y se utilizan para anclarse al hospedador.</p>	<p>Forma de cono con piezas bucales perforadoras y chupadoras, especializadas para alimentarse de mucosa, sangre o tejidos del hospedador.</p>	<p>Posee cuatro pares de patas torácicas birrámeas (bifurcadas), funcionales como patas natatorias, típicas de los calígidos.</p>	<p>Dimorfismo sexual evidente. Las hembras son más grandes y tienen sacos ovígeros prominentes. Los machos son más pequeños y su abdomen más delgado.</p>	<p>Transparente a blanquecino; puede presentar tonalidades marrones o rosadas, dependiendo del contenido interno y la alimentación.</p>	<p>Presente en hembras adultas. Generalmente porta dos sacos ovígeros largos y delgados, dispuestos simétricamente, conteniendo hileras de huevos.</p>
---	--	---	---	--	---	---	---	--

Descripción molecular de parásitos de elasmobranquios

Extracción de ADN

La extracción de ADN genómico se realizó a partir de ocho muestras seleccionadas, siguiendo el protocolo proporcionado en el Kit DNeasy Blood & Tissue (Qiagen, 2013). Es importante destacar que se añadieron 8 microlitros extra de Proteinasa K solution a ocho de las muestras. Esta adición fue necesaria para asegurar que estas muestras, que tenían una consistencia ligeramente más densa, se desagregaran de manera efectiva. Posteriormente, se procedió a cuantificar las extracciones utilizando el Nanodrop 2000 (Thermo Fisher Scientific, 2015). Se preparó un gel de agarosa al 1%, compuesto por 0.5 g de agarosa y solución TBE 1x. Posteriormente, se utilizó el fotodocumentador BioRad Gel Doc XR para verificar la integridad del ADN extraído de las muestras (Anexo 1). Este proceso se llevó a cabo como parte del protocolo para evaluar la calidad y la presencia de fragmentos de ADN obtenidos durante la extracción.

Amplificación y secuenciamiento de ADN

Una vez obtenido el ADN, se procedió a realizar la PCR, una técnica que replica o amplifica segmentos específicos del ADN. Se amplificó el fragmento Citocromo Oxidasa I (COI) usando los primers LCO1490 (5'-GGTCAACAAATCATAAAGATATTGG-3') y HCO2198 (5'-TAAACTTGACCAAAAAATCA-3') (Asselman, 2010). Es importante destacar que este procedimiento se llevó a cabo con ADN a una concentración de 30 ng/ μ l para todas las muestras. La reacción de PCR se llevó a cabo en el termociclador usando el siguiente programa: El proceso comenzó con la etapa inicial, conocida como "Desnaturalización Inicial", realizándose a una temperatura de 95 grados Celsius durante 4 minutos. Luego, se realizaron 35 ciclos de amplificación: 94 grados Celsius durante 30 segundos, 50 grados Celsius durante 40 segundos, y 68 grados Celsius durante 1 minuto. Finalmente, la etapa de "Extensión Final", se llevó a cabo a 68 grados

Celsius durante 5 minutos. Después se evaluó la integridad de la amplificación mediante electroforesis con SYBR Safe DYE como colorante fluorescente (Anexo 2). También incluimos un control adicional de agua en nuestras pruebas (Anexo 3). Este control de agua tenía como objetivo descartar cualquier posibilidad de contaminación en los reactivos, asegurándonos así de que los resultados obtenidos fueran lo más precisos y confiables posible. Las amplificaciones se enviaron para el respectivo secuenciamiento en la compañía Macrogen.Inc (Corea).

Análisis de datos

Limpieza y edición de las secuencias de ADN

Cada producto de PCR fue secuenciado en dirección forward y reverse. Las 16 secuencias de ADN se importaron en la aplicación Geneious Prime con el propósito de realizar recortes en los extremos, eliminando áreas específicas de baja calidad. Luego, se procedió al ensamblaje de cada secuencia forward y reverse correspondiente a cada muestra. Posteriormente, se llevó a cabo una verificación manual en los lugares donde no había concordancia entre el forward y el reverse en Geneious. Finalmente, se obtuvo una secuencia de consenso para cada individuo.

Búsqueda Nucleotide BLAST

Una vez obtenidas las secuencias de consenso para cada individuo, se utilizó la herramienta Nucleotide BLAST de la plataforma NCBI (National Center for Biotechnology Information) para una búsqueda exhaustiva en la base de datos pública de esta plataforma. Los parámetros seleccionados para la búsqueda en BLAST incluyeron el conjunto de búsqueda Standard databases (nr, etc.), y se mantuvo la configuración de Highly similar sequences (megablast) (BLAST, 2023).

Análisis filogenéticos

Para la construcción del árbol filogenético, se utilizaron secuencias moleculares obtenidas de muestras de parásitos del tipo sanguijuela y copépodos. Las secuencias analizadas incluyeron tanto las recolectadas por los autores del estudio como otras previamente disponibles en bases de datos públicas.

En primer lugar, se utilizaron secuencias obtenidas de la base de datos del National Center for Biotechnology Information (NCBI), que proporciona acceso a información genética de organismos previamente muestreados y secuenciados. Estas secuencias fueron complementadas con muestras propias de parásitos recolectadas en Galápagos, así como otras especies utilizadas como grupo externo. El análisis filogenético se realizó utilizando el software MEGA (Molecular Evolutionary Genetics Analysis), en el cual se alinearon las secuencias y se construyó un árbol filogenético utilizando el método de máxima verosimilitud (Maximum Likelihood). Se evaluó la confiabilidad de las ramas mediante un análisis de bootstrap con 1000 repeticiones, y se identificaron los clados principales con sus respectivos valores de soporte. Finalmente, para mejorar la visualización del árbol filogenético, se empleó el programa FigTree, el cual permitió editar aspectos estéticos como el color, la disposición de las ramas y el etiquetado de los nodos, sin alterar la estructura analítica del árbol.

Infografías sobre la diversidad de parásitos en elasmobranquios de Galápagos.

Para el desarrollo de la infografía científica, se emplearon diversas herramientas que facilitaron la organización y representación de la información de manera clara y efectiva. La plataforma principal utilizada para la creación de los diseños fue Canva, una herramienta en línea que permitió la personalización de plantillas, así como la incorporación de íconos, gráficos y otros elementos visuales, lo que facilitó la

elaboración de infografías profesionales de forma sencilla y accesible. Asimismo, se recurrirá a fuentes bibliográficas confiables, como artículos científicos y estudios especializados sobre los parásitos de los elasmobranquios, con el fin de asegurar la precisión de la información presentada. Estas fuentes serán fundamentales para obtener datos exactos sobre los parásitos más relevantes, entre ellos *Stibarobdella macrothela*, *Caligus bonito* y *Caligus priancanthei*.

Para complementar los diseños y representaciones visuales, se utilizarán herramientas adicionales como Above Lightroom, que permitirá la edición de ilustraciones detalladas en caso de que sea necesario representar con mayor precisión ciertos aspectos anatómicos de los parásitos. También se empleará PhotoRoom, específicamente su función Background Remover, que facilita la eliminación automática del fondo de las imágenes, optimizando así la integración de gráficos y fotografías en las infografías. El proceso de creación de las infografías se estructurará en tres etapas principales. La primera consistirá en la recolección de información, en la que se buscarán imágenes, diagramas y datos relevantes sobre los parásitos. Esta información será obtenida de fuentes especializadas y artículos científicos que permitan ilustrar los aspectos más importantes de estos organismos marinos. Una vez recopilada la información, se procederá a la fase de diseño en Canva, utilizando plantillas temáticas adaptadas para la creación de infografías dirigidas a un público infantil (de 7 a 15 años). Se priorizarán imágenes llamativas, colores vibrantes y explicaciones sencillas que faciliten la comprensión de los conceptos. El objetivo principal será difundir esta información de manera atractiva en plataformas educativas y redes sociales, fomentando el interés por la biología marina de forma educativa y entretenida. La estructura de las infografías se organizará en secciones bien definidas que permitan presentar la información de manera clara y ordenada. La introducción será la primera parte de cada infografía, en la que se

incluirá un título atractivo y una breve descripción sobre qué es un parásito. Posteriormente, se explicará qué es un elasmobranquio, seguida de una sección dedicada a los parásitos presentes en estos animales, con representaciones gráficas de los tipos de parásitos internos y externos. Finalmente, la infografía concluirá con las principales conclusiones obtenidas a lo largo de la investigación.

Resultados

Descripción morfológica de parásitos tipo sanguijuela

Con base en los datos presentados en la Tabla 2 y utilizando las guías de identificación de Sawyer et al. (1975) y Burreson (2020), se realizó la identificación morfológica de los individuos: ID 1418, 1551, 1599 y 1600 lo que permitió determinar su especie a partir de características físicas distintivas. La Tabla 4 resume de manera estructurada las principales características morfológicas observadas en los ectoparásitos analizados. La Figura 2 muestra imágenes representativas de estos individuos, evidenciando las diferencias en coloración, tamaño y forma corporal..

Los individuos con mayor longitud corporal son los ID 1418 y 1600, con medidas de 5 cm y 5.1 cm, respectivamente. Sin embargo, el individuo ID 1600 tiene un ancho máximo notablemente mayor (8 mm) en comparación con el ID 1418 (5 mm). En el extremo opuesto, el individuo ID 1551 presenta la longitud corporal más pequeña, con 1.3 cm de largo y 6 mm de ancho en su punto más amplio. La coloración de los individuos varía, pero la mayoría (ID 1418, 1599, 1600) exhiben tonos que van de marrón a rojizo. Por otro lado, el ID 1551 tiene una tonalidad amarilla pálida con franjas ligeramente más oscuras, lo que lo distingue del resto de los individuos. En cuanto a los ojos, todos los individuos tienen ocelos visibles, excepto el ID 1418, cuyo avanzado estado de deterioro, no permitió identificar estas estructuras. Las ventosas en

todos los individuos presentan características similares: la ventosa oral es pequeña y la ventosa caudal es ligeramente ovalada, unida de forma excéntrica.

En todos los casos, no se observan tubérculos, pero sí un patrón de anillos en la superficie de los individuos, un rasgo común en todos los ejemplares (ID 1418, 1551, 1599, 1600). Todos comparten una estructura fusiforme con patrón de anillos sin tubérculos, manteniendo una consistencia morfológica, aunque con algunas variaciones en tamaño y coloración.

Tabla 4. Detalle de la estructura morfológica de las muestras de ectoparásitos tipo “Sanguijuelas” analizados en este estudio.

ID del Individuo	Cuerpo	Diámetro corporal	Coloración del cuerpo	Ojos	Ventosas	Tubérculos
1418	Cuerpo de forma fusiforme, que se estrecha gradualmente hacia ambos extremos, con un afinamiento más marcado hacia la ventosa oral. Su estructura es cilíndrica.	Longitud total 5 cm, ancho del cuerpo 5 mm	Entre Marrón a rojizo	No se puede ver por el estado del animal	Ventosa oral relativamente pequeña, la ventosa caudal tiene una forma ligeramente ovalada y se encuentra unida de forma excéntrica.	No presenta tubérculos, presentan un patrón de anillos.
1551	Cuerpo de forma fusiforme, que se estrecha gradualmente hacia ambos extremos	Longitud total 1.3 cm, con un ancho máximo de 6 mm	Color amarillo pálido con franjas de un tono ligeramente más oscuro.	Si tiene ojos	La ventosa oral es relativamente pequeña y presenta dos puntos de color rojizo. La ventosa caudal, de forma ligeramente ovalada, está unida de manera excéntrica.	No presenta tubérculos, sin embargo, tiene un patrón de anillos.
1599	Cuerpo de forma fusiforme, que se estrecha gradualmente hacia ambos extremos, con un afinamiento más marcado hacia la ventosa oral. Su estructura es cilíndrica.	Longitud total 3.4 cm, con un ancho máximo de 2 mm	Entre Marrón a rojizo.	Si tiene ojos	Ventosa oral relativamente pequeña, la ventosa caudal tiene una forma ligeramente ovalada y se encuentra unida de forma excéntrica.	No presenta tubérculos, presentan un patrón de anillos
1600	Cuerpo de forma fusiforme, que se estrecha gradualmente hacia ambos extremos, con un afinamiento más marcado hacia la ventosa oral. Su estructura es cilíndrica.	Longitud total 5.1 cm, con un ancho máximo de 8 mm	Entre Marrón a rojizo.	Si tiene ojos	Ventosa oral relativamente pequeña, la ventosa caudal tiene una forma ligeramente ovalada y se encuentra unida de forma excéntrica.	No presenta tubérculos, presentan un patrón de anillos

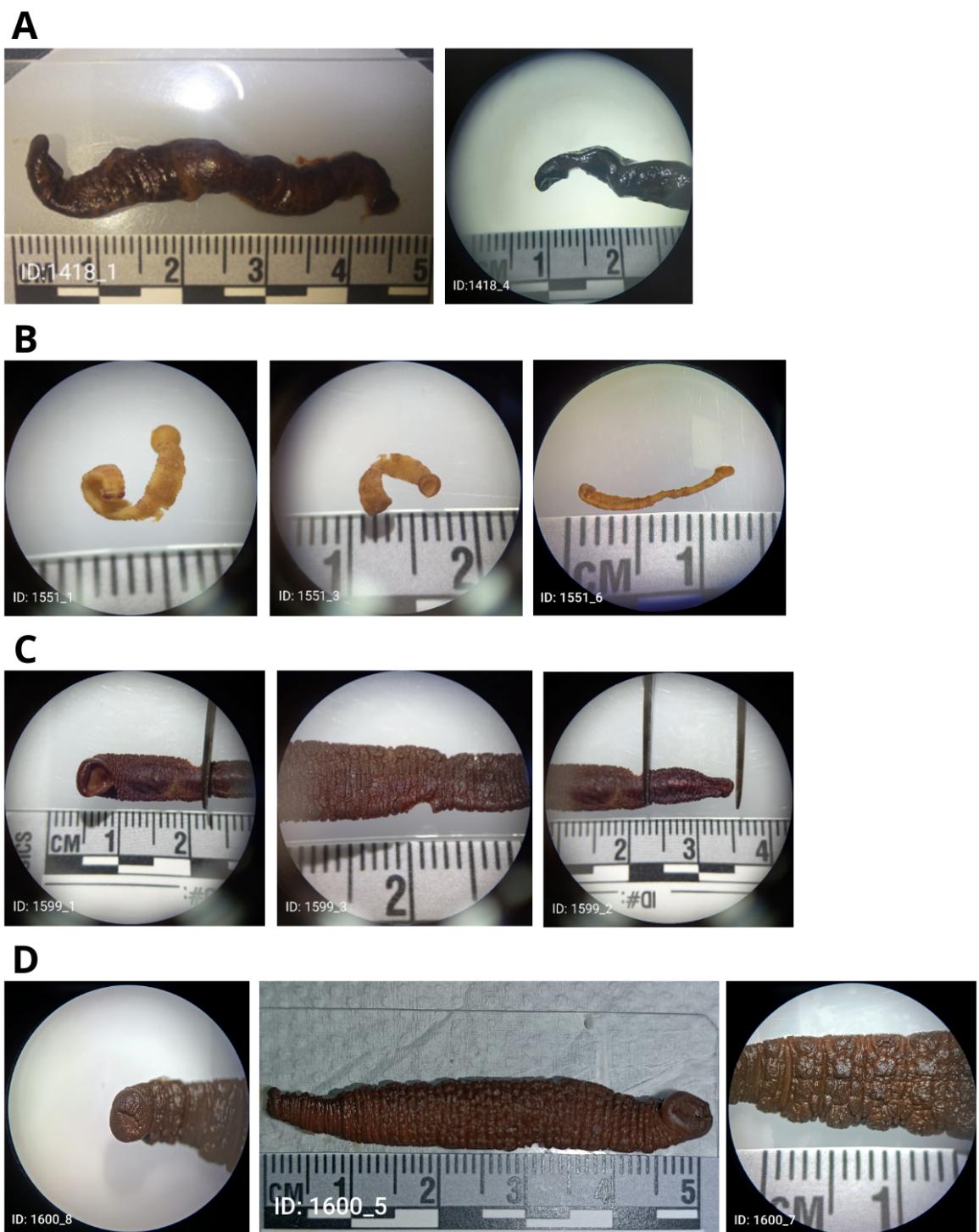


Figura 2: (A) Longitud total y ventosa caudal del individuo 1418; (B) Proyección lateral de la longitud total, ventosa oral y proyección frontal de la longitud total del individuo 1551; (C) Ventosa caudal, proyección de los segmentos en la zona dorsal y ventosa oral del individuo 1599; (D) Ventosa oral, proyección frontal de la longitud total y franjas transversales alternadas en todo el cuerpo del individuo 1600.

Se extrajo con éxito el ADN de las cuatro muestras de sanguijuela analizadas. El ADN genómico presentó concentraciones que variaron entre 34.4 ng/μL (ID 1600) y 305.5 ng/μL (ID 1599), como se muestra en la Tabla 5. La calidad del ADN se evaluó mediante las relaciones de absorbancia 260/280 y 260/230, encontrándose dentro de rangos aceptables en la mayoría de los casos, lo que indica un ADN de buena calidad. No obstante, se observaron algunas variaciones relevantes. Los ID 1418 y 1599 presentaron tanto concentraciones elevadas como relaciones 260/280 y 260/230 cercanas a los valores óptimos (2.17 y 1.90 en el caso del ID 1418; 2.22 y 1.95 en el ID 1599), lo que sugiere una excelente calidad del ADN. El ID 1551 mostró una concentración moderada (85.1 ng/μL) y una buena relación 260/280 (2.17), aunque su valor de 260/230 fue más bajo (0.88), lo que podría indicar presencia de contaminantes. Por su parte, el ID 1600 presentó tanto una baja concentración (34.4 ng/μL) como valores de absorbancia fuera del rango ideal (260/280 = 1.00; 260/230 = 0.62), lo que sugiere una calidad de ADN deficiente en este caso.

Tabla 5. Concentración de ADN, expresada en nanogramos por microlitro (ng/μl), en las muestras de cuatro parásitos sustraídos de los elasmobranquios de Galápagos (Aetobatus sp., Rhinoptera steindachneri y Carcharhinus limbatus).

Código de la muestra	Concentración de ADN (ng/μl)	260/280	260/230
1418	297	2.17	1.90
1551	85,1	2.17	0.88
1599	305,5	2.22	1.95
1600	34,4	1.00	0.62

Las cuatro muestras de ADN fueron amplificadas con éxito utilizando el gen COI. Tras el proceso de limpieza y edición, las secuencias de parásitos tipo sanguijuelas se redujeron de 1407 a 680 pares de bases.

Resultado de la búsqueda de Nucleotide BLAST de sanguijuelas.

Los resultados obtenidos mediante la herramienta BLAST muestran una alta coincidencia genética con la especie *Stibarobdella macrothela* en todas las muestras analizadas (Tabla 6), lo que respalda su identificación molecular. La muestra ID 1418 presentó una cobertura del 96% y porcentajes de identidad del 97.15% y 96.40% con secuencias de referencia de Heron Island y Hawaii (DQ414340.1, DQ414341.1). Las muestras ID 1551 y 1599 mostraron coberturas del 89% con identidades superiores al 98%, mientras que la muestra ID 1600 alcanzó un 95% de cobertura y hasta 97.95% de identidad. Estos resultados confirman la presencia consistente de *S. macrothela* en los individuos analizados y la efectividad del análisis molecular para su identificación.

Tabla 6. Porcentaje de identidad de parásitos tipo sanguijuela obtenido mediante la herramienta BLAST.

Individuo	Número de acceso	Nombre científico	Per. Cobertura	E value	Per. Ident
D1418	DQ414340.1	<i>Stibarobdella macrothela</i> from Heron Island cytochrome c oxidase subunit I gene, partial cds; mitochondrial	96%	0	97.15%
	DQ414341.1	<i>Stibarobdella macrothela</i> from Hawaii cytochrome c oxidase subunit I gene, partial cds; mitochondrial	96%	0	96.40%
ID1551	DQ414340.1	<i>Stibarobdella macrothela</i> from Heron Island cytochrome c oxidase subunit I gene, partial cds; mitochondrial	89%	0	99.10%
	DQ414341.1	<i>Stibarobdella macrothela</i> from Hawaii cytochrome c oxidase subunit I gene, partial cds; mitochondrial	89%	0	98.35%
ID1559	DQ414340.1	<i>Stibarobdella macrothela</i> from Heron Island cytochrome c oxidase subunit I gene, partial cds; mitochondrial	89%	0	98.80%
	DQ414341.1	<i>Stibarobdella macrothela</i> from Hawaii cytochrome c oxidase subunit I gene, partial cds; mitochondrial	89%	0	98.05%
ID1600	DQ414340.1	<i>Gen de la subunidad I de la citocromo c oxidasa de Stibarobdella macrothela de Heron Island, cds parcial; mitocondrial</i>	95%	0	97.95%
	DQ414341.1	<i>Stibarobdella macrothela</i> from Hawaii cytochrome c oxidase subunit I gene, partial cds; mitochondrial	95%	0	97.31%

Construcción de Árbol filogenético

El árbol filogenético está compuesto por tres clados principales. El primer clado, con un alto soporte (bootstrap = 1), incluye las muestras *Stibarobdella tasmanica* y *Moorebellina binnulata* como grupos externos. El segundo clado, también con alto soporte (bootstrap= 0,93), agrupa las muestras de *Stibarobdella macrothela* de Virginia (Océano Atlántico). El tercer clado, con un alto soporte (bootstrap= 0,98), se divide en dos subclados. El primero corresponde a una muestra *Stibarobdella macrothela* de Hawaii, mientras que el segundo subclado de subclavo, con un alto soporte (bootstrap= 0,77) está formado por las muestras de *S. macrothela* Galápagos (IDs 1601, 1418, 1551, 1599 y 1600) y una muestra de Australia (Figura 3).

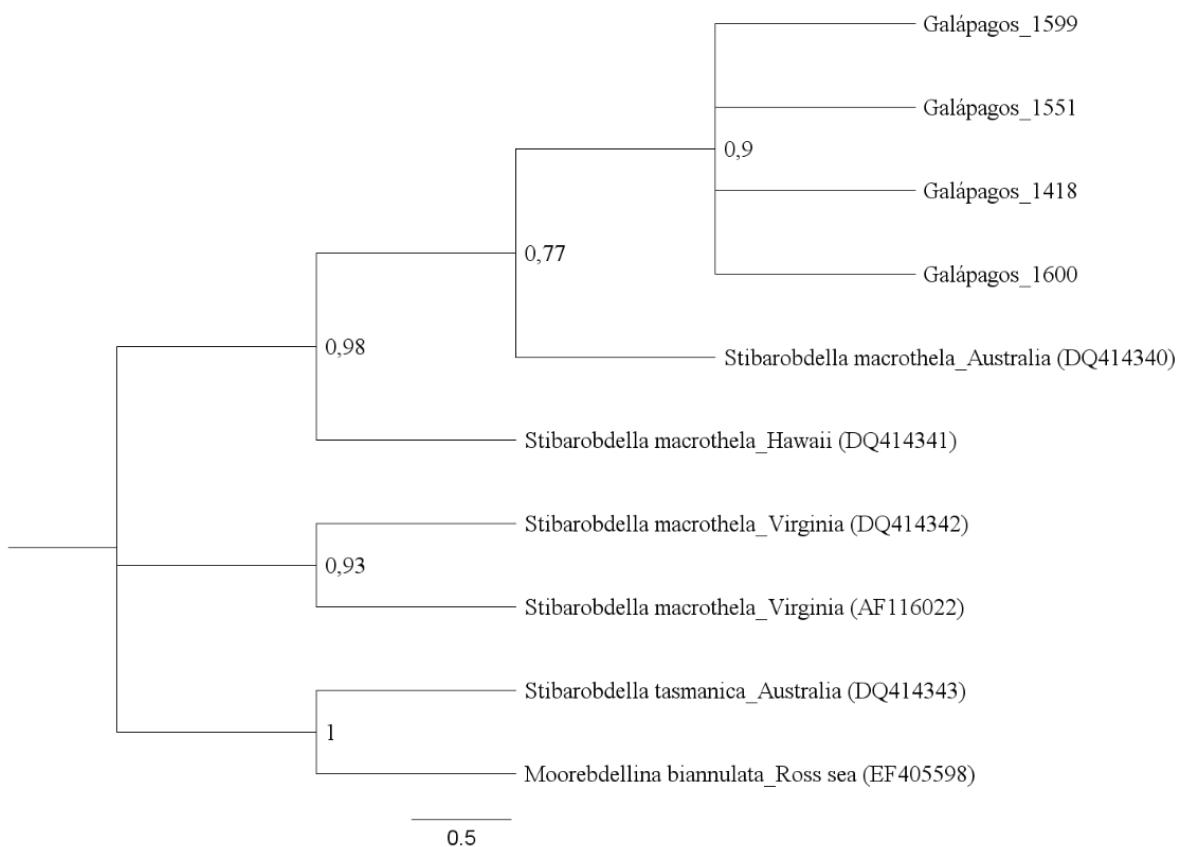


Figura 3: El árbol filogenético del género *Stibarobdella*, construido con el marcador mitocondrial COI, muestra que las muestras de Galápagos (IDs 1601, 1418, 1551, 1599 y 1600) están más estrechamente relacionadas con las procedentes de Australia que con otras poblaciones geográficamente más cercanas, como las de Hawái o el Atlántico.

Para confirmar su identidad, se incluyó un grupo externo compuesto por *Stibarobdella tasmanica* y *S. biannulata*.

Descripción morfológica de parásitos tipo copépodo

A partir de los datos presentados en la Tabla 3, se estableció una relación entre las características morfológicas y las muestras SC00260, SC00346, SC00376, SC00409. No fue posible identificar cada individuo a nivel de especie en función de sus rasgos morfológicos específicos debido a que las muestras tenían estructuras descompuestas y no se logró diferenciar muchas de ellas. Por su parte, la Tabla 7 proporciona una descripción estructurada de las características morfológicas que fueron posibles de observar en los ectoparásitos estudiados. La Figura 4 muestra las imágenes de estos individuos, evidenciando las diferencias en tamaño, forma corporal y coloración.

El diámetro corporal más grande lo presenta el individuo SC00376, con 4 mm. Por otro lado, los individuos con el diámetro menor son SC00260 y SC00409, ambos con 2 mm. En el caso de SC00346, presenta un diámetro intermedio de 3 mm. La mayoría de los especímenes presentan un cuerpo aplanado dorsoventralmente, como se observa en los IDs SC00260, SC00346 y SC00409. En cambio, el ID SC00376 presenta un cuerpo con varias secciones, diferenciándose de los demás. En cuanto a las antenas, se observan en los individuos SC00260, SC00409 y SC00376, mientras que en SC00346 no es posible distinguirlas. El cono bucal está presente en SC00260, SC00346 y SC00376, pero no se observa en SC00409. En cuanto a las patas natatorias, se observan en los individuos SC00260, SC00346, y SC00409, mientras que en SC00376 no es posible diferenciarlas. Todos los especímenes analizados, incluyendo los IDs SC00260, SC00346, SC00409 y SC00376, fueron identificados como hembras. En cuanto a la coloración, los individuos SC00260, SC00346 y SC00409 tienen un cuerpo transparente. El ID SC00376 presenta un cuerpo amarillento, con los segmentos posteriores rojizos. Finalmente, todos los

individuos SC00260, SC00346, SC00409 y SC00376 tienen sacos ovígeros, siendo en este último donde se desarrollan los huevos.

Tabla 7. Descripción de la estructura morfológica de las muestras de ectoparásitos “Copépodo”.

ID	Diámetro corporal	Forma del cuerpo	Presencia de antenas	Cono bucal	Patas natatorias	Carácter sexual	Coloración	Saco ovígero
SC00260	El diámetro es de 2 mm	Presenta un cuerpo aplanado dorsoventralmente.	Se observan antenas	Si se observa	Se observan patas natatorias	Se trata de una hembra	El cuerpo es transparente	Si tiene sacos ovígeros
SC00346	El diámetro es de 3 mm	Presenta un cuerpo aplanado dorsoventralmente.	No es posible distinguir antenas	Si se observa	Se observan patas natatorias	Se trata de una hembra	El cuerpo es transparente	Si tiene sacos ovígeros
SC00409	El diámetro es de 2 mm	Presenta un cuerpo aplanado dorsoventralmente.	Se observan antenas	Si se observa	No es posible diferenciar	Se trata de una hembra	El cuerpo es transparente	Si tiene sacos ovígeros donde se desarrollan los huevos.
SC00376	El diámetro es de 4 mm	El cuerpo presenta varias secciones	Se observan antenas	Si se observa	No es posible diferenciar las patas natatorias	Se trata de una hembra	Cuerpo amarillento, pero con el segmento posteriores tienen a ser rojizo.	Si tiene sacos ovígeros donde se desarrollan los huevos.

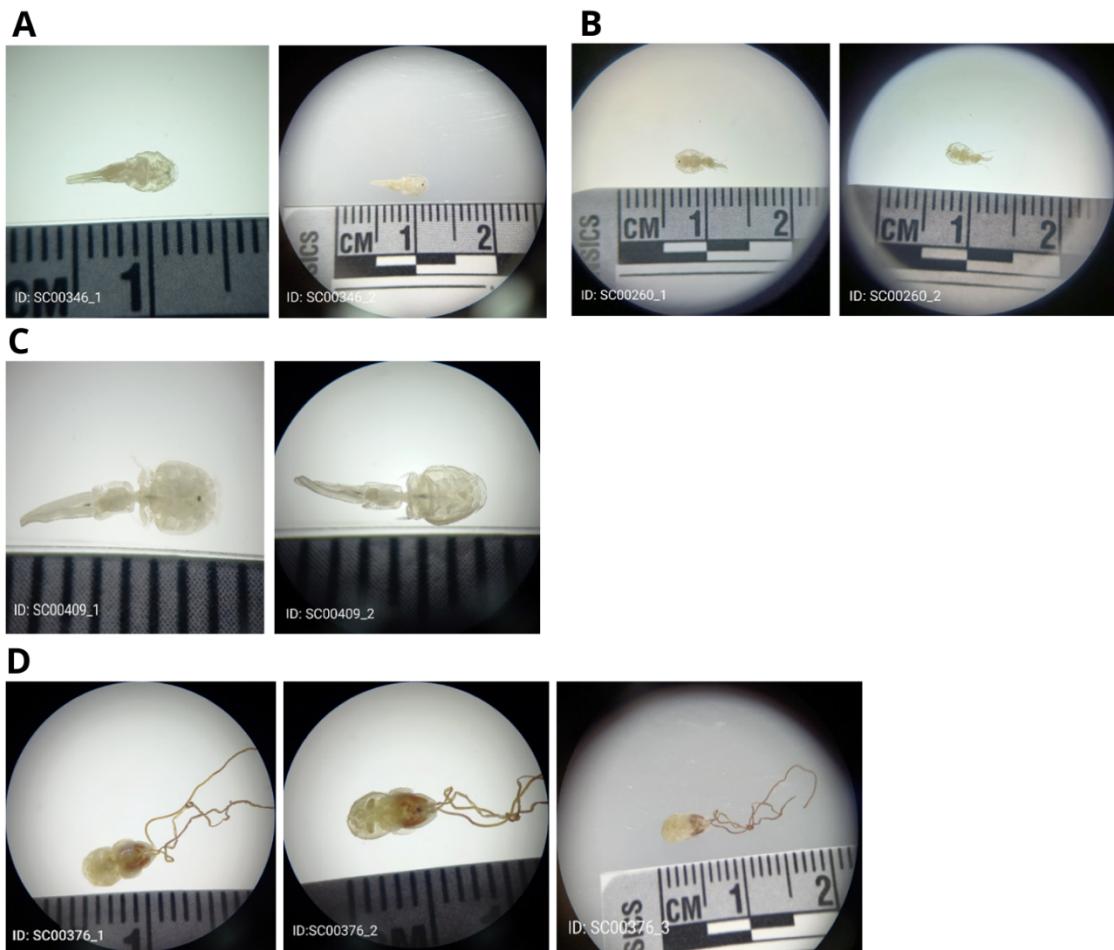


Figura 4: (A) Cuerpo ovalado con antenas simples y cilíndricas, y presencia de sacos ovígeros transparentes en la región posterior del individuo SC00346; (B) Cuerpo ovalado en ejemplar macho, con ramas caudales proporcionales y un organismo completamente transparente en el individuo SC00260; (C) Cuerpo aplanado dorsoventralmente, con sacos ovígeros transparentes en la parte posterior del individuo SC00409; (D) Cuerpo subrectangular, con filamentos en antenas y patas, y coloración amarilla con segmentos posteriores rojizos en el individuo SC00376.

Identificación molecular de copépodos

Se extrajo con éxito el ADN de cuatro muestras de copépodos analizadas. Las concentraciones de ADN varían entre 12.4 ng/ μ L (ID SC00346) y 165.1 ng/ μ L (ID SC00260), como se muestra en la Tabla 9. La calidad del ADN se evaluó mediante las relaciones de absorbancia 260/280 y 260/230, encontrándose dentro de rangos aceptables en la mayoría de los casos, lo que indica un ADN de buena calidad. Sin embargo, se observaron algunas variaciones relevantes. El ID SC00260 presentó una

concentración alta (165.1 ng/μL) y relaciones 260/280 y 260/230 de 2.16 y 1.70, respectivamente, lo que sugiere una buena calidad de ADN. El ID SC00346 mostró una concentración baja (12.4 ng/μL) y relaciones 260/280 (1.02) y 260/230 (0.84) fuera de los rangos óptimos, lo que podría indicar una calidad de ADN deficiente o la presencia de contaminantes. Por otro lado, el ID SC00376 presentó una concentración moderada de ADN (140.1 ng/μL) y relaciones 260/280 (2.33) y 260/230 (1.85) dentro de los rangos ideales, lo que sugiere una calidad de ADN bastante buena. Finalmente, el ID SC00409 presentó una concentración de 121.9 ng/μL y relaciones de absorbancia de 2.40 para 260/280 y 1.59 para 260/230, lo que también indica una calidad de ADN aceptable.

Tabla 9. Concentración de ADN, expresada en nanogramos por microlitro (ng/μl), en las muestras de cuatro parásitos sustraídos de los elasmobranquios de Galápagos (Aetobatus sp., Rhinoptera steindachneri y Carcharhinus limbatus).

Código de la muestra	Concentración de ADN (ng/μl)	260/280	260/230
SC00260	165,1	2.16	1.70
SC00346	12,4	1.02	0.84
SC00376	140,1	2.33	1.85
SC00409	121,9	2.40	1.59

Las cuatro muestras de ADN fueron amplificadas con éxito utilizando el gen COI. Tras el proceso de limpieza y edición, las secuencias de parásitos tipo copépodo se redujeron de 1770 a 724 pares de bases.

Resultado de la búsqueda de Nucleotide BLAST de copépodos.

Los resultados obtenidos mediante la herramienta BLAST muestran coincidencias genéticas con varias de especies de copépodos (Tabla 8). La muestra SC00260 presentó una cobertura del 94% con la secuencia mitocondrial de *Caligus clemensi* (HQ157566.1), alcanzando un porcentaje de identidad del 82.63%, mientras que con la

secuencia del gen de la subunidad I de *Caligus priacanthi* (MH651759.1), mostró una cobertura del 87% y un 83.13% de identidad. La muestra SC00346 presentó una cobertura del 93% con la secuencia de *Caligus clemensi* (HQ157566.1) y un porcentaje de identidad del 82.49%, mientras que con la secuencia de *Caligus priacanthi* (MH651759.1), obtuvo una cobertura del 86% y un porcentaje de identidad del 83.59%. Por otro lado, la muestra SC00376 mostró una cobertura del 86% con el cromosoma NK451B de *Thalassotalea piscium* (CP186339.1), con un porcentaje de identidad del 75.04%. Además, con la secuencia de *Pseudoalteromonas sp.* (OZ240679.1), alcanzó una cobertura del 94% y un porcentaje de identidad del 74.33%. En vista de una aparente contaminación de la muestra, ésta fue excluida de la tabla 8 debido y de los subsecuentes análisis. Finalmente, la muestra SC00409 presentó una cobertura del 97% con la secuencia mitocondrial de *Caligus clemensi* (HQ157566.1), logrando un porcentaje de identidad del 82.60%. Con la secuencia de *Caligus sp.* (KY990980.1), alcanzó una cobertura del 92% y un porcentaje de identidad del 82.76%.

Tabla 8. Porcentaje de identidad herramienta BLAST.

Individuo	Número de acceso	Nombre científico	Per. Cobertura	E value	Per. Ident
SC00260	HQ157566.1	Secuencia mitocondrial de <i>Caligus clemensi</i>	94%	4,00E-174	82.63%
	MH651759.1	Gen de la subunidad I de la citocromo oxidasa (COI) de <i>Caligus priacanthi</i>	87%	6,00E-167	83.13%
SC00346	HQ157566.1	Secuencia mitocondrial de <i>Caligus clemensi</i>	93%	6,00E-172	82.49%
	MH651759.1	Gen de la subunidad I de la citocromo oxidasa (COI) de <i>Caligus priacanthi</i> , cds parcial; mitocondrial	86%	1,00E-169	83.59%
SC00409	HQ157566.1	Secuencia mitocondrial de <i>Caligus clemensi</i>	97%	2,00E-171	82.60%
	KY990980.1	Gen de la subunidad I de la citocromo oxidasa (COI) de <i>Caligus sp.</i> H2_G1_Hmca2, cds parcial; mitochondrial	92%	1,00E-163	82.76%

Construcción de Árbol filogenético

El árbol filogenético muestra varios clados principales con soportes moderados. El primer clado, con un soporte estadístico bootstrap = 0.7, incluye a las muestras de *Calisgus* sp. De Chile con una muestra de *C. bonito* de la India. El segundo clade, con un soporte bootstrap de 0.57, contiene dos subclados, uno que agrupa a todas las muestras de *C. clemensi* de Canadá y Escocia, y otro que contiene varias especies de *Caligus*. Las muestras de Galápagos (*Galapagos_SC00260* y *Galapagos_SC00346*) se agrupan entre sí, cercanas a muestras de *C. bonito* y *C. priacanthi* de la India. Mientras que la muestra *Galápagos_SC00409* se muestra más relacionada a *C. Sclerotinosus* (Figura 4)

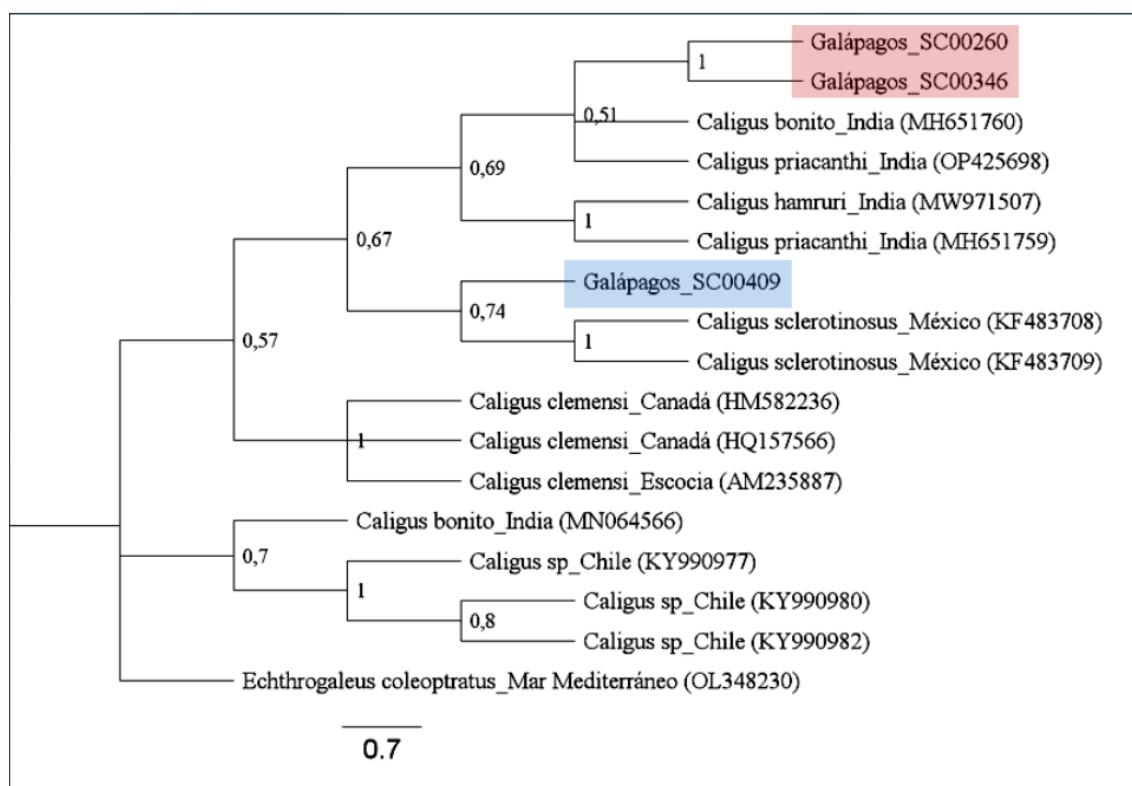


Figura 5: árbol filogenético del género *Caligus* construido con el marcador mitocondrial COI muestra las relaciones evolutivas entre las muestras de Galápagos y otras especies del grupo.

Discusión

Discusión de los resultados de las sanguijuelas y copépodos

La investigación de parásitos en elasmobranquios, como tiburones y rayas, es esencial para comprender mejor su salud y el equilibrio de los ecosistemas marinos. Estas especies cumplen roles clave como depredadores y carroñeros, pero enfrentan amenazas como la sobre pesca, el cambio climático y la pesca incidental. Los parásitos pueden tener interacciones ecológicas complejas, y en ocasiones pueden actuar como marcadores biológicos o influir en la regulación de contaminantes (Universidad Complutense Madrid, 2025). En regiones como Galápagos, donde los esfuerzos de conservación son avanzados, la falta de estudios sobre parásitos limita la formulación de estrategias de manejo integral, destacando la necesidad de abordar este aspecto para garantizar la sostenibilidad de estas poblaciones marinas.

En total, se detectó una especie de sanguijuela y al menos dos de copépodos. En primer lugar, la sanguijuela *Stibarobdella macrothela*, un parásito marino que se distribuye ampliamente en aguas tropicales de los océanos Atlántico, Índico y Pacífico, así como en el Golfo de México y el Caribe. Su presencia ha sido registrada en diversas especies de elasmobranquios, principalmente tiburones, en diferentes regiones del mundo. En el Caribe, específicamente en aguas cubanas, se ha documentado en *Ginglymostoma cirratum* (EcuRed, 2024). Por otro lado, en el Golfo de San Jorge, ha sido encontrada en rayas como *Pleoticus muelleri*, aunque en este caso no se observaron huevos en el hospedador estudiado (Martorelli, 2002). *S. macrothela* se encuentra también en diversas especies de tiburones en Australia. En el Golfo de Carpentaria, ha sido reportada en especies como *Rhynchobatus djiddensis* y *Carcharhinus limbatus*, y en el río Embley se ha registrado en *Pristis zijsron*. También se ha documentado en *Carcharhinus sorrah* en la aleta anal del tiburón spottail en Balgal, Australia (Burreson,

2020). Estos registros demuestran la extensa distribución de este parásito en regiones tropicales y subtropicales. En Estados Unidos, se encuentra asociada a diversas especies de tiburones, como varios tipos de *Carcharhinus*, y ocasionalmente a cangrejos o incluso sin un hospedador específico, es decir que puede estar en la columna de agua esporádicamente (Sawyer et al., 1975). En el Atlántico suroeste, esta sanguijuela se hospeda principalmente en el tiburón ballenero (*Carcharhinus brachyurus*), constituyendo el primer registro de la especie en esta zona (Soto, 2000). *Stibarobdella macrothela* se adhiere a la piel de sus hospedadores para alimentarse.

Además, este parásito ha sido reportado en varias otras especies de tiburones, como el tiburón cabeza de toro japonés (*Heterodontus japonicus*), el tiburón gato gecko (*Galeus eastmani*), el tiburón hinchado moteado (*Cephaloscyllium umbratile*), y el tiburón tigre de arena (*Carcharias taurus*) (Soto, 2000). También ha sido documentada en tiburones como *Carcharhinus melanopterus*, *Galeocerdo arcticus*, *Sphyraena* sp., *Eulamia* sp. Y *Scoliodon* sp., a lo largo de su distribución (Llewellyn, 1996).

El parasitismo de *S. macrothela* en los elasmobranquios puede tener efectos negativos sobre su salud. La adherencia de estas sanguijuelas a la piel de los tiburones puede generar lesiones dérmicas, las cuales podrían facilitar infecciones secundarias o aumentar el estrés en los hospedadores (Williams et al., 2003). En el caso de los elasmobranquios de las Islas Galápagos, la presencia de este parásito podría representar un riesgo adicional para estas especies, exacerbando las vulnerabilidades causadas por otros factores ambientales y antropogénicos. Por lo tanto, se subraya la necesidad de realizar estudios más detallados sobre la influencia de *S. macrothela* en estas poblaciones para evaluar los posibles impactos en la salud de los elasmobranquios en la región (Oceguera Figueroa & León Règagnon, 2013). Además, en otras regiones como México, *S. macrothela* es reconocida como un parásito hematófago especializado en los

elasmobranquios, lo que resalta la importancia de investigar su impacto ecológico, ya que su presencia podría alterar las dinámicas de salud y población de estos organismos (Oceguera Figueroa & León Règagnon, 2013).

También se identificó al menos dos especies de copépodos. La primera especie parece corresponder a *Caligus bonito* o *Caligus priacanthi*. *C. bonito*, comúnmente detectada en bonitos (*Katsuwonus pelamis*) capturados en el Mar de China Oriental, no había sido identificada en El Pacífico Este. Este hallazgo representa el primer registro confirmado de la especie en esta zona marina, lo que sugiere una posible expansión de su rango natural o una mejor capacidad de detección gracias a métodos taxonómicos más avanzados. Como la asociación de *C. bonito* con especies pelágicas migratorias lo posiciona como un organismo clave en el estudio de conectividad marina y rutas migratorias, ya que puede actuar como marcador biológico para poblaciones de peces de interés comercial (Lester et al., 1985). En cuanto a su biología, *C. bonito* presenta una morfología especializada que facilita su fijación en zonas protegidas del hospedador, como la superficie interna del opérculo o la región branquial, lo cual puede generar lesiones dérmicas, afectar la función respiratoria del pez e inducir estrés fisiológico. Aunque los niveles de infestación registrados en este estudio fueron bajos (1–2 parásitos por pez), estos datos deben interpretarse con cautela, pues la presencia de hembras ovígeras adultas sugiere que los individuos eran reproductivamente activos y, por tanto, con potencial para establecer poblaciones viables en nuevas regiones.

En este contexto, *C. bonito* representa una amenaza emergente para pesquerías de peces altamente migratorios, particularmente en ecosistemas donde los datos de parasitología marina son escasos, como el Pacífico oriental o incluso regiones protegidas como las Islas Galápagos. Considerando que *Katsuwonus pelamis* y otras especies de Scombridae son pilares económicos y ecológicos en estos ecosistemas, la introducción o proliferación de

C. bonito podría tener consecuencias negativas sobre poblaciones silvestres, especialmente si se considera que los efectos subletales de los parásitos (como daño branquial o reducción en el crecimiento) suelen pasar desapercibidos, pero afectan de forma acumulativa el rendimiento biológico de los peces hospedadores.

Adicionalmente, el cambio climático podría exacerbar estos riesgos al modificar la fenología y el ciclo de vida de los copépodos ectoparásitos. Se ha proyectado que el aumento de la temperatura del mar entre 3 y 4 °C hacia finales del siglo XXI podría alterar la morfología, tasas reproductivas y tiempos de desarrollo de estos parásitos (Acosta & Neptalí, 2023). En ese sentido, *C. bonito*, que ya ha sido documentado en zonas tropicales, subtropicales y templadas, podría beneficiarse de un rango térmico más amplio, facilitando su expansión geográfica hacia áreas anteriormente no colonizadas. Finalmente, este tipo de estudios destaca la importancia de mantener programas de monitoreo parasitológico en especies comerciales y migratorias.

Caligus priacanthi es una especie de copépodo parásito que ha sido escasamente estudiada desde su primera y única descripción detallada en la literatura científica, realizada por Pillai en 1961 en su trabajo “Copepods parasitic on South Indian Fishes. Part I, Caligidae”. A pesar de ser reconocida como una especie válida dentro del género *Caligus*, la información morfológica disponible sigue siendo limitada y desactualizada. En particular, no se han documentado aspectos esenciales para su identificación y comparación con otras especies del género, como el diámetro corporal, la presencia o forma de las antenas, la morfología del cono bucal, las características sexuales, las patas natatorias, la coloración o la presencia de saco ovígero. Esta carencia de información representa un vacío significativo en el conocimiento de la biodiversidad de copépodos parásitos, especialmente considerando el posible impacto que pueden tener sobre peces hospederos de importancia ecológica y comercial. La ausencia de descripciones

morfológicas detalladas no solo dificulta su correcta identificación, sino que también limita los estudios de filogenia, biogeografía y coevolución entre parásitos y hospedadores.

En este contexto, la escasa atención científica a *C. priacanthi* subraya la necesidad urgente de realizar nuevas descripciones morfológicas y genéticas que permitan actualizar su taxonomía y ampliar la base de datos sobre su distribución, especificidad hospedera y potencial patogenicidad. Este vacío también representa una oportunidad para futuros estudios que contribuyan a cerrar un eslabón faltante dentro del conocimiento de la familia Caligidae, aportando así al entendimiento más amplio de las relaciones ecológicas y evolutivas entre los copépodos parásitos y los peces marinos tropicales.

Otra especie detectada de copépodos fue *Caligus sclerotinosus*. Ésta ha sido ampliamente reconocida como un problema significativo en la acuicultura marina comercial, en especial en el cultivo del pargo rojo (*Pagrus major*), una especie de gran valor económico en Asia oriental. Su distribución incluye principalmente aguas costeras de Corea y Japón, donde se le ha reportado como una de las principales causas de pérdida en producción piscícola debido a sus efectos patógenos sobre peces cultivados (Maran et al., 2012).

En Corea del Sur, *C. sclerotinosus* ha sido identificado tanto en peces cultivados en jaulas flotantes como en individuos provenientes de mercados locales, lo que sugiere una circulación activa entre poblaciones silvestres y cautivas. En estudios realizados en las localidades de Tongyeong y Yeosu, se recolectaron más de 120 individuos de *P. major* a lo largo de varios meses, encontrándose una alta prevalencia del parásito en la superficie corporal, aletas y branquias de los peces analizados. Las condiciones de

hacinamiento típicas de las jaulas de cultivo parecen facilitar la transmisión del parásito y su posterior proliferación (Maran et al., 2012).

La infección por *C. sclerotinus* no solo genera daños físicos, como lesiones dérmicas, pérdida de escamas y destrucción de tejido epitelial, sino que también puede predisponer a los peces a infecciones secundarias y generar un aumento en la mortalidad, especialmente en épocas de estrés ambiental. Estos efectos, además del deterioro en la calidad del producto final, representan pérdidas económicas considerables para la industria acuícola (Johnson et al., 2004; Costello, 2009).

Este copépodo ha sido reportado como una plaga seria en Japón, donde afecta principalmente al cultivo de pargo rojo. Su detección y monitoreo en Corea responde a una creciente preocupación por el impacto que estos parásitos pueden tener sobre especies económicamente importantes. En Asia se han reportado más de 90 especies de *Caligus* asociadas a peces marinos silvestres y cultivados, pero *C. sclerotinus* ha llamado particularmente la atención por su capacidad de adaptación a ambientes de cultivo y su impacto directo en la salud de los peces (Ho, 2000; Maran et al., 2012).

El hallazgo de una muestra de Galápagos genéticamente cercana a *C. sclerotinus* registrado en México es un dato relevante desde el punto de vista biogeográfico y ecológico. Esto podría indicar una conexión evolutiva o histórica entre poblaciones del Pacífico oriental y occidental, y plantea interrogantes sobre las posibles rutas de dispersión natural o mediada por el ser humano (por ejemplo, transporte marítimo o liberación accidental de parásitos con peces migratorios o especies invasoras).

Por estas razones, se hace necesaria la implementación de estudios detallados que evalúen la distribución y los efectos ecológicos de *C. sclerotinus*, especialmente en áreas donde el maricultivo está en expansión o donde la biodiversidad marina es

altamente vulnerable. Esto permitirá anticipar impactos sanitarios y ecológicos en peces nativos y cultivados, así como reforzar estrategias de bioseguridad en sistemas de producción acuícola (Maran et al., 2012).

Es importante señalar que para la identificación morfológica de los copépodos no se utilizó con una guía específica, debido a que sus estructuras resultaron ser demasiado complejas y las herramientas disponibles no eran suficientes para realizar una determinación precisa de la especie además de que se encontraban en principios de descomposición. Sin embargo, se logró identificar algunas partes relevantes, las cuales se detallan en la Tabla 5.

Uso de herramientas genéticas en combinación con información morfológica

La identificación precisa de parásitos como los copépodos del género *Caligus* y las sanguijuelas marinas representa un reto considerable debido a la alta diversidad morfológica, la presencia de especies crípticas y la variabilidad intraespecífica. En este sentido, la combinación de herramientas morfológicas clásicas con técnicas genéticas modernas se ha convertido en un enfoque fundamental para lograr una taxonomía más robusta y confiable (Schell et al., 2012; Tang et al., 2016).

En el presente estudio, aunque la identificación de *Caligus bonito* se basó principalmente en características morfológicas detalladas como la estructura del escudo céfalotorácico, la forma del segmento genital y la morfología de las ramas furcales, resulta evidente que una aproximación complementaria basada en la secuenciación genética (por ejemplo, del gen COI mitocondrial o del 18S ribosomal) permitiría confirmar con mayor exactitud la identidad de los especímenes recolectados, especialmente en contextos donde las diferencias morfológicas entre especies son sutiles o incluso solapadas (Hebert et al., 2003; Johnson et al., 2007).

Este enfoque combinado ya ha demostrado su eficacia en estudios recientes tanto de copépodos como de sanguijuelas, donde la aplicación de códigos de barras genéticos ha permitido descubrir especies nuevas, corregir identificaciones erróneas y dilucidar relaciones filogenéticas (Kvach et al., 2020; Nishida et al., 2021). Sin embargo, para que esta metodología integrada sea efectiva, es imprescindible contar con muestras bien preservadas. La degradación de tejidos por mal almacenamiento o fijación inadecuada puede impedir la extracción de ADN de calidad, limitando así la posibilidad de realizar análisis moleculares (Tang et al., 2015). De igual manera, si los organismos no se conservan adecuadamente para su observación morfológica (por ejemplo, por descomposición o manipulación brusca), se dificulta el análisis de estructuras clave para la determinación taxonómica (Boxshall & Halsey, 2004). Por lo tanto, este trabajo subraya la importancia de aplicar un enfoque doble e interdisciplinario: por un lado, la observación detallada mediante técnicas morfológicas tradicionales, y por otro, el uso de herramientas moleculares que permitan validar o refinar las identificaciones taxonómicas. Esta estrategia no solo mejora la precisión en la caracterización de especies parásitarias, sino que también contribuye al desarrollo de estudios ecológicos, biogeográficos y epidemiológicos más sólidos (Blasco-Costa & Poulin, 2017).

En contextos como el del Mar de China Oriental, donde se reportan por primera vez especies como *C. bonito*, esta integración metodológica cobra aún mayor relevancia. Asegurar la correcta identificación de parásitos marinos es fundamental para comprender su distribución, sus ciclos de vida, sus hospedadores y sus potenciales impactos sobre la biodiversidad marina y la salud de las poblaciones de peces, especialmente en escenarios de cambio climático y presión pesquera creciente (Hayward et al., 2015; Venmathi Maran et al., 2022).

Infografía como herramientas educativas sobre este tema en Galápagos

Elaborar infografías científicas sobre los parásitos que habitan en los elasmobranquios de las Islas Galápagos se ha convertido en una estrategia muy efectiva para acercar la ciencia a personas que no necesariamente tienen formación técnica, especialmente niños y adolescentes. Esta herramienta nos ha permitido transformar información compleja en recursos visuales y educativos que, además de ser atractivos, hacen que aprender sobre biología marina sea una experiencia más amena y significativa (McCandless, 2009).

Gracias a plataformas como Canva, PhotoRoom y Above Lightroom, fue posible representar con claridad la forma y características de diversos parásitos, sin sacrificar el rigor científico necesario para este tipo de contenidos.

El contenido de las infografías se apoyó en una base sólida de literatura científica, lo que garantizó la fiabilidad de la información presentada. Trabajos como los de Johnson et al. (2017) y Chisholm & Kritsky, (2020) subrayan la relevancia de dar a conocer la diversidad de ectoparásitos y endoparásitos que afectan a rayas y tiburones, no solo por su interés científico, sino también por su papel en los ecosistemas marinos y su vínculo con la conservación. La selección de especies como *Stibarobdella macrothela*, *Caligus bonito* y *Caligus priacanthi* no fue al azar: su presencia registrada en zonas tropicales y su estrecha relación con los elasmobranquios las hicieron ideales para este trabajo, especialmente por sus rasgos morfológicos, que facilitaron su representación gráfica.

Desde la perspectiva educativa, adaptar estas infografías a un público infantil, en un rango de edad entre los 7 y los 15 años, fue un aspecto esencial. Se tuvo especial cuidado en el uso del lenguaje y de los recursos visuales, buscando siempre que la información sea comprensible y atractiva. Investigaciones como las de Fischhoff (2013) y Mayer (2014) han demostrado que elementos como colores vivos, ilustraciones

llamativas y explicaciones sencillas favorecen la comprensión y la memoria, algo especialmente valioso en espacios educativos. Este tipo de enfoque es clave en lugares como Galápagos, donde la educación ambiental no solo es una herramienta de enseñanza, sino también una necesidad para la conservación del entorno.

Además, la experiencia se alinea con iniciativas globales como el movimiento Ocean Literacy, que promueve el desarrollo de materiales pedagógicos innovadores para mejorar la comprensión pública sobre los océanos (Santoro et al., 2017). En este marco, las infografías pueden desempeñar un papel central en espacios como escuelas, centros de interpretación, museos y redes sociales, ayudando a tender puentes entre la ciencia y la comunidad.

No obstante, uno de los desafíos encontrados fue la escasa disponibilidad de imágenes científicas de libre uso que cumplieran con los estándares de calidad requeridos. Esta situación obligó a crear y editar ilustraciones de manera manual, utilizando herramientas como Lightroom y PhotoRoom. Esta limitación deja en evidencia la necesidad urgente de contar con bancos de imágenes científicas abiertos y bien documentados, especialmente aquellos que incluyan especies propias del archipiélago.

En definitiva, los resultados obtenidos a partir del desarrollo de estas infografías no solo cumplieron con el propósito de comunicar de manera clara la diversidad parasitaria en elasmobranquios, sino que también demostraron el valor de este recurso como una herramienta metodológica poderosa para fomentar la educación ambiental y científica en contextos locales. Este modelo, además, tiene potencial para ser replicado en otras temáticas, promoviendo una sociedad más informada, consciente y comprometida con la conservación del patrimonio natural.

Referencias bibliográficas:

- Anadón, R., Duarte, C. M., & Farina, C. (2005). Impactos del cambio climático en España 4. Impactos sobre los ecosistemas marinos y el sector pesquero.
https://www.jmcpnl.net/PUBLICACIONES/F13/CAMBIO%20CLIMAT%20ESPA%C3%93%2091A/04_eco_marino_y_pesquero.pdf
- Asselman, M. (2010). Table 6: LCO1490 (forward) and HCO2198 (reverse) primers. ResearchGate. https://www.researchgate.net/figure/LCO1490-forward-and-HCO2198-reverse-primers_tbl4_260491843
- Benz, G. W., & Deets, G. B. (1986). Fifty-five million years of pandering: a review of host-parasite associations between elasmobranchs and copepods of the family Pandaridae (Copepoda: Siphonostomatoida). *Journal of the Marine Biological Association of the United Kingdom*, 66(2), 411–432.
- BLAST. (2023). Basic Local Alignment Search Tool. Nih.gov.
<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>
- Burreson, E. M. (2020). Marine and estuarine leeches (Hirudinida: Ozobranchidae and Piscicolidae) of Australia and New Zealand with a key to the species. *Invertebrate Systematics*. <https://doi.org/10.1071/is19048>
- Carvajal, J., González, L., & George Nascimento, M. (1998). Native sea lice (Copepoda: Caligidae) infestation of salmonids reared in netpen systems in southern Chile. *Aquaculture*, 166(3–4), 241–246. [https://doi.org/10.1016/s0044-8486\(98\)00301-9](https://doi.org/10.1016/s0044-8486(98)00301-9)
- Corchón, A. L. (2006, August 28). Crustáceos. Los Copépodos. *Naturaleza y Turismo*. <https://www.asturnatura.com/temarios/biologia/crustaceos/copepodos>
- Costello, M. J. (2006). Ecology of sea lice parasitic on farmed and wild fish. *Trends in Parasitology*, 22(10), 475–483.

EcuRed. (2024). *Stibarobdella macrothela* - EcuRed.

https://www.ecured.cu/Stibarobdella_macrothela

Elena. (2021). Important Shark and Ray Areas - a IUCN/SSC SSG project. Important Shark Ray Areas. <https://sharkrayareas.org/>

Geneious Prime. (2024). Manual de usuario de Geneious Prime.

<https://manual.geneious.com/en/latest/index.html>

González-Henríquez, Flores-Suárez, J., Lainez, B., Cornejo-Rodríguez, D., Medina-Alcaraz, J., Sarmiento-Herrero, C., Elena, S., Libertad, L., & Ecuador, S. (2017). Marcadores moleculares para la identificación genética de especies comerciales en Ecuador Palabras clave, 19, 403–413.

https://accedacris.ulpgc.es/bitstream/10553/73417/2/Marcadores_moleculares_identificacion.pdf

Hayward, C. J., Andrews, M., & Nowak, B. F. (2011). *Lepeophtheirus* and *Caligus*: A review of the biology, host-parasite interactions, and control measures for sea lice. *Journal of Fish Diseases*, 34(6), 273–318.

Hugo, V., & Bozada, C. (2014). REGISTRO DE *Caligus* MULLER, 1785 (COPEPODA: SIPHONOSTOMATOIDA: CALIGIDAE) PARASITANDO PECES MARINOS DE LA COSTA DE JARAMIJÓ. [Uleam.edu.ec.](http://repositorio.uleam.edu.ec/handle/123456789/542)

<http://repositorio.uleam.edu.ec/handle/123456789/542>

Hyde, C. A., Notarbartolo, G., Sorrentino, L., Boyd, C., Finucci, B., Fowler, S. L., Kyne, P. M., Guido Leurs, Simpfendorfer, C. A., Tetley, M. J., Freya Womersley, & Jabado, R. W. (2022). Putting sharks on the map: A global standard for improving shark area-based conservation. *Frontiers in Marine Science*, 9.

<https://doi.org/10.3389/fmars.2022.968853>

Irigoitia, M. M. (2018). Los parásitos como marcadores biológicos para la discriminación de poblaciones de rayas (Chondrichthyes: Rajiformes) del Mar Argentino.

<http://hdl.handle.net/11336/90888>

Javier, F. (2022). Elasmobranquios. Peces. Vertebrados. Reino animal. Fauna.

<https://www.naturalezadearagon.com/fauna/elasmobranquios.php>

Jones, S., & Nemec A. (2004). Pink Salmon Action Plan: Sea Lice on Juvenile Salmon and on Some Non-salmonid Species in the Broughton Archipelago in 2003. 2004/105.

<https://www.researchgate.net/publication/256803822>

Jones, S. R. M., Kim, E., & Dawe, S. C. (2006). Experimental infections of juvenile Pacific salmon with *Lepeophtheirus salmonis* and *Caligus clemensi* (Copepoda: Caligidae). Diseases of Aquatic Organisms, 70(3), 201–207.

Kabata, Z. (1979). Parasitic Copepoda of British fishes. Ray Society.

Kaplan, M. (2012). Un sano horror: los beneficios de los parásitos. Science in School.

<https://www.scienceinschool.org/es/article/2012/horrors-es/>

Khan Academy. (2023). Khanacademy.org. <https://es.khanacademy.org/science/ap-biology/gene-expression-and-regulation/biotechnology/a/polymerase-chain-reaction-pcr>

Lamilla, J. (2005). Bycatch Tiburones en peligro. <https://chile.oceana.org/wp-content/uploads/sites/19/Tiburones.pdf>

Llerena, Y. (2009). Identificación de tiburones juveniles y caracterización de sus hábitats.... Universidad de Guayaquil.

Llerena, Y., Espinoza, E., & Peñaherrera, C. (2011). Manual para el monitoreo y marcaje en tiburones juveniles.... <https://www.researchgate.net/publication/277813250>

Llewellyn, L. C. (1996). PONTOBDELLINAE...

<https://www.biodiversitylibrary.org/item/125591#page/1/mode/1up>

- Malek, M., Haseli, M., Mobedi, I., Ganjali, M., & Mackenzie, K. (2007). Parasites as heavy metal bioindicators in the shark *Carcharhinus dussumieri*. *Parasitology*, 134(7), 1053–1056.
- Martorelli, S. R. (2002). Parásitos y epibiontes del langostino *Pleoticus muelleri*. In I Congreso Iberoamericano Virtual (Vol. 665).
- Massato Takemoto, R., & Luque, J. (2002). Parasitic copepods on Oligoplites spp. from Brazil, with redescription of *Tuxophorus caligodes*. *Acta Scientiarum Maringá*, 24(2), 481–487.
- Oceguera Figeroa, A., & León Règagnon, V. (2013). Biodiversidad de sanguijuelas en México. *Revista Mexicana de Biodiversidad*, 85, 183–189.
- Pike, A. W., & Wadsworth, S. L. (1999). Sealice on salmonids: Their biology and control. *Advances in Parasitology*, 44, 233–337.
- QAIKEN. (2013). DNeasy Blood & Tissue Kits. [https://www.qiagen.com/...](https://www.qiagen.com/)
- Rodríguez, E., Monks, S., & Pulido-Flores, G. (2011). Metacercarias del tipo Paramonilicaecum... *Revista Mexicana de Biodiversidad*, 82(2), 705–708.
- Sagarra, N. (2023). Tiburones y rayas en riesgo de extinción. [https://especiespro.es/...](https://especiespro.es/)
- Sawyer, R. T., Lawler, A. R., & Oversheet, R. M. (1975). Marine leeches... *Journal of Natural History*, 9(6), 633–667.
- Soto, J. M. R. (2000). Marine leech, *Stibarobdella macrothela*... *Revista Brasileira de Biologia*, 60(4), 713–714.
- Suárez-Morales, E., Kim, I.-H., & Escamilla, J. B. (2003). Illustrated record of *Caligus rufimaculatus*. *ResearchGate*, 39(1), 151–154.
- Thermo Fisher Scientific. (2015). NanoDrop 2000 User Manual. [https://tools.thermofisher.com/...](https://tools.thermofisher.com/)

Vargas Magaña, J. J.-R. (2016). Parásitos en los ecosistemas medioambientales.... TECCIS

A.C.

Invasive Species Centre. (2025). *Climate Change – Invasive Species Centre*. Invasive Species

Centre. <https://www.invasivespeciescentre.ca.translate.goog/invasive-species/what-is-at-risk/climate->

https://x_tr_sl=en&x_tr_tl=es&x_tr_hl=es&x_tr_pto=sge#:~:text=Los%20efectos%20del%20cambio%20clim%C3%A1tico,mayor%20propagaci%C3%B3n%20de%20especies%20invasoras.

Venegas, R. M., Acevedo, J., & Treml, E. A. (2023). Three decades of ocean warming

impacts on marine ecosystems: A review and perspective. *Deep Sea Research Part II Topical Studies in Oceanography*, 212, 105318–105318.

<https://doi.org/10.1016/j.dsr2.2023.105318>

Nagasawa, Kazuya, Ohashi, Shinpei, & Tanaka, Fumiya. (2019). Primer registro del parásito de peces *Caligus bonito* (Copepoda: Siphonostomatoida: Caligidae) en el Mar de China Oriental. *Nature of Kagoshima: una revista anual para naturalistas*, 45, 43–47.

http://journal.kagoshima-nature.org/archives/NK_045/045-008.pdf

AKTENER, A. H. M. E. T., ALAÅ, A., & TÅRKER, D. I. L. E. K. (2017). Two new hosts for *Caligus bonito* Wilson CB, 1905 (Copepoda, Siphonostomatoida, Caligidae) from Turkey. *International Journal of Bonorowo Wetlands*, 7(1), 1-3.
file:///C:/Users/User/Downloads/1767-Article%20Text-2026-2-10-20220424.pdf

Universidad Complutense Madrid. (2025). *¿Son los tiburones y las rayas más vulnerables a las infecciones fúngicas? | Unidad de Divulgación Científica de la Facultad de Veterinaria*. [Www.ucm.es. https://www.ucm.es/udcvet/enfermedades-fungicas-tiburones-y-rayas.](https://www.ucm.es/udcvet/enfermedades-fungicas-tiburones-y-rayas.)

Acosta, J., & Neptalí, C. (2023). *Efectos del cambio climático sobre el zooplancton marino: implicaciones para la cadena trófica*. Revista de Ciencias Marinas, 41(2), 75–89.

Bravo, S., Treasurer, J. W., Sepúlveda, M., & Lagos, C. (2008). Effectiveness of hydrogen peroxide against different developmental stages of *Caligus rogercresseyi* (Boxshall and Bravo) (Copepoda: Caligidae). *Aquaculture*, 277(3–4), 248–252.

<https://doi.org/10.1016/j.aquaculture.2008.02.037>

Carvajal, J., González, L., & George-Nascimento, M. (1998). Native parasites of wild fish in Chile: A baseline for comparative studies of introduced farmed fish. *Revista Chilena de Historia Natural*, 71(1), 141–156.

Cressey, R., & Cressey, H. B. (1980). *Caligus bonito* n. sp., a caligid copepod parasitic on scombrid fishes. *Proceedings of the Biological Society of Washington*, 93(1), 144–154.

Ho, J.-S., & Lin, C. L. (2004). Sea lice of Taiwan: Parasitic copepods of the family Caligidae (Copepoda: Siphonostomatoida). *The National Taiwan Ocean University Special Publication*, 10, 1–232.

Kabata, Z. (1979). *Parasitic Copepoda of British Fishes*. London: The Ray Society.

Lester, R. J. G., Sewell, K. B., Barnes, A., & Evans, K. (1985). Stock discrimination of orange roughy, *Hoplostethus atlanticus*, by parasite tags. *Marine Biology*, 88, 289–294.

<https://doi.org/10.1007/BF00392585>

Parker, R. R., & Margolis, L. (1964). A review of the parasites of Pacific salmon. *Journal of the Fisheries Research Board of Canada*, 21(6), 1213–1260.

Pike, A. W., & Wadsworth, S. L. (1999). Sealice on salmonids: their biology and control. *Advances in Parasitology*, 44, 233–337. [https://doi.org/10.1016/S0065-308X\(08\)60233-X](https://doi.org/10.1016/S0065-308X(08)60233-X)

X

Torres, C. (2021). *Impacto del cambio climático en la biodiversidad marina de Galápagos*. Fundación Charles Darwin, Boletín Técnico, 15(2), 44–57.

Yamaguti, S. (1936). Studies on the copepod parasites of fishes. *Kyoto Imperial University, Zoological Magazine*, 48, 254–257.

Blasco-Costa, I., & Poulin, R. (2017). Parasite life-cycle studies: a plea to resurrect an old parasitological tradition. *Trends in Parasitology*, 33(8), 633–642.

<https://doi.org/10.1016/j.pt.2017.05.002>

Boxshall, G. A., & Halsey, S. H. (2004). *An introduction to copepod diversity*. The Ray Society, London.

Hebert, P. D. N., Cywinska, A., Ball, S. L., & deWaard, J. R. (2003). Biological identifications through DNA barcodes. *Proceedings of the Royal Society B*, 270(1512), 313–321. <https://doi.org/10.1098/rspb.2002.2218>

Hayward, C. J., Bott, N. J., Itoh, N., Iwashita, M., & Okihiro, M. (2015). Parasitic copepods and other major ectoparasites of marine fish. *Aquaculture*, 437, 321–340.

<https://doi.org/10.1016/j.aquaculture.2014.12.024>

Johnson, S. C., Treasurer, J. W., Bravo, S., Nagasawa, K., & Kabata, Z. (2007). A review of the impact of parasitic copepods on marine aquaculture. *Zoological Studies*, 46(2), 179–203.

Kvach, Y., Moravec, F., & Ondračková, M. (2020). Molecular and morphological characterisation of helminth parasites of *Atherina boyeri* (Pisces: Atherinidae) in southern Ukraine. *Parasitology Research*, 119(5), 1473–1487.

<https://doi.org/10.1007/s00436-020-06615-2>

Nishida, M., Kawai, T., Tominaga, O., & Nakano, T. (2021). Molecular systematics and cryptic diversity of marine leeches (Annelida: Hirudinea) in the coastal waters of Japan. *Zoological Science*, 38(2), 145–155. <https://doi.org/10.2108/zs200099>

Schell, T., Neuhauser, S., & Kirchmair, M. (2012). DNA barcoding as a tool for identifying parasitic water molds (Oomycetes). *Mycological Progress*, 11(3), 287–297.

<https://doi.org/10.1007/s11557-011-0748-7>

Tang, C. C., Leong, S. C. Y., & Lim, L. H. S. (2015). High host specificity and cryptic diversity in the monogenean *Dactylogyrus* (Monogenea: Dactylogyridae): implications for parasite speciation. *Parasites & Vectors*, 8, 225. <https://doi.org/10.1186/s13071-015-0842-z>

Tang, D., Venmathi Maran, B. A., & Hwang, J. S. (2016). Molecular and morphological systematics of parasitic copepods (Caligidae and Lernaeopodidae): An integrated approach. *Systematic Parasitology*, 93(2), 133–144. <https://doi.org/10.1007/s11230-015-9614-1>

Venmathi Maran, B. A., Ohtsuka, S., & Suárez-Morales, E. (2022). The genus *Caligus* in East Asia: diversity, distribution, and implications for fisheries. *Zootaxa*, 5134(1), 1–58. <https://doi.org/10.11646/zootaxa.5134.1.1>

Organización Naciones Unidas. (2022). *El cambio climático volvió a batir récords por tierra, mar y aire en 2021*. Noticias ONU.

https://news.un.org/es/story/2022/05/1508922?utm_source=chatgpt.com

Chisholm, L. A., & Kritsky, D. C. (2020). *Heterocotyle whittingtoni* n. sp. (Monogenea: Monocotylidae) from the gills of the black-spotted whipray, *Maculabatis toshi* (Whitley) (Myliobatiformes: Dasyatidae), collected in coastal waters of Queensland, Australia. *Systematic Parasitology*, 97(6), 561–567. <https://doi.org/10.1007/s11230-020-09939-z>

Fischhoff, B. (2013). The sciences of science communication. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 110(supplement_3), 14033-14039.

Chisholm, L. A., & Kritsky, D. C. (2020). Monocotylids (Monogenoidea) infecting elasmobranchs in Moreton Bay, Queensland, Australia. *Systematic Parasitology*, 97(6), 569–589. <https://doi.org/10.1007/s11230-020-09946-0>

Mayer, R. E. (2014). Emotional design in multimedia learning: Effects of shape and color on affect and learning. *Learning and Instruction*, 29, 128–140. <https://doi.org/10.1016/j.learninstruc.2013.02.004>

McCandless, D. (2009). *Information is beautiful*. HarperCollins.

Santoro, F., Santin, S., Scowcroft, G., Fauville, G., Tuddenham, P., & Lantz-Andersson, A. (2017). *Ocean literacy for all: A toolkit*. UNESCO Publishing.

<https://unesdoc.unesco.org/ark:/48223/pf0000250403>

Williams, E. H., Bunkley-Williams, L., Bashirullah, A. K. M., & Adams, D. H. (2003). *New host and distribution records and an evaluation of the host specificity of the marine leech Stibarobdella macrothela (Schmarda, 1861) (Hirudinea: Piscicolidae)*. *Journal of Parasitology*, 89(4), 863–865. <https://doi.org/10.1645/GE-118R>

Costello, M. J. (2009). The global economic cost of sea lice to the salmonid farming industry. *Journal of Fish Diseases*, 32(1), 115–118. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2761.2008.01011.x>

Ho, J. S. (2000). The major problem of caligid copepods (Caligidae, Copepoda) infesting cultured marine fishes in Asia. *Journal of the Fisheries Society of Taiwan*, 27(1), 1–18.

Johnson, S. C., Treasurer, J. W., Bravo, S., Nagasawa, K., & Kabata, Z. (2004). A review of the impact of parasitic copepods on marine aquaculture. *Zoological Studies*, 43(2), 229–243.

Maran, B. A. V., Oh, S.-Y., Soh, H. Y., Choi, H. J., & Myoung, J.-G. (2012). *Caligus sclerotinosus* (Copepoda: Caligidae), a serious pest of cultured red seabream *Pagrus*

major (Sparidae) in Korea. *Veterinary Parasitology*, 188(3–4), 355–361.

<https://doi.org/10.1016/j.vetpar.2012.03.023>

Nowak, B. F. (2007). Parasitic diseases in marine cage culture—an example of experimental

evolution of parasites? *International Journal for Parasitology*, 37(6), 581–588.

<https://doi.org/10.1016/j.ijpara.2007.01.003>

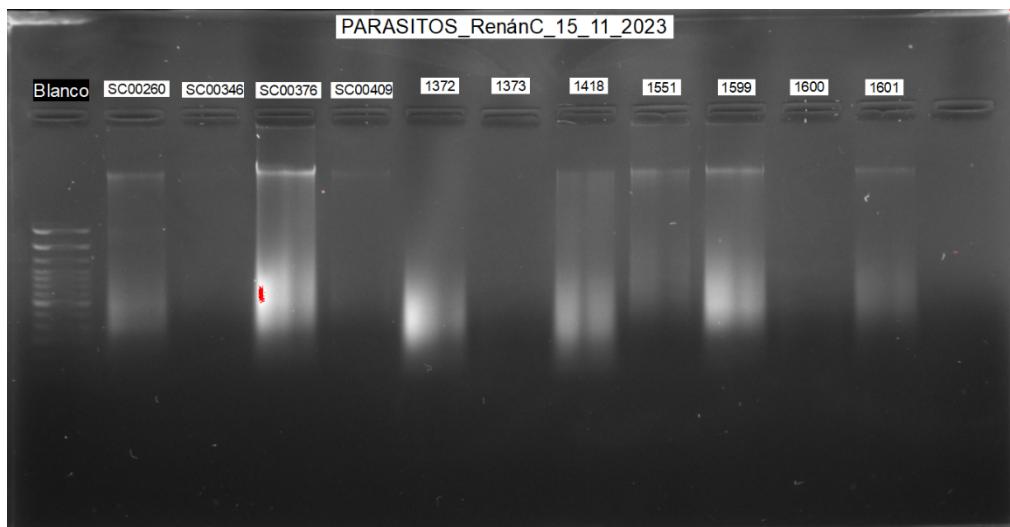
Ohtsuka, S., Shimono, T., Fujita, T., & Venmathi Maran, B. A. (2009). Developmental stages

and host specificity of *Caligus* sp. (Copepoda: Caligidae) parasitic on marine fishes of

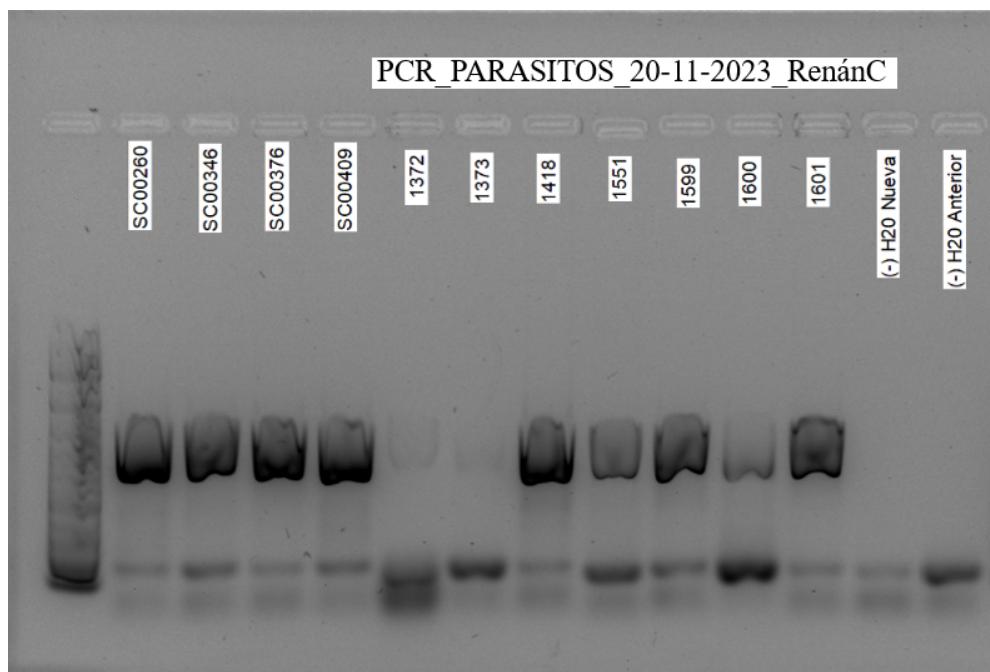
Japan. *Zootaxa*, 2271(1), 1–29. <https://doi.org/10.11646/zootaxa.2271.1.1>

Anexos

Anexo 1. Gel de extracción de ADN de las 11 muestras de parásitos.



Anexo 2. Gel de la amplificación del ADN de las 11 muestras de parásitos.



Anexo 3. Gel de la amplificación del ADN. Segunda amplificación con SYBR

Safe DYE, verificación de calidad del control.

