

UNIVERSIDAD SAN FRANCISCO DE QUITO USFQ

Colegio de Ciencias Biológicas y Ambientales (COCIBA)

Aplicación de herramientas moleculares para la conservación de la biodiversidad en Galápagos: revisión bibliográfica y estudio de caso

Luisa Maria Tituaña Chávez

Gestión Ambiental

Trabajo de fin de carrera presentado como requisito
para la obtención del título de
Licenciatura en Gestión Ambiental

Quito, 22 de 05 de 2025

UNIVERSIDAD SAN FRANCISCO DE QUITO USFQ

Colegio de Ciencias Biológicas y Ambientales (COCIBA)

HOJA DE CALIFICACIÓN DE TRABAJO DE FIN DE CARRERA

**Aplicación de herramientas moleculares para la conservación de
la biodiversidad en Galápagos: revisión bibliográfica y estudio de
caso**

Luisa Maria Tituaña Chávez

Nombre del profesor

Diana Pazmiño, PhD

Quito, 22 de 05 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: Luisa Maria Tituaña Chávez

Código: 00322399

Cédula de identidad: 2000104238

Lugar y fecha: Puerto Baquerizo Moreno, 22 de 05 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UNPUBLISHED DOCUMENT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

Frente a los crecientes desafíos de conservación en las islas Galápagos, se vuelve cada vez más importante contar con herramientas que permitan comprender y proteger su biodiversidad de manera eficiente y precisa. Las técnicas moleculares han cobrado relevancia en las últimas décadas como apoyo para responder a necesidades de conservación clave, incluyendo la identificación de especies, análisis de estructura poblacional y diversidad genética, estimaciones de tamaño efectivo poblacional, entre otros. Esto ha permitido fortalecer la toma de decisiones en conservación y manejo. Este proyecto analiza el avance y uso de estas herramientas en Galápagos mediante la revisión exhaustiva de literatura publicada entre el 2000 y 2025. El resultado de la búsqueda bibliográfica refleja un crecimiento significativo en el uso de métodos moleculares en Galápagos desde 2016, con un fuerte énfasis en fauna terrestre, especialmente en invertebrados, aves y reptiles. En contraste, los ecosistemas marinos (especialmente peces), y la flora permanecen subrepresentados en estudios moleculares. Asimismo, se identificó un uso mayoritario de la genética tradicional (66% del total de estudios), frente a una limitada aplicación de técnicas genómicas más avanzadas (2%), y una fracción menor de estudios que usan una combinación de ambas técnicas (32%). Finalmente, como parte del proyecto se desarrolló un caso de estudio práctico para la confirmación molecular de la especie *Sphyrna zygaena* en Caleta Tagus, Isabela, validando observaciones morfológicas previas y resaltando el valor de la genética en contextos de identificación taxonómica. Para ello, se extrajo, amplificó y secuenció un fragmento de ADN (Citocromo Oxidasa I) y se construyó un árbol filogenético usando Máxima Verosimilitud, junto con otras especies del género *Sphyrna*. En conjunto, los

resultados de este trabajo evidencian avances importantes, pero también vacíos de información que deben atenderse para optimizar estrategias de conservación.

Palabras claves: *Sphyrna zygena*, genética molecular, Galápagos, ecosistemas marinos, estructura poblacional, árbol filogenético, ADN, identificación de especies.

ABSTRACT

In the face of growing conservation challenges in the Galapagos Islands, it is becoming increasingly important to have tools that allow us to efficiently and accurately understand and protect their biodiversity. Molecular techniques have gained relevance in recent decades to support key conservation needs, including species identification, population structure and genetic diversity analysis, effective population size estimates, among others. This has strengthened decision-making in conservation and management. This project analyzes the advancement and use of these tools in Galapagos through a comprehensive review of literature published between 2000 and 2025. The results indicate a significant growth in the use of molecular methods in Galapagos since 2013, with a strong emphasis on terrestrial fauna, especially invertebrates, birds, and reptiles. In contrast, marine ecosystems (especially fish) and flora remain underrepresented in molecular studies. Likewise, a predominant use of traditional genetics was identified (66% of total studies), compared to a limited application of more advanced genomic techniques (2%), and a smaller fraction of studies using a combination of both techniques (32%). Finally, as part of the project, a practical study case was developed for the molecular confirmation of the species *Sphyrna zygaena* in Caleta Tagus, Isabela, validating previous morphological observations and highlighting the value of genetics in contexts of taxonomic identification. To this end, a DNA fragment was extracted, amplified, and sequenced (Cytochrome Oxidase I), and a phylogenetic tree was constructed using Maximum Likelihood, along with other species of the genus *Sphyrna*. Overall, the

results of this work reveal important advances, but also highlights information gaps that must be addressed to optimize conservation strategies.

Keywords: *Sphyrna zygena*, molecular genetics, Galápagos, marine ecosystems, population structure, phylogenetic tree, DNA, species identification.

TABLA DE CONTENIDO

1	INTRODUCCIÓN	12
1.1	Herramientas moleculares aplicadas a la conservación.....	13
1.2	Ejemplos de estudios moleculares aplicados a conservación.....	14
1.2.1	Correcta identificación de especies (Species ID).....	14
1.2.2	Genética de poblaciones	15
1.2.3	Diversidad Genética.....	16
1.3	Estudios moleculares en Galápagos.....	16
2	OBJETIVOS.....	19
2.1	Objetivo General.....	19
2.2	Objetivos específicos.....	19
3	METODOLOGÍA.....	20
3.1	Revisión Bibliográfica	20
3.2	Estudio de caso	21
3.2.1	Muestreo	21
3.3	Procesamiento de muestras en el laboratorio	22
3.3.1	Extracción de ADN	22
3.3.2	Amplificación de ADN.....	22
3.3.3	Limpieza de las secuencias de ADN.....	23
3.3.4	Pre-Identificación de especie (búsqueda de BLAST)	24
3.3.5	Análisis filogenético	25
4	RESULTADOS	26
4.1	Resultados de la revisión bibliográfica	26
4.2	Resultados del caso de estudio	35
4.3	Resultados de la búsqueda de BLAST	37
4.4	Resultados de análisis Filogenéticos	38
5	DISCUSIÓN.....	39
5.1	Uso de herramientas moleculares en Galápagos	39
5.2	Estudio de caso	49
6	CONCLUSIONES.....	51
7	RECOMENDACIONES	52
8	REFERENCIAS.....	53
9	ANEXOS.....	61
9.1	Anexo 1: Estudios científicos sobre genética, sistemática y conservación en Galápagos (2000–2025)	61
9.2	Anexo 2: Distribución anual de estudios científicos en Galápagos con enfoque terrestre y marino (2002–2025).	68
9.3	Anexo 2: Tendencias anuales de estudios científicos en Galápagos según enfoque ecosistémico (2002–2025).....	69
9.4	Anexo 4: Árbol filogenético basado en secuencias CYTB de especies del género <i>Sphyrna zygaena</i>	70
9.5	Anexo 5: Árbol filogenético basado en secuencias COI de especies del género <i>Sphyrna</i>	71

ÍNDICE DE TABLAS

Tabla 1 Datos de Captura de Tiburones Martillo (potencialmente <i>Sphyrna zygaena</i>) en Caleta Tagus, isla Isabela el 20 de marzo de 2024	22
Tabla 2. Se presentan los valores obtenidos para cada muestra de tiburón martillo (<i>Sphyrna zygaena</i>), incluyendo la concentración de ADN (ng/μL) y los índices de pureza correspondientes a las relaciones de absorbancia 260/280 nm y 260/230 nm.....	36
Tabla 3 Resultado de Blast en NCBI para las cuatro muestras secuenciadas para COI y CYTB.....	¡Error! Marcador no definido.

ÍNDICE DE FIGURAS

Figura 1 Ubicación de Caleta Tagus en la isla Isabela, archipiélago de Galápagos, y sitios de captura de dos tiburones martillo (potencialmente <i>Sphyrna zygaena</i>) durante la expedición del 20 de marzo de 2024.....	22
Figura 2 Número de publicaciones por año relacionadas con estudios genéticos en las Islas Galápagos (2005–2025).	27
Figura 3 Distribución temática de los estudios moleculares realizados en Galápagos (2000–2025), según: (a) enfoque ecosistémico y (b) tipo de herramienta molecular utilizada.28	
Figura 4 Cantidad de estudios realizados entre 2000 y 2025 en Galápagos según el tipo de organismo analizado.	28
Figura 5 Número de estudios según su grupo taxonómico abordado.....	29
Figura 6 Frecuencia de estudios moleculares en Galápagos (2000–2025) según el organismo invertebrado analizado.	30
Figura 7 Distribución del número de estudios genéticos realizados entre 2000 y 2025 por especie de aves en las Islas Galápagos	31
Figura 8 Frecuencia de estudios por género de reptiles analizados en Galápagos (2000–2025).	32
Figura 9 Número de estudios científicos por especie de mamífero analizada en Galápagos (2000–2025).....	33
Figura 10 Frecuencia de enfoques temáticos en los estudios moleculares revisados en Galápagos (2000 y 2025).	34
Figura 11 Proporción de estudios con recomendaciones de manejo en investigaciones moleculares realizadas en Galápagos.....	34
Figura 12 Distribución de los estudios según el tipo de institución líder (2000–2025).	35
Figura 13 Gel de agarosa, para los resultados de PCR de las muestras 1842 y 1843. Usando los genes COI y CYTB. En el extremo izquierdo del gel se encuentra el marcador de peso molecular conocido como Ladder	36
Figura 14 Árbol filogenético de especies del género <i>Sphyrna</i> , construido mediante el método de máxima verosimilitud (Maximum Likelihood) utilizando secuencias mitocondriales (gen COI y CYTB). Se incluyeron secuencias de referencia disponibles en NCBI y dos muestras colectadas en Galápagos, identificadas como (1842) Galápagos <i>Sphyrna</i> y (1843) Galápagos <i>Sphyrna</i> , las cuales se agrupan con secuencias confirmadas de <i>Sphyrna zygaena</i> , evidenciando su identidad genética. La especie <i>Carcharhinus limbatus</i> fue utilizada como grupo externo (outgroup) para enraizar el árbol. Se destacan en rojo las muestras de Galápagos.	38

1 INTRODUCCIÓN

Las islas Galápagos representan uno de los lugares más complejos, únicos y diversos a nivel mundial. A pesar de los desafíos globales, las islas aún mantienen sus ecosistemas sin grandes alteraciones (Abata Toscano, 2012). El archipiélago de Galápagos, se encuentra ubicado en el Océano Pacífico, justo frente a Ecuador, aproximadamente a 1000 km de distancia (Arciniegas Granda, 2010). Por su ubicación geográfica, las corrientes marinas ejercen una influencia en la fauna, flora y en el clima del archipiélago de Galápagos. Aquí confluyen diferentes corrientes (Humboldt, Panamá, Cromwell), tanto cálidas como frías, las cuales contribuyen y son vitales para la biodiversidad que las Islas albergan (Navarrete Bastias, 2005). El movimiento de masas de agua genera afloramientos y zonas de alta productividad biológica, que logra mantener la diversidad marina y terrestre. Estas corrientes no sólo traen consigo nutrientes esenciales, influyen también en el clima de las Islas, moldeando las condiciones ecológicas, que permiten la adaptación de las especies (Abata Toscano, 2012).

La conservación de estos ecosistemas es crucial, no solo por su importancia ecológica sino también por su relevancia científica e incluso económica para actividades como el turismo. A pesar de que Galápagos recibe atención a nivel mundial, debido a sus altos niveles de endemismo, y a la complejidad de sus socio-ecosistemas, aún quedan vacíos grandes de información que requieren atención, y representan grandes desafíos (Muñoz Barriga, 2017).

Además, la regulación de actividades antropogénicas se enfrenta también a dificultades significativas, tales como el manejo de los recursos naturales, que incluyen la protección de especies en peligro de extinción, el manejo y estudios de especies invasoras, la incorporación

y regulación de áreas protegidas, entre otras. Todas acciones fundamentales para la conservación de la biodiversidad de las islas (*Sostenibilidad Para La Conservación - Charles Darwin Foundation*, 2023).

La complejidad del manejo al que se enfrenta Galápagos, crece conforme la población humana que depende de los recursos naturales en las islas, y todas sus actividades asociadas, también crecen. Por lo tanto, existe la necesidad de equilibrar el desarrollo de actividades como el turismo con la conservación de las islas. Actualmente, la principal fuente de ingresos económicos se debe al turismo, sin embargo, no se está tomando en consideración la fragilidad ecológica del archipiélago de Galápagos (Alarcón Valdivieso, 2019). Si esta actividad no se maneja de forma adecuada, la demanda de elementos básicos como alimento, servicios, combustible, energía y agua dulce, sin contar el incremento de residuos contaminantes, podría provocar cambios irreversibles en los ecosistemas. En este contexto, la ciencia nos ayuda a entender mejor cómo funcionan los ecosistemas y qué está ocurriendo en ellos, permitiendo tomar decisiones más acertadas para proteger lo que hace único al archipiélago. Gracias a este conocimiento, es posible crear soluciones reales y sostenibles frente a los desafíos que amenazan su equilibrio.

1.1 Herramientas moleculares aplicadas a la conservación

Para abordar problemáticas asociadas a la conservación de los ecosistemas de Galápagos, es fundamental incorporar enfoques innovadores y utilizar las diversas herramientas que existen hoy en día. Las herramientas moleculares (genéticas y genómicas) son esenciales para la conservación de la biodiversidad. Por un lado, pueden contribuir significativamente en las evaluaciones del grado de diversidad genética de las poblaciones y diversas especies, descubriendo información relevante sobre su estado de salud y adaptación frente a las

diferentes amenazas naturales o antropogénicas (Macpherson et al. ,2009). Por otro lado, son esenciales para la correcta identificación de especies, lo cual es crucial para el manejo de especies tanto endémicas como invasoras (González et al., 2024). Además, brindan información sobre el número y conectividad entre stocks genéticos (Conejo Latorre y Álvarez Castañeda, 2016). La recolección de esta información proporciona evidencia científica valiosa sobre cómo y dónde se podrían establecer estrategias aplicadas para la conservación y manejo en áreas protegidas como las islas Galápagos (Conejo Latorre y Álvarez Castañeda, 2016). Dichas herramientas permiten tener una visión más amplia y precisa, basada en evidencia científica útil para los ecosistemas tanto marinos como terrestres.

1.2 Ejemplos de estudios moleculares aplicados a conservación

1.2.1 Correcta identificación de especies (Species ID)

El uso de las herramientas moleculares ha sido de gran utilidad para la clasificación e identificación de especies en las últimas décadas. Sobre todo, en situaciones donde la información morfológica es limitada o insuficiente para identificar una especie (Benavides et al., 2016). Un ejemplo reciente y destacado es el estudio realizado en el complejo de tiburones martillo del Atlántico Occidental, en el que, gracias a la taxonomía clásica y los estudios moleculares, fue posible identificar dos especies de tiburón martillo. En este caso, donde antes se pensaba que se trataba de una sola especie, fue posible determinar que se trataba de dos; *Sphyrna tiburo* y *S. alleni*, permitiendo así mejorar la comprensión ecológica y de la biodiversidad de esta región (González et al., 2024).

1.2.2 Genética de poblaciones

Otro ejemplo de la utilidad de las herramientas moleculares son los estudios de estructura de poblaciones para la conservación. Un ejemplo es el caso del género *Alouatta* (monos aulladores) en México. Para este estudio los autores trabajaron con diferentes marcadores genéticos, incluyendo análisis de microsatélites, secuenciación de ADN mitocondrial, y análisis filogenético, para determinar la variación genética que existe en varias poblaciones de *Alouatta palliata* y *Alouatta pigra*. Gracias a este estudio fue posible determinar la estructura genética que existe entre poblaciones específicas (las que ocupan hábitats perturbados y las que se encuentran en hábitats conservados). Los monos Aulladores son unas de las especies que se encuentran en peligro de extinción en esta región. Es por ello que, identificar las poblaciones que presentan una mayor variación genética y cuáles no, permitió sugerir áreas prioritarias para su conservación (Argüello-Sánchez & García-Feria, 2014).

Este estudio de igual forma contribuyó a entender de mejor manera la relación entre ambas especies, evaluar los patrones de parentesco y su dispersión. Estos fueron aspectos importantes que contribuyeron al desarrollo de estrategias más efectivas para la supervivencia y la conservación del género *Alouatta* en México (Argüello-Sánchez & García-Feria, 2014). Las estrategias incluyeron la creación de espacios como corredores ecológicos, con el fin de permitir el movimiento entre poblaciones (conectividad) para poder mantener la salud genética de las mismas (Argüello-Sánchez & García-Feria, 2014). Sin las herramientas moleculares, no sería posible realizar estudios detallados sobre las poblaciones. Estas técnicas permiten identificar la variabilidad genética y la conectividad entre las distintas poblaciones (Macpherson et al., 2009).

1.2.3 Diversidad Genética

La información sobre diversidad genética de una población o especie son cruciales para entender el riesgo de extinción y vulnerabilidad de éstos (Ipinza et al., 2021). Un ejemplo de esto es la investigación en el Parque Nacional de Cabrera, que se enfocó en la diversidad genética de organismos bentónicos. Este estudio logró identificar diversos patrones de diversidad genética que revelaron el aislamiento de varias especies bentónicas, incluyendo crustáceos, esponjas, peces, cnidarios y equinodermos. Además, este estudio permitió descubrir que estas especies cuentan con un alto nivel de auto reclutamiento, lo que dificulta su recuperación por medios naturales, en caso de la desaparición de estas especies. Identificar la vulnerabilidad y la capacidad de adaptación frente a los diferentes cambios naturales y antropogénicos fue el primer paso para demostrar la importancia de proteger esas áreas y desarrollar planes de manejo apropiados (Macpherson et al., 2009).

1.3 Estudios moleculares en Galápagos

Los estudios moleculares en Galápagos, han tenido un gran significado e importancia en la comprensión de la biodiversidad y evolución de las especies únicas que este archipiélago alberga. Estas islas, famosas por su papel en la teoría de la evolución de Charles Darwin, ofrecen un laboratorio natural donde se pueden investigar los mecanismos genéticos y ecológicos que han dado forma a su flora y fauna. A través de técnicas avanzadas de biología molecular, los científicos están desentrañando los secretos de la adaptación y la especiación en este archipiélago, lo que permite obtener valiosos conocimientos sobre la conservación y el manejo de sus ecosistemas.

A lo largo de los últimos 25 años, se han llevado a cabo diversos estudios en el archipiélago de Galápagos utilizando herramientas moleculares con el fin de estudiar diferentes aspectos

de la biología tales como: taxonomía, diversidad genética y la conservación de especies endémicas y nativas. Por ejemplo, investigaciones como la de *Milinkovitch* (2007), que trabajaron con tortugas gigantes (*Geochelone hoodensis*) y la de Mundy (2016) enfocado en pinzones de Darwin.

Los avances en herramientas moleculares han transformado la forma en que se identifican y gestionan las especies, revelando una biodiversidad más compleja de lo que se creía a partir de la observación morfológica tradicional. Por ejemplo, estudios realizados en pinzones de Darwin han demostrado que poblaciones consideradas como una sola especie presentan diferencias genéticas significativas, lo que ha llevado a redefinir su clasificación taxonómica (Lamichhaney et al., 2015). De manera similar, investigaciones en ecosistemas marinos han revelado la existencia de especies crípticas en tiburones martillo del Atlántico, que no podían distinguirse morfológicamente, pero sí genéticamente, lo que modificó su estado de conservación y manejo (Quattro et al., 2006). Este tipo de evidencia científica ha sido clave para guiar acciones concretas de conservación en diferentes regiones. Por ejemplo, el uso de marcadores genéticos permitió rediseñar estrategias de repoblación del salmón atlántico en Europa, al identificar linajes únicos y evitar cruces que redujeran la diversidad genética (Verspoor et al., 2005). Asimismo, la genómica poblacional ayudó a establecer áreas protegidas para la rana dorada panameña (*Atelopus zeteki*) al identificar poblaciones resistentes a enfermedades fúngicas (Voyles et al., 2018). Estos casos demuestran cómo el uso adecuado de herramientas moleculares puede marcar la diferencia en la toma de decisiones para la conservación.

Incorporar este tipo de tecnologías en Galápagos es fundamental, especialmente en un ecosistema marino que todavía enfrenta importantes vacíos de información. Sin embargo,

actualmente, los estudios moleculares en Galápagos enfrentan desafíos importantes. El aislamiento geográfico del archipiélago dificulta el acceso a laboratorios especializados y tecnologías avanzadas. A esto se suman las complicaciones logísticas para recolectar, almacenar y transportar muestras, así como los altos costos y tiempos asociados al envío de estas hacia el continente o el extranjero para su procesamiento. Todo esto limita la realización de investigaciones moleculares a mayor escala.

Superar estas barreras es crucial. Fortalecer la infraestructura local, formar capacidades técnicas en las islas y promover el liderazgo institucional nacional son pasos necesarios para asegurar que la investigación genética contribuya verdaderamente a la protección de la biodiversidad en Galápagos. A medida que estas herramientas se integren de forma sistemática en la conservación insular, será posible generar conocimiento más preciso.

2 OBJETIVOS

2.1 Objetivo General

Analizar el uso de herramientas moleculares en la investigación y conservación de la biodiversidad en las islas Galápagos entre 2000 y 2025, mediante una revisión bibliográfica y un estudio de caso aplicado.

2.2 Objetivos específicos

- Realizar una búsqueda exhaustiva de literatura sobre el uso que se ha dado a las herramientas moleculares en las Islas Galápagos entre los años 2000 y 2025.
- Evaluar los vacíos y sesgos de información existentes en la literatura sobre la aplicación de herramientas moleculares en las Islas Galápagos.
- Desarrollar un caso práctico de estudio en el que se usa herramientas genéticas para confirmación de una especie.

3 METODOLOGÍA

3.1 Revisión Bibliográfica

Para el desarrollo de este proyecto, se realizó una búsqueda exhaustiva de información sobre diferentes tipos de estudios moleculares llevados a cabo en el archipiélago de Galápagos entre los años 2000 y 2025, con el propósito de identificar la cantidad de investigaciones existentes basadas en estudios moleculares en ecosistemas marinos y terrestres. La búsqueda se llevó a cabo específicamente en dos plataformas: Google Académico y ProQuest.

Se realizaron algunas modificaciones en el uso de palabras clave para cada plataforma. En Google Académico se utilizaron las palabras: genetics OR genomics OR molecular AND Galápagos Islands AND Ecuador AND conservation. Mientras que, en ProQuest, se utilizó las mismas palabras, con la única diferencia que se eliminó la palabra "AND Ecuador".

La utilización de estas palabras clave fue esencial para abarcar un amplio rango de publicaciones académicas y diversos tipos de estudios científicos. Una vez recolectada la información, los datos fueron clasificados y organizados en un archivo de Excel el cual fue estructurado bajo ciertos criterios específicos. Entre estos datos se incluyeron: nombre del artículo, año de publicación, fuente, plataforma de búsqueda (Google Académico o ProQuest), tipo de documento (libro, artículo científico o tesis). También se registró la afiliación institucional del autor principal, categorizada como nacional, internacional o mixta, y el ecosistema abordado en el estudio: terrestre, marino o ambos. Además, se incorporaron campos para identificar el tipo de organismo estudiado (Plantas, Animales, Virus, Bacterias, Protistas u Hongos), el grupo taxonómico correspondiente (aves, reptiles, mamíferos, peces, invertebrados), así como la herramienta molecular utilizada (Genética,

Genómica o Ambas). Finalmente, se analizó el enfoque temático principal del estudio, el cual se clasificó en sistemática, diversidad, monitoreo, identificación de especies y control. Se incluyó también una casilla que indica si el estudio presenta recomendaciones de manejo para la conservación.

3.2 Estudio de caso

3.2.1 Muestreo

El muestreo se llevó a cabo el 20 de marzo de 2024 durante una expedición científica. Las muestras fueron recolectadas bajo los permisos MAATE-DNB-CM-2021-0174-M-0001 y El rol de los islotes oceánicos para la conservación de especies marinas migratorias (PC-18-24), en Caleta Tagus, isla Isabela. Esta bahía está situada al oeste de la isla Isabela, en el archipiélago de Galápagos, Ecuador (Figura 1). Se recolectaron dos muestras de tiburón martillo (*Sphyrna* sp). La primera corresponde a un ejemplar de 138 cm de longitud total (TL) y la segunda a un ejemplar de 76 cm de longitud total, como se muestra en la Tabla 1. Ambas muestras fueron obtenidas mediante el uso de anzuelos modificados



Figura 1 Ubicación de Caleta Tagus en la isla Isabela, archipiélago de Galápagos, y sitios de captura de dos tiburones martillo (potencialmente *Sphyrna zygaena*) durante la expedición del 20 de marzo de 2024.

Tabla 1 Datos de Captura de Tiburones Martillo (potencialmente *Sphyrna zygaena*) en Caleta Tagus, isla Isabela el 20 de marzo de 2024

ID de las muestras	Ubicación	Latitud	Longitud	Tipo de Muestreo	Especie
1842	Caleta Tagus	-0,24707	-91,40434	Anzuelos	Tiburón Martillo (potencial <i>Sphyrna zygaena</i>)
1843	Caleta Tagus	-0,26716	-91,37328	Anzuelos	Tiburón Martillo (potencial <i>Sphyrna zygaena</i>)

3.3 Procesamiento de muestras en el laboratorio

3.3.1 Extracción de ADN

La extracción de ADN genómico se realizó en el laboratorio de Biología Evolutiva (LBE) de la Universidad San Francisco de Quito, siguiendo las instrucciones establecidas en el kit DNeasy Blood & Tissue (Qiagen, 2013). Para este procedimiento se añadieron 8 microlitros extra de Proteinasa K a las dos muestras. Este proceso fue necesario para que las muestras con una consistencia un poco más densa lograran desagregar de una forma óptima. A continuación, se llevó a cabo la cuantificación de las extracciones utilizando el Nanodrop 2000 (Thermo Fisher Scientific, 2015). Una vez listo, se procedió a elaborar un gel de agarosa al 1%. Una vez elaborado el gel, se utilizó el fotodocumentador BioRad Gel Doc XR para verificar la calidad del ADN extraído de las muestras.

3.3.2 Amplificación de ADN

En este estudio se trabajó con dos genes: Citocromo B (CYTB) y Citocromo Oxidasa I (COI). Para el primer gen (CYTB) se llevó a cabo la reacción en cadena de la polimerasa (PCR),

usando los primers CYTB-F- bac (AATAGGAAGTATCATTCGGGTTTGATG) y CYTB-R-bac (GTGACTTGAAAAACCAACCGTTG) (Taberlet et al. 1992; Song et al. 1998). Para el segundo gen se llevó a cabo la PCR usando los primers HCO2198 (TAAACTTCAGGGTGACCAAAAAATCA) y LCO1490 (GGTCAACAAATCATAAAGATATTGG) (Folmer et al., 1994). Las reacciones de PCR se llevaron a cabo en un volumen final de 25 μ L compuestos por una concentración final de 1X y 2.5 μ L de Buffer de PCR, un 1 μ L de BSA, 1.5 μ L de $MgCl_2$ con una concentración final de 3 mM, 0.5 μ L de dNTPs (200 μ M), 0.5 μ L de Primer F (0.2 μ M), 0.5 μ L de Primer R (0.2 μ M) y 16.75 μ L de agua. Adicional a ello 0.25 μ L de Taq polimerasa (0.05 U/ μ L), y 1.5 μ L de ADN genómico.

El programa del termociclador utilizado para el gen CYTB fue configurado con una desnaturalización inicial de 94 °C durante 5 minutos, seguida de 30 ciclos que incluyeron desnaturalización a 94 °C durante 30 segundos, annealing a 55 °C durante 30 segundos, y extensión a 65 °C durante 50 segundos. Finalmente, se realizó una extensión final a 65 °C durante 10 minutos. Para el gen COI, el programa del termociclador consistió en una desnaturalización inicial a 95 °C durante 3 minutos, seguida de 35 ciclos que incluyeron desnaturalización a 95 °C durante 1 minuto, alineamiento a 40 °C durante 1 minuto, y extensión a 72 °C durante 1 minuto con 30 segundos. La extensión final se llevó a cabo a 72 °C durante 7 minutos. Las PCR de ambos genes fueron enviadas a Macrogen (Corea) para su limpieza y secuenciamiento en direcciones forward y reverse.

3.3.3 Limpieza de las secuencias de ADN

Para realizar la limpieza de las secuencias de ADN de las muestras de Tiburón martillo, se utilizó la plataforma de Geneious versión 2025.0.3. Esta herramienta de biología molecular

permite realizar limpieza, edición y análisis de secuencias de ADN. Como primer paso, las secuencias forward y reverse fueron importadas en formato “. AB1”. A continuación, se realizó el ensamblaje de las secuencias seleccionando la herramienta De Novo Assembly, utilizando ajustes predeterminados del programa Geneious. Al ensamblar las secuencias forward y reverse, se obtuvo una secuencia consenso para cada muestra, la cual se visualizó usando la herramienta Trace View. Para asegurar una mejor calidad de las secuencias, se cortaron los extremos cuya calidad no era buena. Para esto, se usó la opción de Allow Editing. Se usó el comando “CONTROL + D” para de esta forma encontrar las diferencias entre cadenas de reverse y forward. En caso de discrepancias entre las cadenas, se editaron manualmente usando como referencia la cadena de mejor calidad. Finalmente se guardó la secuencia consenso limpia y editada. Posteriormente se alinearon las secuencias consenso de cada gen usando align/Assemble, con la opción Multiple Align. Para este paso se mantuvieron los ajustes predeterminados.

3.3.4 Pre-Identificación de especie (búsqueda de BLAST)

Para determinar la identidad de las muestras estudiadas se usó la herramienta BLAST de NCBI (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>). Seleccionado la opción Nucleotide BLAST, en el campo Enter Query Sequence, se insertó la secuencia consenso limpia para cada gen, para esta búsqueda se trabajó en database, con la opción de Standard databases (nr etc.) y se seleccionó la base de datos Core nucleotide database (core_nt). Al final se seleccionó la opción Highly similar sequences (megablast). Una vez modificado los parámetros necesarios, se ejecutó la búsqueda de información. Esta herramienta nos permite observar todas las similitudes de identidad que existe entre las secuencias consenso y las secuencias publicadas

en NCBI, indicándonos los valores de similitud y la relevancia de los alineamientos. Los tres primeros resultados fueron exportados a una hoja de Excel.

3.3.5 Análisis filogenético

Para el análisis filogenético se procedió a buscar información (de ambos genes) para las nueve especies que existen de tiburones martillo (género *Sphyrna*) y la especie (*Carcharhinus limbatus*) como grupo externo. Esta búsqueda se realizó en la página NCBI (National Center for Biotechnology Information). Las secuencias para estas especies se descargaron en formato FASTA. Estos archivos se cargaron en la plataforma de Geneious (versión 2025.0.3), y se los alineó seleccionando la opción Align/Assamble y luego Multiple Align. Una vez hecho el alineamiento, se modificaron los extremos de cada secuencia para mantener un alineamiento del mismo tamaño para todas las secuencias. Finalmente, se exportó los alineamientos de cada gen, y un alineamiento concatenado de ambos genes en formato MEGA alignment. Los árboles filogenéticos se realizaron mediante el Software MEGA (Molecular Evolutionary Genetics Analysis), Software versión 12 una herramienta conocida por diferentes estudios de evolución molecular (Kumar et al., 2018).

Para la construcción de la filogenia se seleccionó la opción, Maximum Likelihood. En la configuración de los parámetros para el método de Máxima Verosimilitud, se realizaron ajustes específicos para optimizar los resultados. Se ajustaron los parámetros predeterminados, modificando: Test of Phylogeny – Bootstrap method en el parámetro de No.of Bootstrap Replications, se modificaron a 1000 con el propósito de mejorar la confiabilidad de los valores de soporte en el árbol filogenético.

Para la selección del modelo evolutivo, se utilizó el General Time Reversible (GTR), el cual es adecuado para analizar variaciones en las tasas de sustitución entre nucleótidos. Asimismo,

en la opción Branch Swap Filter, se eligió el ajuste Moderate con el fin de optimizar la reconstrucción del árbol. Finalmente, en la opción de number of Threads se mantuvo en cuatro, para asegurar una ejecución eficiente del análisis. Una vez configurados los parámetros, se procedió con la ejecución del análisis filogenético. Al finalizar, se generó el árbol filogenético, el cual fue editado en el programa FigTree (v1.4.4) para una mejor visualización de los nombres de cada muestra (Rambaut, 2018). Finalmente, el árbol fue guardado en un formato adecuado para su posterior interpretación y análisis .

4 RESULTADOS

4.1 Resultados de la revisión bibliográfica

A partir de la búsqueda bibliográfica realizada, se recopilaron publicaciones científicas relacionadas con el uso de herramientas moleculares en la conservación de la biodiversidad de las Islas Galápagos, entre el 2000 y 2025. En Google Académico, se obtuvieron inicialmente 470 resultados. De éstos, 44 publicaciones cumplieron con la información necesaria para ser incluidas en el análisis. En el caso de ProQuest, se obtuvieron 404 resultados, de los cuales 43 publicaciones fueron seleccionadas por cumplir con la información necesaria para ser incluidos. El **Anexo 1** detalla la descripción completa de los estudios revisados. Esta recopilación de datos permitió elaborar los gráficos que se presentan a continuación, los cuales reflejan las principales tendencias observadas en la producción científica relacionada con la aplicación de herramientas moleculares en la conservación de la biodiversidad en Galápagos. En primer lugar, se identificó un aumento en la cantidad de estudios a lo largo de los años, sobre todo a partir del año 2016. Los años que destacaron más fueron el 2021 con nueve publicaciones, el 2020, 2022, 2023 y 2024, cada uno con ocho

publicaciones registradas (Figura 2; Anexo 2). En cambio, entre 2005 y 2014, el número de investigaciones fue bastante menor.

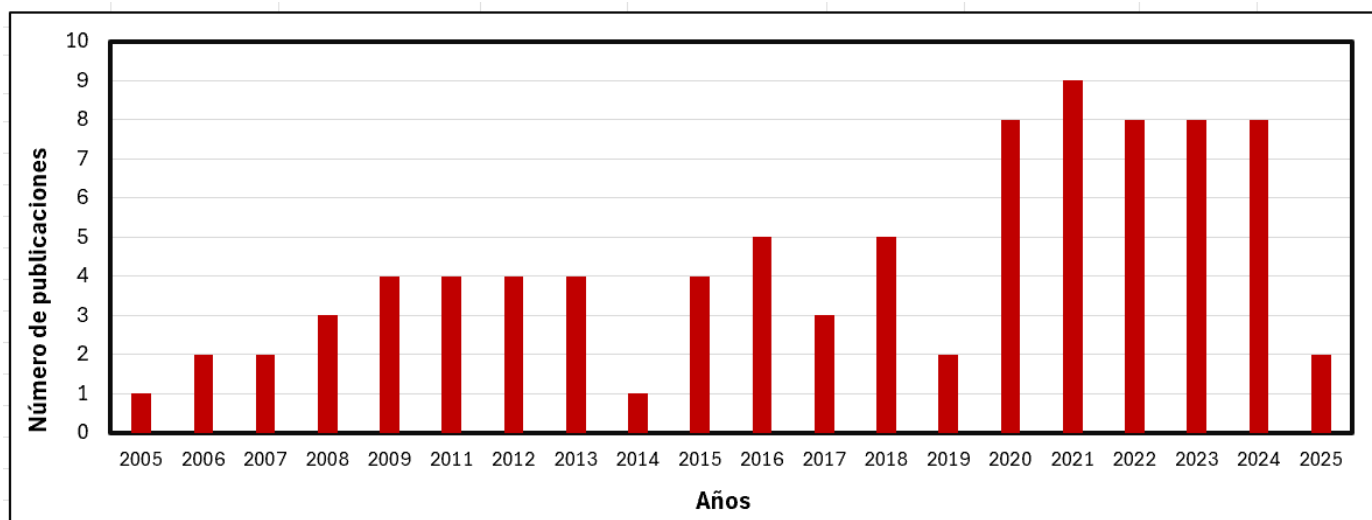


Figura 2 Número de publicaciones por año relacionadas con estudios genéticos en las Islas Galápagos (2005–2025).

Al analizar los documentos se identificaron varios patrones. En cuanto al **enfoque ecosistémico**, el 62% de los estudios se centraron en ecosistemas terrestres, el 30% en ecosistemas marinos y apenas el 8% abordaron ambos entornos de manera combinada (Figura 3a; Anexo 3). Respecto a las **herramientas moleculares utilizadas**, se observó un claro predominio de estudios enfocados en genética tradicional (66%), mientras que solo un 2% emplearon enfoques netamente genómicos. En cambio, un 32% de los estudios combinaron herramientas genéticas y genómicas en su análisis (Figura 3b).

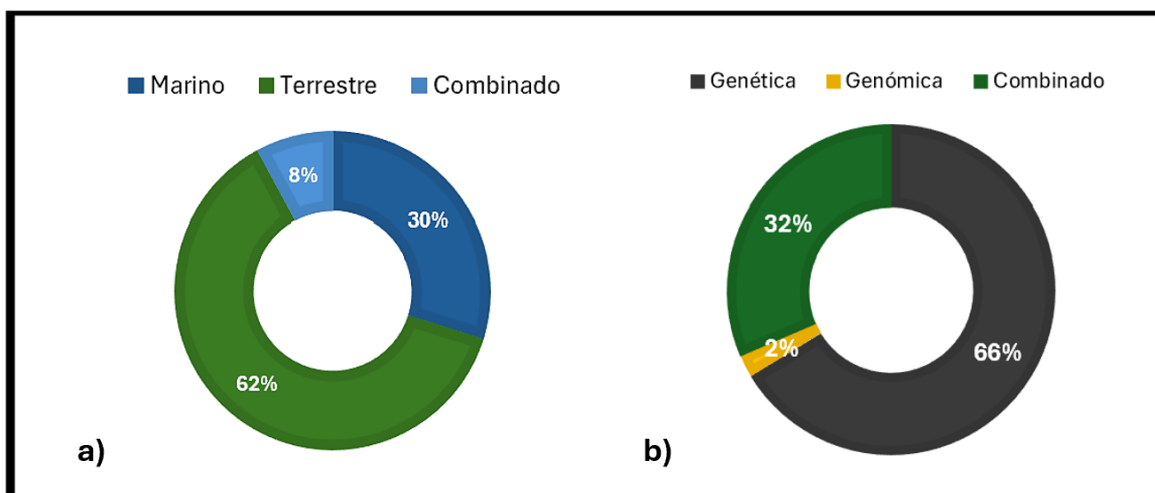


Figura 3 Distribución temática de los estudios moleculares realizados en Galápagos (2000–2025), según: (a) enfoque ecosistémico y (b) tipo de herramienta molecular utilizada.

En cuanto al tipo de organismos analizados, se evidencia un claro predominio de estudios enfocados en animales, los cuales cuentan con 63 publicaciones revisadas. A diferencia de las plantas y las bacterias que cuentan con solo nueve estudios cada una, mientras que los virus suman seis, los protistas cuatro y los hongos apenas tres investigaciones (Figura 4).

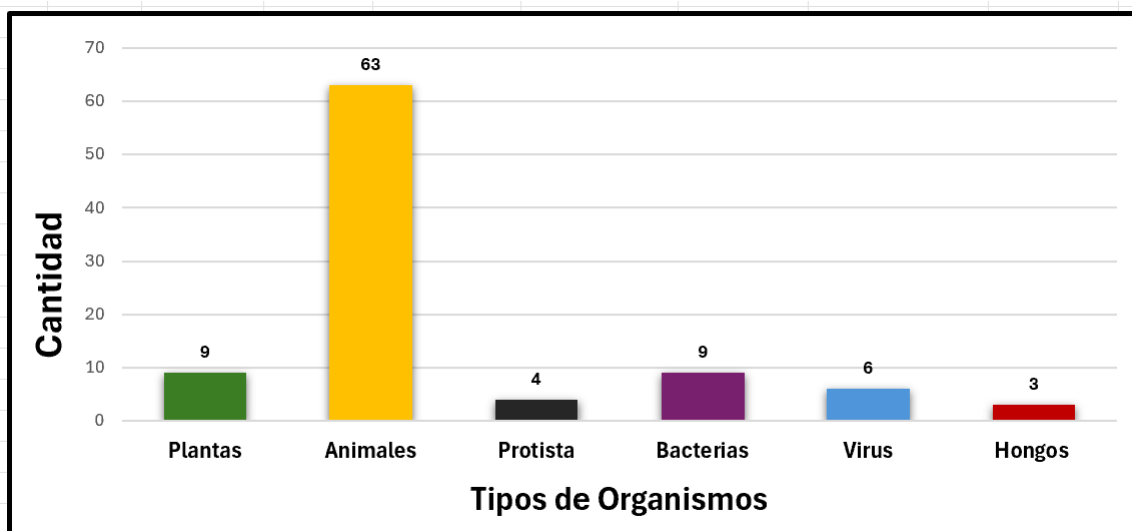


Figura 4 Cantidad de estudios realizados entre 2000 y 2025 en Galápagos según el tipo de organismo analizado.

Tras analizar qué grupos taxonómicos han recibido mayor atención en las investigaciones moleculares, se observa que los invertebrados representan el grupo más estudiado, con un total de 25 publicaciones. Le siguen las aves 15 estudios, los reptiles 14, los mamíferos 10 y los peces ocho estudios. En menor medida, se identificaron nueve estudios enfocados en bacterias, seis estudios en virus, tres estudios en hongos y cuatro estudios en protistas (Figura 5).

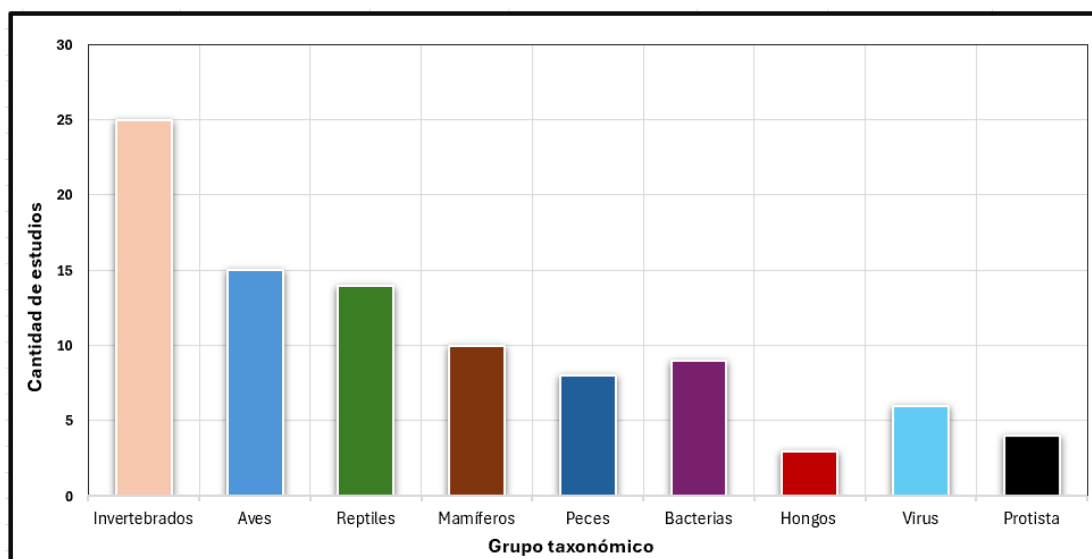


Figura 5 Número de estudios según su grupo taxonómico abordado.

Además del análisis general de los estudios, se organizó la información en una gráfica para identificar cuáles fueron los invertebrados más estudiados entre los años 2000 y 2025. El organismo con mayor cantidad de estudios fue *Philornis downsi*, con un total de *cuatro* publicaciones. Le siguen *Aedes taeniorhynchus*, *Culex quinquefasciatus* y las moscas negras (*Simuliidae*), cada uno con *dos* estudios registrados. Otros invertebrados como los piojos masticadores, ácaros, zoántidos, caracoles, cangrejos violinistas (*Uca*), arañas de los

géneros *Sicarius*, *Selenops* y *Orchestina*, así como corales del género *Porites* y moscas del grupo *Olfersia* (*Hippoboscidae*), fueron mencionados en *un solo estudio* cada uno (Figura 6).

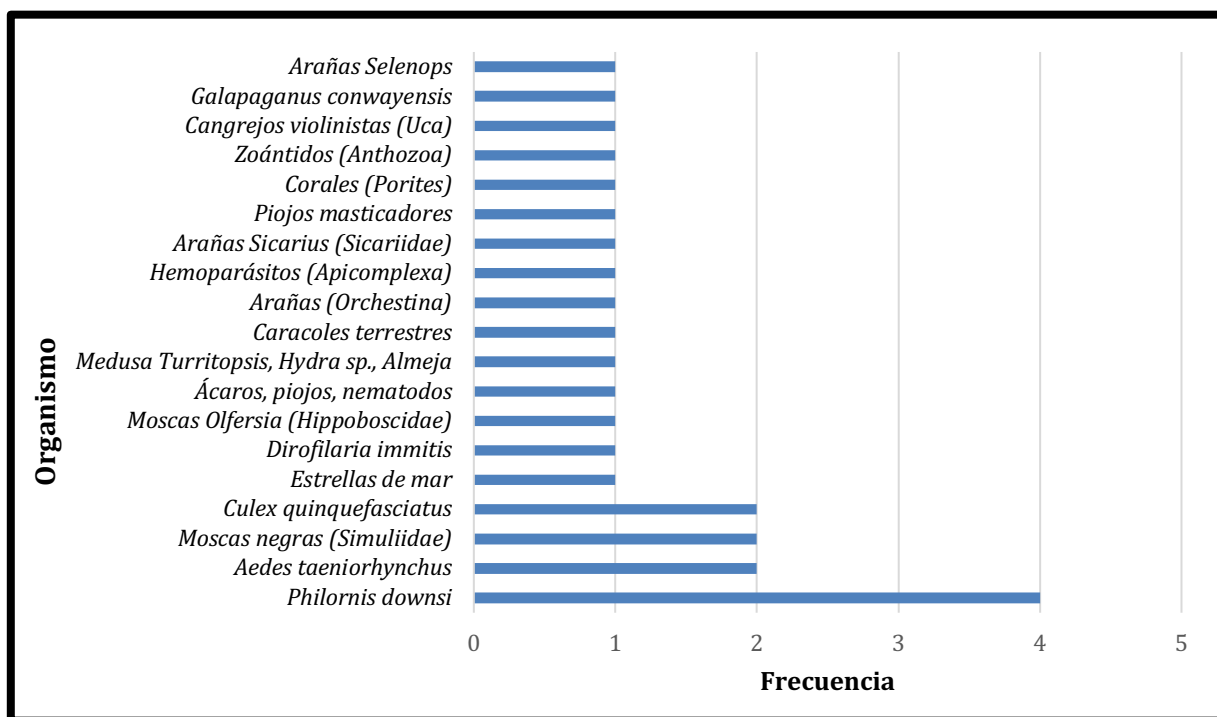


Figura 6 Frecuencia de estudios moleculares en Galápagos (2000–2025) según el organismo invertebrado analizado.

En el caso de las aves, al ordenar la información se observa una fuerte concentración en unas pocas especies. Como se muestra en la gráfica, los pinzones de Darwin, las fragatas (*Fregata minor*) y (*Laterallus spilonota*) lideran con tres estudios cada uno. Les siguen el pingüino de Galápagos (*Spheniscus mendiculus*) y el piquero de Nazca (*Sula granti*), con dos investigaciones. A diferencia de las especies como el cormorán no volador (*Phalacrocorax harrisi*), la paloma de Galápagos (*Zenaida galapagoensis*), el pájaro carpintero de Galápagos (*Camarhynchus pauper*), el búho orejudo (*Asio flammeus*

galapagoensis), el gavilán de Galápagos (*Buteo galapagoensis*) y el Bobolink (*Dolichonyx oryzivorus*) solo han sido objeto de un estudio cada una (Figura 7).

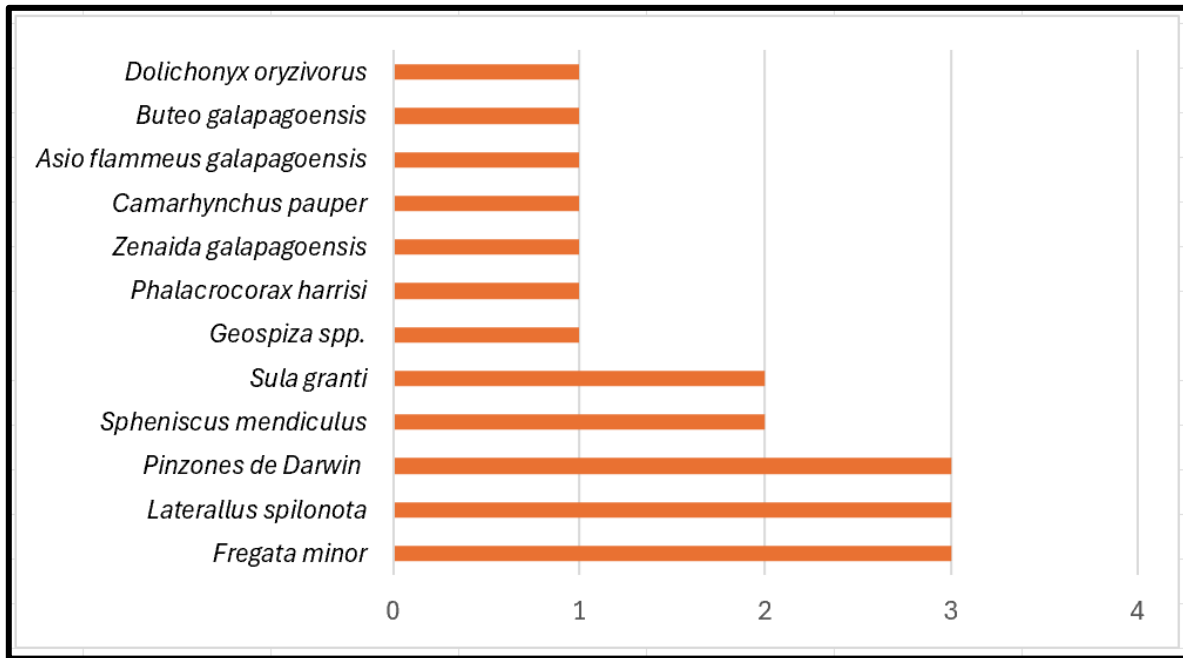


Figura 7 Distribución del número de estudios genéticos realizados entre 2000 y 2025 por especie de aves en las Islas Galápagos

En el caso de los reptiles, se identificaron cinco géneros presentes en los estudios revisados. Las tortugas gigantes del género *Chelonoidis* fueron, con diferencia, las más estudiadas, con un total de nueve menciones, reflejando su gran relevancia ecológica y simbólica en el archipiélago. Les siguen las iguanas terrestres (*Conolophus*), con seis registros, y la iguana marina (*Amblyrhynchus cristatus*), con cuatro menciones. Especies tales como *Phyllodactylus darwini* y *Gonatodes caudiscutatus* aparecen únicamente con un solo estudio (figura 8).

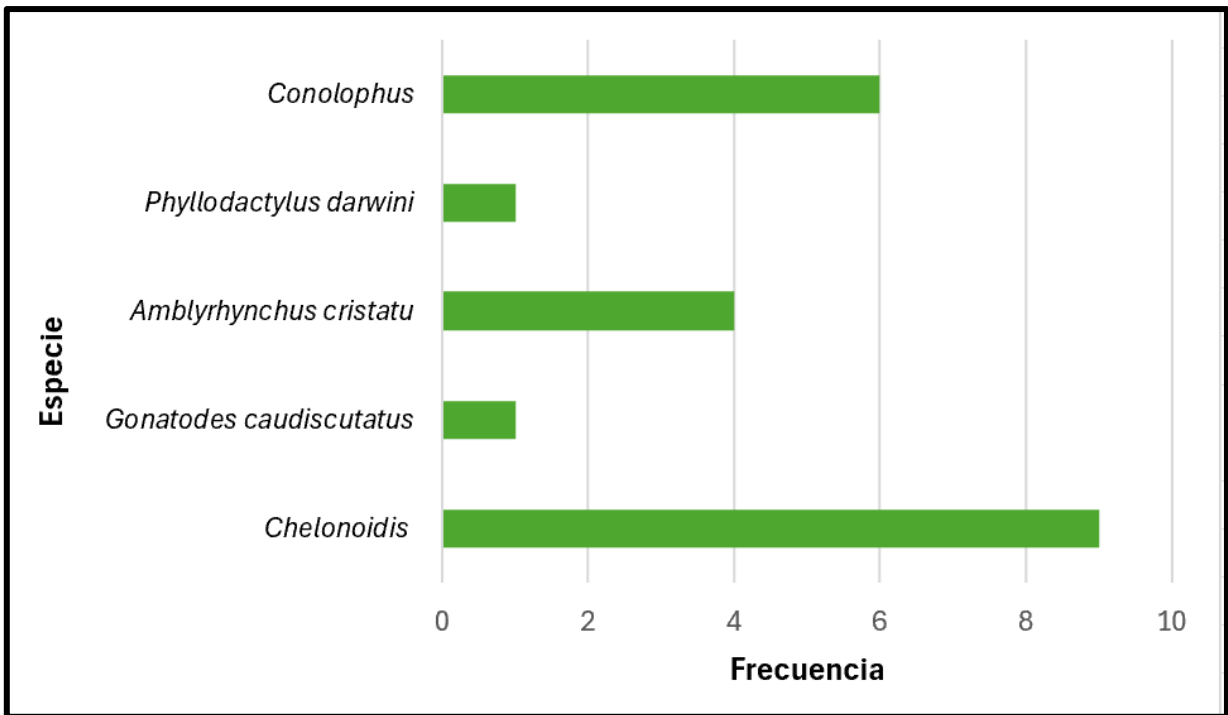


Figura 8 Frecuencia de estudios por género de reptiles analizados en Galápagos (2000–2025).

En base a los mamíferos, se evidenció un claro predominio de estudios enfocados en el lobo marino de Galápagos (*Zalophus wolfebaeki*), con un total de cuatro investigaciones. Le sigue el lobo fino de Galápagos (*Arctocephalus galapagoensis*), con dos estudios. Otras especies como animales domésticos como el perro, el lobo marino californiano (*Zalophus californianus*), la rata negra (*Rattus rattus*) y la rata topo desnuda (*Heterocephalus glaber*) registraron solo un estudio cada una (Figura 9).

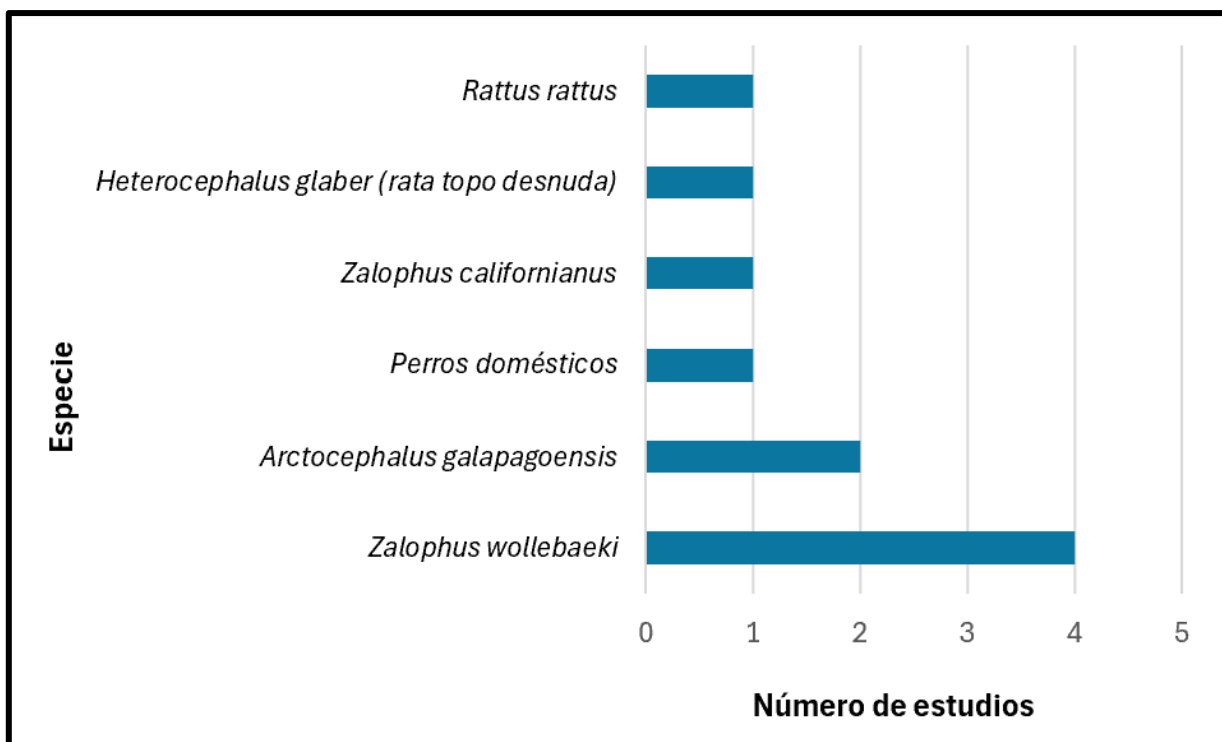


Figura 9 Número de estudios científicos por especie de mamífero analizada en Galápagos (2000–2025)

En base al enfoque temático de los trabajos revisados, se observó que el más abordado fue el de diversidad, con un total de 84 estudios, lo que refleja un claro interés por caracterizar la riqueza biológica del archipiélago. En segundo lugar, aparece el enfoque de sistemática con 53 estudios, seguido por la identificación de especies con 51 estudios, y el monitoreo con 44 estudios. El enfoque menos representado es el de control, con apenas 12 estudios registrados. Este último se agrupa principalmente enfocado en el manejo de enfermedades que afectan a la fauna silvestre o doméstica, por ejemplo: *Dirofilaria immitis*, *Trypanosoma vivax* o el virus del distemper canino (Figura 10).

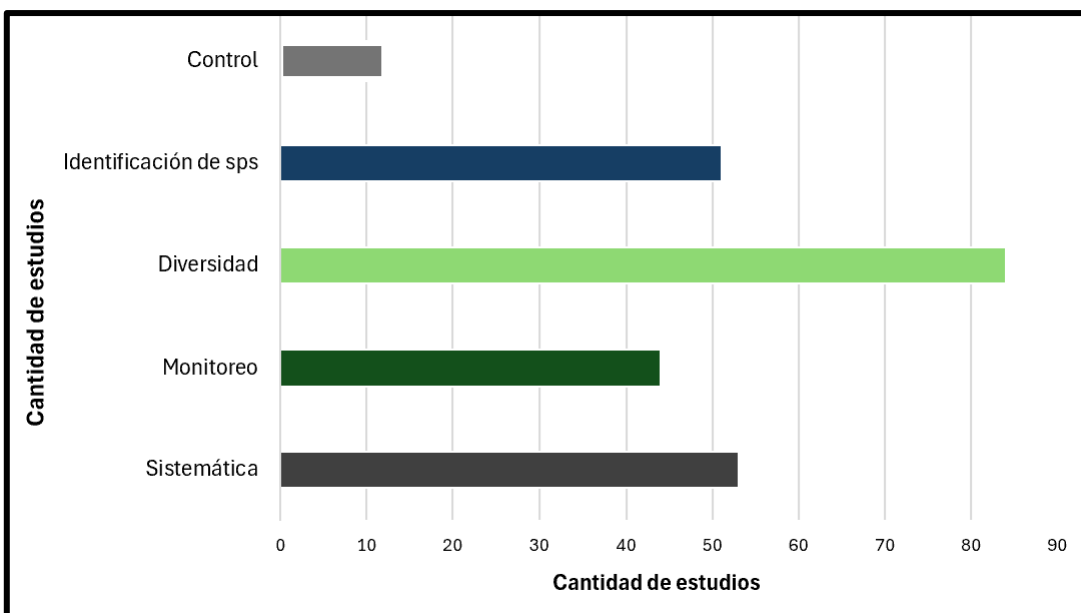


Figura 10 Frecuencia de enfoques temáticos en los estudios moleculares revisados en Galápagos (2000 y 2025).

Del total de estudios revisados, se identificó que una mayoría significativa incluyó recomendaciones de manejo como parte del texto (79%), mientras que el 21% no incluyó ninguna recomendación (Figura 11).

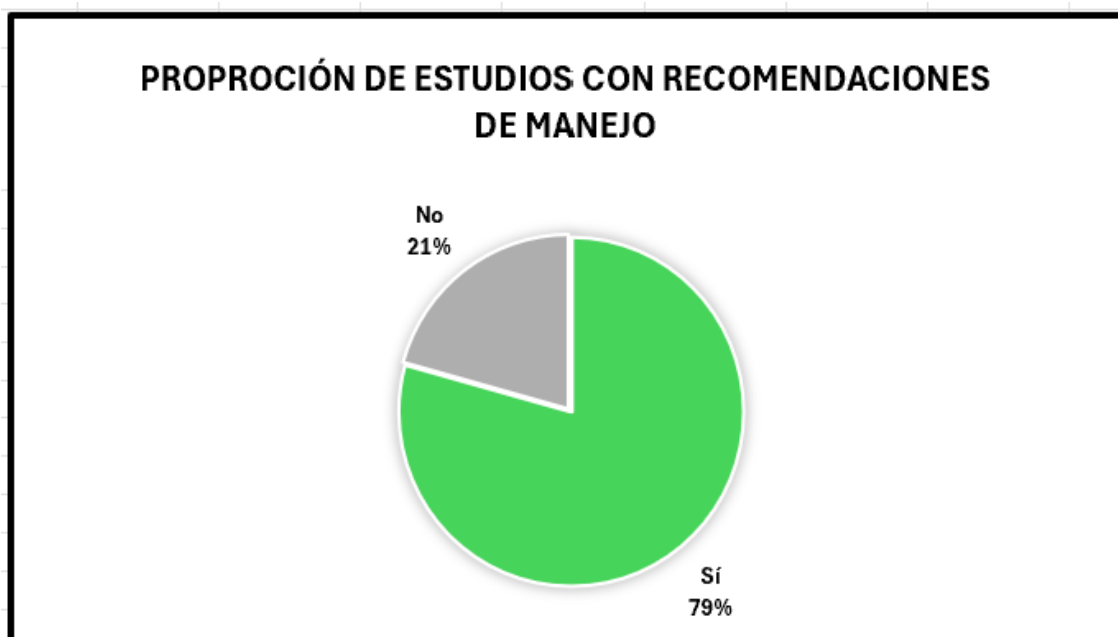


Figura 11 Proporción de estudios con recomendaciones de manejo en investigaciones moleculares realizadas en Galápagos.

Al analizar las instituciones a las que pertenecen los autores principales, se observa que la mayoría de los estudios fueron liderados por entidades internacionales. De los 87 artículos revisados entre 2000 y 2025, 69 estuvieron encabezados por investigadores afiliados a instituciones extranjeras, mientras que solo 5 fueron liderados por instituciones nacionales. Además, 13 estudios reflejan una colaboración entre instituciones nacionales e internacionales (Figura 12).

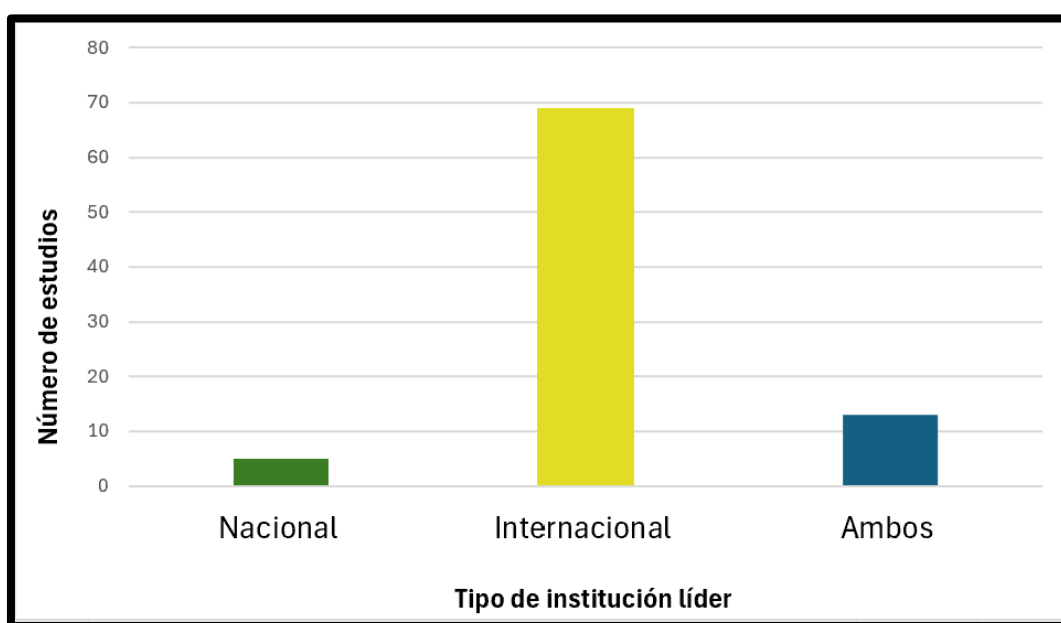


Figura 12 Distribución de los estudios según el tipo de institución líder (2000–2025).

4.2 Resultados del caso de estudio

Las dos muestras de ADN extraídas en el laboratorio (a) 1842 y (b) 1843 presentaron ADN de buena calidad (Tabla 2). Ambas fueron exitosamente amplificadas para los genes CYTB y COI. La Figura 13 muestra los resultados en gel agarosa correspondiente a la amplificación de los genes COI y CYTB para las muestras 1842 y 1843. En los carriles centrales se observan bandas bien definidas y de intensidad adecuada, lo que confirma que ambas muestras fueron correctamente amplificadas.

Tabla 2. Se presentan los valores obtenidos para cada muestra de tiburón martillo (*Sphyrna zygaena*), incluyendo la concentración de ADN (ng/μL) y los índices de pureza correspondientes a las relaciones de absorbancia 260/280 nm y 260/230 nm.

ID de la muestra	260/280	260/230	ng/μL
1842	1,858	1,574	624,927
1843	1,84	1,868	683,845

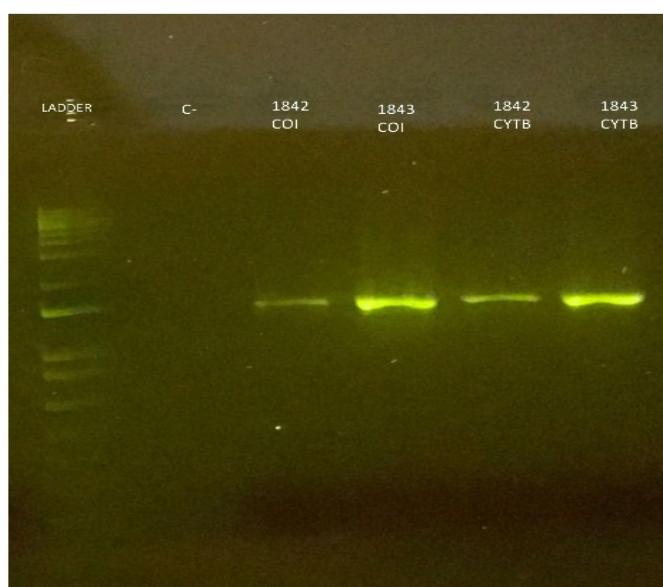


Figura 13 Gel de agarosa, para los resultados de PCR de las muestras 1842 y 1843. Usando los genes COI y CYTB. En el extremo izquierdo del gel se encuentra el marcador de peso molecular conocido como Ladder

Originalmente se recibieron secuencias de 686 pb para el gen COI y 1046 pb para el gen CYTB. Una vez realizada la limpieza y edición de las secuencias, se mantuvieron secuencias de 631 pb de buena calidad para el gen COI. En el caso del marcador CYTB, luego de la limpieza y edición se mantuvieron secuencias de 810 pb.

4.3 Resultados de la búsqueda de BLAST

La pre-identificación molecular de las muestras analizadas, realizadas en la herramienta BLAST de NCBI, indicó una alta coincidencia de las secuencias limpias y editadas con la especie *Sphyrna zygaena*. A continuación, se presenta un resumen de los resultados obtenidos en la Tabla 3. Los resultados de la búsqueda de BLAST mostraron en las secuencias de COI, un porcentaje de identidad de entre el 99.42% y 100%, y un Query Cover del 99%. De igual forma las secuencias de CYTB también mostraron un alto porcentaje de identidad que va del 99.52% al 99.17 % con un Query Cover de 100%.

Tabla 3 Resultado de Blast en NCBI para las cuatro muestras secuenciadas para COI y CYTB.

ID muestra	GEN	Resultado de búsqueda	Total Score	cobertura	E Value	% identidad	Código de acceso
1842	COI	<i>Sphyrna zygaena</i>	1254	99%	0.0	100.00%	MH194487.1
		<i>Sphyrna zygaena</i>	1243	98%	0.0	100.00%	MF983538.1
		<i>Sphyrna zygaena</i>	1243	99%	0.0	99.71%	MH194504.1
1843		<i>Sphyrna zygaena</i>	1256	99%	0.0	100.00%	MH194487.1
		<i>Sphyrna zygaena</i>	1245	100%	0.0	99.42%	MF983538.1
		<i>Sphyrna zygaena</i>	1245	99%	0.0	99.71%	MH194504.1
1842	CYT B	<i>Sphyrna zygaena</i>	1524	100%	0.0	99.52%	MF983538.1
		<i>Sphyrna zygaena</i>	1524	100%	0.0	99.52%	MF983539.1
		<i>Sphyrna zygaena</i>	1513	100%	0.0	99.28%	ON695879.1
1842		<i>Sphyrna zygaena</i>	1533	100%	0.0	99.41%	MF983538.1
		<i>Sphyrna zygaena</i>	1533	100%	0.0	99.41%	MF983539.1
		<i>Sphyrna zygaena</i>	1522	100%	0.0	99.17%	ON695879.1

4.4 Resultados de análisis Filogenéticos

El árbol filogenético construido a partir de secuencias concatenadas de los genes COI y CYTB de diversas especies del género *Sphyrna*, confirman con alto nivel de soporte (soporte Bootstrap = 100) que los individuos analizados de Caleta Tagus, en la isla Isabela, corresponden molecularmente a la especie *Sphyrna zygaena* (Figura 14). Los árboles construidos para cada gen de forma independiente muestran resultados congruentes (**Anexos 4 y 5**).

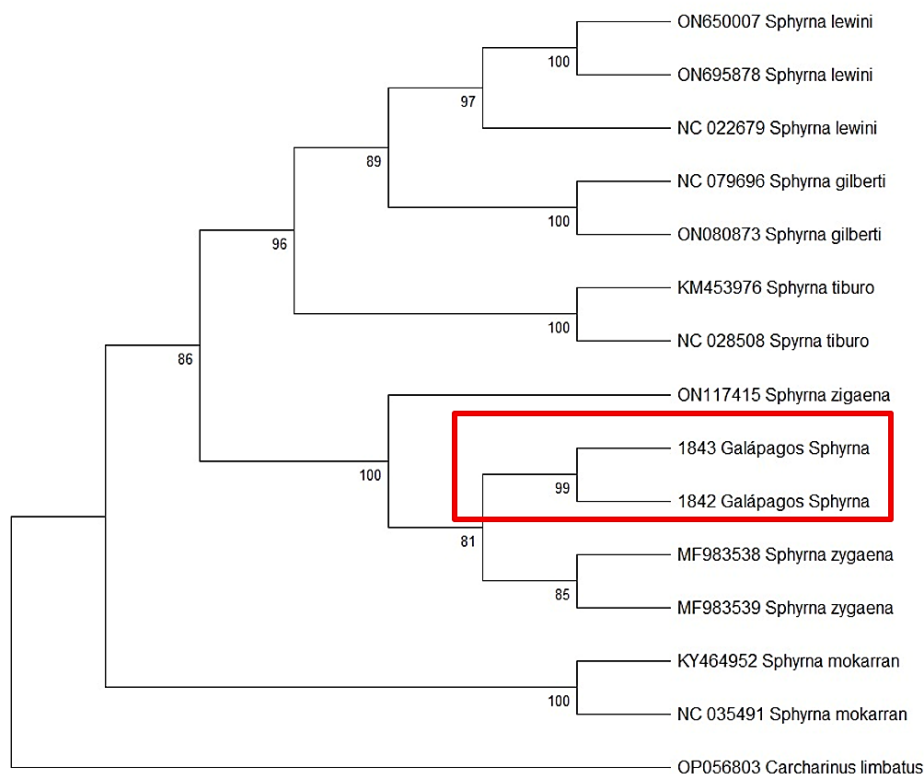


Figura 14 Árbol filogenético de especies del género *Sphyrna*, construido mediante el método de máxima verosimilitud (Maximum Likelihood) utilizando secuencias mitocondriales (gen COI y CYTB). Se incluyeron secuencias de referencia disponibles en NCBI y dos muestras colectadas en Galápagos, identificadas como (1842) Galápagos *Sphyrna* y (1843) Galápagos *Sphyrna*, las cuales se agrupan con secuencias confirmadas de *Sphyrna zygaena*, evidenciando su identidad genética. La especie *Carcharhinus limbatus* fue utilizada como grupo externo (outgroup) para enraizar el árbol. Se destacan en rojo las muestras de Galápagos.

5 DISCUSIÓN

5.1 Uso de herramientas moleculares en Galápagos

Los resultados obtenidos reflejan un crecimiento en el uso de las herramientas moleculares para el estudio y conservación de la biodiversidad en las islas Galápagos. Especialmente a partir del 2020. Esto es de esperarse, y puede deberse a la mayor disponibilidad de tecnologías moleculares, así como a la reducción de los costos de secuenciamiento en las últimas décadas (Goodwin et al., 2016). Además, a nivel global se reconoce el valor que tienen estas herramientas en la diversidad biológica y su conservación. El año en los que se registró el mayor número de estudios genéticos publicados fue en el 2021, con un total de nueve investigaciones. Este aumento podría reflejar una combinación de factores, como el crecimiento de colaboraciones científicas internacionales, el avance en tecnologías de secuenciación accesibles, y una mayor conciencia global sobre la necesidad de proteger especies endémicas y ecosistemas insulares vulnerables como los de Galápagos (Corlett et al., 2020).

Adicionalmente, es posible que los efectos indirectos de la pandemia por COVID-19 también hayan influido en este patrón. Durante los períodos de confinamiento, muchos equipos de investigación dedicaron sus esfuerzos a la sistematización y análisis de datos previamente recolectados, lo que incrementó la producción de publicaciones científicas entre 2021 y 2022 (Corlett et al., 2020). En este contexto, más que nuevos muestreos, se priorizó el procesamiento de información acumulada, especialmente en estudios genómicos o de base de datos. Por otro lado, años como 2005 y 2014 reflejan una menor producción científica, lo cual podría relacionarse con las limitaciones tecnológicas de la época y una menor priorización institucional hacia los estudios moleculares. Esta situación empezó a cambiar de

forma concreta a partir del año 2020, cuando se implementó por primera vez en Galápagos tecnología de secuenciamiento genético a través del proyecto Barcode Galápagos, una iniciativa conjunta entre la Universidad San Francisco de Quito con otras agencias locales (Chaves et al., 2023). Este proyecto permitió generar códigos de barras genéticos de especies endémicas mediante secuenciación local, lo que representó un hito para la investigación molecular en las islas, reduciendo la dependencia del continente y facilitando procesos de identificación y monitoreo genético (UNC, 2022). Es conocido a nivel mundial que la genética se ha convertido en un componente esencial para la creación de estrategias dedicadas a la conservación (Luikart et al., 2003).

Los datos recolectados en esta búsqueda bibliográfica nos enseñan no solo un avance cuantitativo en las publicaciones, sino también una transformación cualitativa en la forma en que se aborda la conservación en Galápagos. Por ejemplo, la investigación sobre la estructura genética de las iguanas marinas (*Amblyrhynchus cristatus*) demuestra cómo el conocimiento detallado sobre las conexiones y aislamiento entre poblaciones ha permitido diseñar estrategias de manejo más efectivas. Comprender los patrones de colonización y flujo génico ha sido clave para promover la conservación de la diversidad genética entre islas y prevenir riesgos derivados de la fragmentación poblacional (Steinfartz et al., 2009). Es por ello que, este tipo de estudios no solo amplían el conocimiento científico, sino que también se convierten en herramientas fundamentales para la protección de especies únicas en el archipiélago.

Este análisis reveló algunos patrones importantes que permiten comprender la orientación que han tenido las investigaciones moleculares en Galápagos durante los últimos 25 años. En primer lugar, al comparar estudios marinos y terrestres, se evidencia un desequilibrio: un 64 % de los documentos se centra en ecosistemas terrestres, frente a un 27 % en

ecosistemas marinos y apenas un 8 % con enfoques combinados. Esto resulta preocupante si consideramos que el entorno marino de Galápagos no solo es vital desde la perspectiva ecológica, sino también social y económica (Ferreira et al., 2004). Su baja representación en la literatura científica sugiere un vacío importante para la conservación marina. Cabe destacar, sin embargo, que tanto las especies marinas como terrestres incluyen una alta proporción de organismos endémicos, vulnerables o de funcionalmente clave en sus respectivos ecosistemas. Por tanto, avanzar en investigaciones moleculares en ambos ámbitos es esencial para garantizar una conservación integral del archipiélago. (Halpern et al., 2008).

Una de las razones principales por las que existe este desbalance, como explican Maria et al. (2020), es que las herramientas moleculares se han desarrollado con mayor rapidez y frecuencia en ambientes continentales, donde las condiciones para recolectar muestras, el acceso a laboratorios, y los recursos técnicos son más accesibles. En cambio, los estudios en el mar requieren más logística, equipos costosos y una infraestructura especializada que no siempre está disponible, especialmente en lugares como las islas Galápagos. Este patrón no es exclusivo del archipiélago de Galápagos. Como también mencionan Maria et al. (2020), incluso en países europeos con alta inversión en ciencia como Galicia, Francia o Alemania el uso de estas herramientas en ambientes marinos es todavía limitado, comparado con su aplicación en ríos y lagos. Sigsgaard et al. (2020) también destacan que, en muchos lugares del mundo, la implementación de estas tecnologías sigue siendo reciente y enfrenta retos importantes: el ADN en el mar se dispersa rápidamente, las muestras pueden ser más difíciles de interpretar y se necesita experiencia en análisis bioinformáticos que no siempre está disponible.

A pesar de todo esto, hay señales positivas. El uso de estas herramientas ha crecido en los últimos años. Según Maria et al. (2020), técnicas como el eDNA y el metabarcoding han empezado a usarse con más frecuencia en estudios sobre biodiversidad acuática. Este avance está ligado al desarrollo tecnológico y a una mayor valoración del potencial que tienen estas técnicas para obtener información útil y sumamente precisa.

En los estudios revisados, se observa un claro predominio del uso de herramientas tradicionales de genética (66 %), mientras que los enfoques genómicos representan solo un 2 % y los métodos combinados apenas un 32 %. Técnicas como el análisis de ADN mitocondrial o microsatélites han sido ampliamente utilizadas en Galápagos para identificar especies, evaluar la estructura poblacional y monitorear la diversidad genética. Sin embargo, presentan limitaciones al abordar preguntas más complejas relacionadas con la adaptación o la evolución. En los últimos años, el uso de la genómica ha aumentado considerablemente, impulsado por el desarrollo de tecnologías como la secuenciación de nueva generación (NGS). Estas plataformas permiten analizar miles de marcadores distribuidos a lo largo del genoma, generando grandes cantidades de información de forma más rápida, precisa y, cada vez más, a menor costo (Ekblom & Galindo, 2011; Goodwin et al., 2016). Esto ha ampliado las posibilidades de estudiar la variabilidad adaptativa, las trayectorias evolutivas y la conectividad entre poblaciones, incluso en especies no modelo o regiones con recursos limitados (Supple & Shapiro, 2018).

Este tipo de enfoques es particularmente relevante en sistemas insulares como Galápagos, donde muchas especies presentan poblaciones pequeñas, aisladas y genéticamente vulnerables. En este contexto, la genómica ofrece una ventaja significativa para detectar

señales de selección natural, identificar unidades evolutivas de conservación y diseñar estrategias más ajustadas a la realidad biológica (Shafer et al., 2015; Allendorf et al., 2010). Un ejemplo destacado identificado en esta revisión es el estudio de Pazmiño et al. (2018), donde se aplicaron marcadores genómicos de todo el genoma para analizar la estructura poblacional del tiburón de Galápagos (*Carcharhinus galapagensis*). Gracias al enfoque genómico, los autores lograron detectar una fuerte diferenciación entre poblaciones del Pacífico oriental y occidental, así como unidades de conservación locales dentro del archipiélago. Este nivel de detalle no habría sido posible mediante métodos genéticos tradicionales, lo que resalta el valor de la genómica para orientar acciones de manejo específicas y eficaces. En conjunto, estos avances reflejan una transición metodológica importante en la región y evidencian el potencial de la genómica para mejorar nuestra comprensión de la biodiversidad y apoyar su conservación desde una perspectiva más profunda y precisa.

Los sesgos de información aquí detallados representan oportunidades para fortalecer a futuras investigaciones. Equilibrar el enfoque entre ecosistemas terrestres y marinos, aumentar el número de investigaciones basados en la flora, y microorganismos, y utilizar herramientas genómicas modernas, puede generar una base de información más sólidas y útil para orientar decisiones de manejo y conservación. Abordar estos vacíos de información permitirá no solo democratizar el conocimiento científico, sino también diseñar, estrategias de conservación más equitativas y eficaces en términos de biodiversidad y genética.

A nivel taxonómico, se sigue evidenciando un fuerte sesgo hacia el estudio de la fauna. De acuerdo con los resultados obtenidos, 63 estudios revisados entre 2000 y 2025 se enfocaron

en animales, mientras que grupos como las plantas, hongos, virus y protistas continúan siendo menos estudiados. Esta tendencia podría estar asociada a diversos factores: el mayor carisma o visibilidad de ciertos animales, la priorización histórica de especies emblemáticas en Galápagos, y las dificultades metodológicas que aún existen para estudiar genéticamente a organismos menos explorados, como la flora local (Kress et al., 2005).

Sin embargo, esta situación es preocupante, ya que tanto las plantas como los hongos cumplen funciones ecológicas esenciales: estabilizan suelos, proveen hábitats, regulan el clima (MEA, 2005). Si no entendemos bien su diversidad genética ni cómo evolucionan, es difícil asegurar una conservación completa del ecosistema. De hecho, que se les haya estudiado tan poco puede incluso dificultar la comprensión de procesos que afectan directamente a los animales, ya que muchos de ellos están conectados con estos otros grupos. El análisis por grupos taxonómicos confirma que en primer lugar se ubican los invertebrados, con 25 estudios, lo cual es positivo considerando su relevancia ecológica. Sin embargo, también aquí existe una concentración marcada: *Philornis downsi* encabeza con cuatro publicaciones, seguido por *Aedes taeniorhynchus*, *Culex quinquefasciatus* y las moscas negras (Simuliidae), cada uno con dos estudios. Otros invertebrados, como zoántidos, caracoles, ácaros, cangrejos violinistas (*Uca*) o arañas de los géneros *Selenops* y *Sicarius*, fueron mencionados solo una vez. Aunque estos resultados muestran cierta diversidad, también reflejan una motivación muy centrada en el control de especies invasoras o vectores de enfermedades, más que en el conocimiento integral del grupo.

Las aves son el segundo grupo más estudiado desde el enfoque molecular, con un total de 15 publicaciones. Sin embargo, al desglosar estos estudios, se nota una fuerte concentración en unas pocas especies. Por ejemplo, los pinzones de Darwin, *Fregata minor* y el riel de

Galápagos (*Laterallus spilonota*) lideran con tres estudios cada uno. Este patrón se debe a que los pinzones han sido clave en la historia de la biología evolutiva (Grant & Grant, 2008), y su estudio molecular ha permitido entender procesos como la especiación adaptativa (Lamichhaney et al., 2015).

También se destaca el parásito *Philornis downsi*, con cuatro estudios, lo cual refleja una creciente preocupación por su impacto sobre las aves endémicas. Este insecto ha sido ampliamente documentado como una amenaza directa para la reproducción de varias especies nativas (McNew & Clayton, 2018). En cambio, especies vulnerables como el pingüino de Galápagos (*Spheniscus mendiculus*), el gavilán (*Buteo galapagoensis*), la paloma (*Zenaida galapagoensis*) o el cormorán no volador (*Phalacrocorax harrisi*) **apenas han sido estudiadas desde el enfoque genético**. Esta diferencia llama la atención, ya que conocer la diversidad genética de estas especies es clave para protegerlas, sobre todo cuando sus poblaciones son pequeñas, están aisladas o enfrentan algún tipo de amenaza (Frankham, 2010).

Los reptiles, con 14 estudios, muestran un patrón más equilibrado, aunque igualmente centrado en especies emblemáticas. Las tortugas gigantes del género *Chelonoidis* fueron las más estudiadas contando con nueve, lo cual tiene sentido por su alto valor ecológico, histórico y simbólico en Galápagos. Les siguen las iguanas terrestres *Conolophus* con seis estudios y la iguana marina (*Amblyrhynchus cristatus*, con cuatro estudios. Sin embargo, especies más pequeñas como *Phyllodactylus darwini* y *Gonatodes caudiscutatus* solo aparecen en un estudio cada una, a pesar de que los reptiles representan un componente central en la fauna terrestre del archipiélago. En el caso de los mamíferos, se identificaron 10 estudios, en el que la especie más estudiada fue el lobo marino de Galápagos *Zalophus*

wollebaeki, con cuatro estudios y del lobo fino *Arctocephalus galapagoensis*, con dos. En menor medida, se mencionan estudios sobre *Zalophus californianus*, ratas *Rattus rattus* y la rata topo desnuda *Heterocephalus glaber*, todos con solo una publicación. Esto sugiere que el interés ha estado centrado tanto en especies nativas como en especies introducidas, aunque todavía con muy poco esfuerzo dedicado a los mamíferos marinos desde una perspectiva genómica más amplia.

Un punto crítico que llama la atención es la baja cantidad de estudios moleculares en peces, con apenas ocho publicaciones registradas. Esto es preocupante, considerando que Galápagos alberga una alta diversidad de peces, muchos de ellos endémicos o de importancia ecológica y comercial (Edgar et al., 2004). Fortalecer las investigaciones moleculares en este grupo debería convertirse en una prioridad, no solo por su relevancia ecológica, sino también porque constituyen la base del sistema pesquero local y de la salud del ecosistema marino. Como mencionan Funk et al. (2012), es importante equilibrar el uso de herramientas moleculares incluyendo también a especies menos carismáticas, pero igualmente cruciales para el funcionamiento del ecosistema. Las decisiones de conservación no deberían depender únicamente de la visibilidad o el simbolismo de una especie, sino de su rol ecológico y de los datos científicos disponibles para su manejo.

En base a la revisión realizada, entre 2000 y 2025 se identificaron cinco enfoques principales dentro de los estudios moleculares desarrollados en Galápagos. El que con más estudios cuenta, fue el de diversidad genética, con un total de 84 estudios. Esto muestra un interés claro por conocer la riqueza biológica del archipiélago y entender la variabilidad genética de las especies que lo habitan, algo que es clave si queremos conservarlas y que puedan

adaptarse a los cambios del entorno (Luikart et al., 2003). Le siguen los enfoques de sistemática 53 estudios e identificación de especies 51, que han sido fundamentales para corregir errores taxonómicos, descubrir especies crípticas y tener una visión más precisa de la biodiversidad gracias al uso de herramientas moleculares (Hebert et al., 2003).

Seguido del enfoque de monitoreo, con 44 estudios. Aunque con menos, cumple un rol importante en el seguimiento de poblaciones, la detección de cambios ecológicos y el rastreo de especies introducidas o invasoras (Schwartz et al., 2007). Finalmente, el enfoque menos representado fue el de control, con solo 12 estudios. Al ver estos resultados, me queda claro que si bien se ha avanzado bastante en conocer e identificar la biodiversidad, todavía hay un vacío importante en enfoques aplicados, como el control o manejo. Personalmente, es importante que en los próximos años se apueste más por equilibrar estos temas. No solo para seguir entendiendo lo que hay en Galápagos, sino también para actuar de manera más directa frente a las amenazas que ya están presentes y afectan a los ecosistemas.

Uno de los hallazgos más significativos de esta revisión bibliográfica fue que el 79 % de los estudios analizados incluyeron recomendaciones de manejo basadas en la conservación de la biodiversidad de Galápagos. Este resultado puede interpretarse como un avance positivo, ya que sugiere un compromiso por parte de la comunidad científica para que los resultados de las investigaciones sean tomados en cuenta bien en el ámbito académico y se traduzcan en propuestas concretas para la gestión ambiental (Pullin & Knight, 2009). El hecho de que la mayoría de los estudios analizados si contaran con recomendaciones, muestra un cambio positivo hacia la ciencia que no solo investiga, sino que también busca generar un positivo en la conservación de este hermoso archipiélago. Sin embargo, una pregunta que permanece abierta es si estas recomendaciones realmente se están implementando. Aunque es positivo

que la mayoría de los estudios las incluyan, muchas veces la falta de recursos económicos, el desconocimiento de la comunidad hacia el estado de los recursos o especies y la falta de apoyo político pueden limitar esta implementación (Knight et al., 2006).

Es importante, por lo tanto, que los resultados de los estudios científicos no solo se queden en el papel, sino que se traduzcan en recomendaciones claras, contextualizadas y accionables que puedan integrarse en planes de manejo, políticas públicas y estrategias de conservación. Sin embargo, también es clave preguntarse cuántas de estas recomendaciones llegan a aplicarse realmente y cuáles son sus impactos concretos en el territorio (Cook et al., 2013). Esta reflexión nos lleva a reconocer que la ciencia, por sí sola, no es suficiente. Para lograr cambios reales, es fundamental fortalecer la colaboración entre científicos, autoridades, comunidades locales y organizaciones sociales. Cuando el conocimiento se construye de forma participativa desde el inicio del proceso, es más probable que la información llegue a las manos adecuadas y se convierta en una herramienta útil para la toma de decisiones (Reed et al., 2014).

El análisis de las instituciones a las que pertenecen los autores principales de los estudios revisados entre 2000 y 2025 muestra una clara tendencia: la mayoría de las investigaciones fueron lideradas por entidades internacionales. De los 87 artículos analizados, 69 estuvieron a cargo de instituciones extranjeras, mientras que solo 5 fueron liderados por instituciones ecuatorianas. Los 13 estudios restantes fueron fruto de colaboraciones entre instituciones nacionales e internacionales. Este patrón no es exclusivo de Galápagos; también ocurre en otras regiones con alta biodiversidad, donde gran parte del conocimiento científico se sigue generando desde fuera (Amano & Sutherland, 2013).

Aunque la colaboración internacional ha sido clave para avanzar en la investigación especialmente por el acceso a financiamiento, tecnología y redes globales, la baja representación institucional local sigue siendo una deuda pendiente. Cuando las instituciones locales lideran investigaciones, existe una mayor posibilidad de que estas respondan a las necesidades reales del territorio, considerando no solo lo ecológico, sino también lo social y lo cultural (Maria et al., 2020). Esta situación puede estar relacionada con varios factores, como la limitada infraestructura científica en lugares remotos como Galápagos, o los altos costos que implican los estudios moleculares (UNEP, 2020). Si queremos cerrar esta brecha, es necesario seguir fortaleciendo la formación científica nacional, crear espacios de mentoría, construir redes de colaboración regional y asegurar que las nuevas generaciones de investigadores ecuatorianos tengan las herramientas para liderar ciencia de calidad. Impulsar un rol más activo de las instituciones locales no significa dejar de lado la cooperación internacional, sino avanzar hacia una ciencia más equitativa, donde el conocimiento se construya en conjunto y desde el territorio (Luján, 2024).

5.2 Estudio de caso

La aplicación de técnicas moleculares como el código de barras genético o el análisis de secuencias mitocondriales ha demostrado ser efectiva para lograr una identificación una identificación precisa de especies en ambientes complejos como Galápagos (Frankham, 2010). Los resultados obtenidos a través de los diferentes procesos moleculares confirman la presencia de la especie *Sphyrna zygaena* en la isla Isabela, específicamente en el sitio turístico conocido como Caleta Tagus. Aunque la presencia de esta especie ya había sido reportada a partir de observaciones morfológicas, esta es la primera vez que su identificación se encuentra respaldada a nivel molecular. Si bien la morfología ha sido una herramienta

valiosa para la identificación de especies durante años, especialmente en tiburones martillo, también se han evidenciado sus limitaciones. En muchos casos, las similitudes morfológicas entre especies del mismo género pueden llevar a una mala clasificación.

Este hallazgo resalta la importancia de usar herramientas moleculares en estudios de biodiversidad marina, ya que la identificación basada únicamente en características morfológicas puede ser insuficiente o engañosa. Este proyecto de titulación evidencia la importancia de combinar métodos moleculares y morfológicos para identificar adecuadamente la diversidad de especies y fortalecer la conservación de tiburones martillo frente a la presión de la pesca comercial y recreativa. Las herramientas moleculares no sustituyen al análisis morfológico, sino que lo complementan, permitiendo una identificación más precisa (Bouchet & Duarte, 2006).

Este estudio, además de confirmar la identidad de *Sphyrna zygaena*, resalta la presencia de individuos juveniles en Caleta Tagus. Esto abre la posibilidad de que este sitio funcione como una zona de crianza o refugio para tiburones juveniles. Esta información es valiosa porque esta especie está clasificada como vulnerable a nivel global por la UICN (IUCN, 2018), y conocer sus zonas clave nos ayuda a protegerlas mejor. Aunque Caleta Tagus no es una zona de pesca industrial ni de turismo masivo, sigue siendo un lugar poco estudiado. Aun no existen estudios sobre este sitio que determinen qué tan importante es para las especies marinas que lo habitan. Es realmente necesario fortalecer el monitoreo e investigaciones en esta área para entender su rol ecológico y así incluirlo en futuras estrategias de conservación.

6 CONCLUSIONES

Las herramientas moleculares nos permiten ver lo invisible, y eso cambia completamente la forma en que entendemos y protegemos la vida marina. Cada acción, por pequeña que parezca, suma y sirve para la conservación de los ecosistemas que nos rodean. Esta tesis tiene como propósito analizar el estado actual del uso de estas herramientas en Galápagos, evidenciar sus aportes concretos y resaltar su potencial para fortalecer las estrategias de manejo de la biodiversidad. Además, busca incentivar su aplicación en diferentes grupos taxonómicos y ecosistemas, especialmente aquellos menos estudiados, como los ambientes marinos.

Este estudio confirma la utilidad de las herramientas moleculares como base para la identificación precisa de especies y el fortalecimiento de estrategias de conservación en la Reserva Marina de Galápagos. Los resultados evidencian un crecimiento sostenido en la aplicación de estas técnicas, especialmente desde el año 2020, con un enfoque predominante en fauna terrestre y un uso mayoritario de métodos de genética tradicional. La confirmación molecular de la especie *Sphyrna zygaena* en Caleta Tagus representa un aporte significativo, ya que valida observaciones morfológicas previas y plantea la posibilidad de que este sitio cumpla funciones ecológicas clave como área de crianza.

Asimismo, se identificaron limitaciones relacionadas al uso de herramientas genómicas y la escasa representación de grupos taxonómicos como peces, flora, protista, bacterias, virus y ecosistemas marinos, lo que resalta la necesidad de diversificar y equilibrar los enfoques de investigación en el archipiélago. Estos hallazgos constituyen una línea base importante para futuras investigaciones y demuestran que la integración de técnicas moleculares en la

conservación puede mejorar la toma de decisiones, generar políticas de manejo más específicas y contribuir a la protección efectiva de especies vulnerables en Galápagos.

7 RECOMENDACIONES

Para futuros estudios sobre el uso de herramientas moleculares en Galápagos, sería importante ampliar el enfoque hacia grupos taxonómicos y ecosistemas poco representados hasta ahora, como los peces, los hongos, los virus, los protistas, la flora y los hábitats marinos, que cumplen funciones ecológicas clave en el archipiélago. Asimismo, se recomienda fomentar la integración de metodologías más avanzadas, como la genómica, que permitirían obtener información más detallada sobre la historia evolutiva, conectividad poblacional y adaptabilidad de las especies. Este trabajo destaca la utilidad de las herramientas moleculares no solo en la identificación precisa de especies, sino también como base científica para diseñar estrategias de conservación y manejo sustentado en evidencia. Tal es el caso del análisis de *Sphyrna zygaena*, cuya confirmación molecular refuerza la necesidad de evaluar sitios críticos como posibles zonas de crianza y áreas prioritarias de conservación. Generar información genética sobre especies de interés ecológico y comercial es fundamental para construir políticas de manejo más justas, sostenibles y contextualizadas en la realidad de Galápagos. De esta forma, se contribuye al equilibrio entre la protección del ecosistema y el bienestar de las comunidades locales, en un entorno donde la biodiversidad también tiene un profundo valor social y cultural.

8 REFERENCIAS

- Abata Toscano, K. C. (2012). *Estudio historico de corrientes marinas en bahia naufragio-islas Galápagos empleando los metodos euleriano y lagrangiano de medición de corrientes* (Bachelor's thesis, ESPOL. FIMCM: Oceanografía).
- Allendorf, F. W., Hohenlohe, P. A., & Luikart, G. (2010). Genomics and the future of conservation genetics. *Nature reviews genetics*, 11(10), 697-709.
- Almerón-Souza, F., Sperb, C., Castilho, C. L., Figueiredo, P. I., Gonçalves, L. T., Machado, R., ... & Fagundes, N. J. (2018). Molecular identification of shark meat from local markets in Southern Brazil based on DNA barcoding: evidence for mislabeling and trade of endangered species. *Frontiers in Genetics*, 9, 138.
- Altamirano-Benavides, M., & Yáñez, P. (2016). El código de barras de ADN (barcoding): una herramienta para la investigación y conservación de la diversidad biológica en el Ecuador.
- Amano, T., & Sutherland, W. J. (2013). Four barriers to the global understanding of biodiversity conservation: wealth, language, geographical location and security. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 280(1756), 20122649.
- Arciniegas Granda, E. D. (2010). *Investigación sobre la gestión ambiental de la industria turística en el Parque Nacional Galapagos* (Doctoral dissertation, Quito: Universidad Internacional SEK).
- Argüello-Sánchez, Laura Elisa, & García-Feria, Luis Manuel. (2014). La genética como herramienta para el estudio y conservación del género *Alouatta* en México. *Acta zoológica mexicana*, 30(2), 387-394. Recuperado en 15 de diciembre de 2024, de http://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0065-17372014000200010&lng=es&tlng=es.

- Blower, D. C., Pandolfi, J. M., Bruce, B. D., Gomez-Cabrera, M. D. C., & Ovenden, J. R. (2012). Population genetics of Australian white sharks reveals fine-scale spatial structure, transoceanic dispersal events and low effective population sizes. *Marine Ecology Progress Series*, 455, 229-244.
- Bouchet, P., & Duarte, C. M. (2006). La exploración de la biodiversidad marina Desafíos científicos y tecnológicos.
- Castro, A. L. F., Stewart, B. S., Wilson, S. G., Hueter, R. E., Meekan, M. G., Motta, P. J., . & Karl, S. A. (2007). Population genetic structure of Earth's largest fish, the whale shark (*Rhincodon typus*). *Molecular Ecology*, 16(24), 5183-5192.
- Chaves, J. A., Bonneaud, C., Russell, A., Mena, C. F., Proaño, C., Ortiz, D. A., ... & Pazmino, D. A. (2023). Galapagos genetic barcode: A model for island economic resilience during the COVID-19 pandemic. In *Island Ecosystems: Challenges to Sustainability* (pp. 453-468). Cham: Springer International Publishing.
- Conejo Latorre, Cristian & Sergio Ticul Álvarez Castañeda. 2016. Sistemática filogenética, filogeografía y ecología molecular: su importancia para el estudio actual de la biodiversidad. *Ciencias*, núm. 120-121, abril-septiembre, pp. 128-137.
- Cook, C. N., Mascia, M. B., Schwartz, M. W., Possingham, H. P., & Fuller, R. A. (2013). Achieving conservation science that bridges the knowledge–action boundary. *Conservation Biology*, 27(4), 669-678.
- Corlett, R. T., Primack, R. B., Devictor, V., Maas, B., Goswami, V. R., Bates, A. E., ... & Roth, R. (2020). Impacts of the coronavirus pandemic on biodiversity conservation. *Biological conservation*, 246, 108571.
- Cvitanovic, C., Hobday, A. J., van Kerkhoff, L., Wilson, S. K., Dobbs, K., & Marshall, N. A. (2015). Improving knowledge exchange among scientists and decision-makers to facilitate the

adaptive governance of marine resources: a review of knowledge and research needs. *Ocean & Coastal Management*, 112, 25-35.

Ekblom, R., & Galindo, J. (2011). Applications of next generation sequencing in molecular ecology of non-model organisms. *Heredity*, 107(1), 1-15.

Ferreira, C. E. L., Floeter, S. R., Gasparini, J. L., Ferreira, B. P., & Joyeux, J. C. (2004). Trophic structure patterns of Brazilian reef fishes: a latitudinal comparison. *Journal of Biogeography*, 31(7), 1093-1106.

FOLMER, R. H. A., et al. A model of the complex between single-stranded DNA and the single-stranded DNA binding protein encoded by gene V of filamentous bacteriophage M13. *Journal of molecular biology*, 1994, vol. 240, no 4, p. 341-357.

Frankham, R. (2010). *Challenges and opportunities of genetic approaches to biological conservation*. *Biological Conservation*, 143(9), 1919–1927.
<https://doi.org/10.1016/j.biocon.2010.05.011>

Funk, W. C., McKay, J. K., Hohenlohe, P. A., & Allendorf, F. W. (2012). *Harnessing genomics for delineating conservation units*. *Trends in Ecology & Evolution*, 27(9), 489–496.
<https://doi.org/10.1016/j.tree.2012.05.012>

Gonzalez, C., Postaire, B., Driggers, W., Caballero, S., & Chapman, D. (2024). *Sphyrna alleni* sp. nov., a new hammerhead shark (Carcharhiniformes, *Sphyrnidae*) from the Caribbean and the Southwest Atlantic. *Zootaxa*, 5512(4), 491–511. <https://doi.org/10.11646/zootaxa.5512.4.2>

Goodwin, S., McPherson, J. D., & McCombie, W. R. (2016). Coming of age: ten years of next-generation sequencing technologies. *Nature reviews genetics*, 17(6), 333-351.

Grant, P. R., & Grant, B. R. (2008). *How and why species multiply: The radiation of Darwin's finches*. Princeton University Press.

- Halpern, B. S., et al. (2008). A global map of human impact on marine ecosystems. *Science*, 319(5865), 948–952
- Hebert, P. D., Cywinska, A., Ball, S. L., & DeWaard, J. R. (2003). Biological identifications through DNA barcodes. *Proceedings of the Royal Society of London. Series B: Biological Sciences*, 270(1512), 313-321.
- Hennessy, E. (2015). The molecular turn in conservation: genetics, pristine nature, and the rediscovery of an extinct species of Galápagos giant tortoise. *Annals of the Association of American Geographers*, 105(1), 87-104.
- Ipinza, R., Barros, S., De la Maza, C. L., Jofré, P., & González, J. (2021). Bosques y Biodiversidad. *Ciencia & Investigación Forestal*, 101-132.
- Knight, A. T., Cowling, R. M., & Campbell, B. M. (2006). An operational model for implementing conservation action. *Conservation biology*, 20(2), 408-419.
- Kress, W. J., Wurdack, K. J., Zimmer, E. A., Weigt, L. A., & Janzen, D. H. (2005). Use of DNA barcodes to identify flowering plants. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 102(23), 8369-8374.
- Lamichhaney, S., Berglund, J., Almén, M. S., Maqbool, K., Grabherr, M., Martinez-Barrio, A., ... & Andersson, L. (2015). Evolution of Darwin's finches and their beaks revealed by genome sequencing. *Nature*, 518(7539), 371-375.
- Luikart, G., England, P. R., Tallmon, D., Jordan, S., & Taberlet, P. (2003). The power and promise of population genomics: from genotyping to genome typing. *Nature reviews genetics*, 4(12), 981-994.
- Macpherson, E., Becerro, M., Coma, R., Palacín, C., Pascual, M., Turon, X., & Uriz, M. J. (2009). Biodiversidad genética de organismos marinos en el Parque nacional de cabrera: aplicaciones para la conservación.

- Maria, J. F., Ana, F. F., Aina, G. R., Alba, A., Ana, R. C., Ana, M. P., ... & Salomé, F. A. (2020). Advances in the use of molecular tools in ecological and biodiversity assessment of aquatic ecosystems.
- Kumar, S., Stecher, G., Li, M., Knyaz, C., & Tamura, K. (2018). MEGA X: molecular evolutionary genetics analysis across computing platforms. *Molecular biology and evolution*, 35(6), 1547-1549.
- McNew, S. M., & Clayton, D. H. (2018). *Alien invasion: biology of Philornis flies highlighting Philornis downsi, an introduced parasite of Galápagos birds*. *Annual Review of Entomology*, 63, 369–387. <https://doi.org/10.1146/annurev-ento-020117-043103>
- Millennium Ecosystem Assessment (MEA). (2005). *Ecosystems and human well-being: Biodiversity synthesis*. World Resources Institute.
- Moreno Fiallos, P. E. (2023). *Identificación molecular, análisis de diversidad genética e inferencia de la historia evolutiva de rayas sartén (Hypanus) en la Isla San Cristóbal, Galápagos-Ecuador* [Tesis de licenciatura, Universidad San Francisco de Quito]. Repositorio institucional de la USFQ
- Muñoz Barriga, A. (2017). Percepciones de la gestión del turismo en dos reservas de biosfera ecuatorianas: Galápagos y Sumaco. *Investigaciones geográficas*, (93), 0-0
- Navarrete Bastidas, R. C. (2005). *La preservación de la biodiversidad, el medio ambiente y la utilización de los recursos naturales para impulsar el desarrollo sostenible y la seguridad* (Doctoral dissertation, Instituto de Altos Estudios Nacionales).
- Oswaldo, B. T. (2009). Las islas Galápagos: Tesoro natural. *Revista ecuatoriana de medicina y ciencias biológicas*, 30(1-2).
- Pazmiño, D. A., Maes, G. E., Green, M. E., Simpfendorfer, C. A., Hoyos-Padilla, E. M., Duffy, C. J., ... & Van Herwerden, L. (2018). Strong trans-Pacific break and local conservation units

in the Galapagos shark (*Carcharhinus galapagensis*) revealed by genome-wide cytonuclear markers. *Heredity*, 120(5), 407-421.

Pullin, A. S., & Knight, T. M. (2009). Doing more good than harm—Building an evidence-base for conservation and environmental management. *Biological conservation*, 142(5), 931-934.

Quattro, J. M., Stoner, D. S., Driggers, W. B., Anderson, C. A., Priede, K. A., Hoppmann, E. C., ... & Grady, J. M. (2006). Genetic evidence of cryptic speciation within hammerhead sharks (Genus *Sphyrna*). *Marine Biology*, 148, 1143-1155. QAIGEN. (2013). *DNeasy Blood & Tissue Kits*.

Rambaut, A. (2018). *FigTree v1.4.4: Tree Figure Drawing Tool*. Institute of Evolutionary Biology, University of Edinburgh.

Reed, M. S., Stringer, L. C., Fazey, I., Evelyn, A. C., & Kruijsen, J. H. (2014). Five principles for the practice of knowledge exchange in environmental management. *Journal of environmental management*, 146, 337-345.

Schwartz, M. K., Luikart, G., & Waples, R. S. (2007). Genetic monitoring as a promising tool for conservation and management. *Trends in ecology & evolution*, 22(1), 25-33.

Shafer, A. B. A., et al. (2015). Genomics and the challenging translation into conservation practice. *Trends in Ecology & Evolution*, 30(2), 78–8

Sigsgaard, E. E., Jensen, M. R., Winkelmann, I. E., Møller, P. R., Hansen, M. M., & Thomsen, P. F. (2020). Population-level inferences from environmental DNA—Current status and future perspectives. *Evolutionary Applications*, 13(2), 245-262.

Song, C. B., Near, T. J., & Page, L. M. (1998). Phylogenetic relations among percid fishes as inferred from mitochondrial cytochrome b DNA sequence data. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 10(3), 343-353.

- Sostenibilidad para la Conservación - Charles Darwin Foundation*. (2023). Charles Darwin Foundation. <https://www.darwinfoundation.org/es/nuestrotrabajo/comunidad/sostenibilidad-para-la-conservacion/>
- Steinfartz, S., Glaberman, S., Lanterbecq, D., Russello, M. A., Rosa, S., Hanley, T. C., ... & Caccone, A. (2009). Progressive colonization and restricted gene flow shape island-dependent population structure in Galápagos marine iguanas (*Amblyrhynchus cristatus*). *BMC Evolutionary Biology*, 9, 1-18.
- Taberlet, P., Meyer, A., & Bouvetv, J. (1992). Unusual mitochondrial DNA polymorphism in two local populations of blue tit *Parus caeruleus*. *Molecular Ecology*, 1(1), 27-36.
- Thermo Fisher Scientific. (2015). *Thermo Fisher Scientific—Waltham, MA, USA*. <https://tools.thermofisher.com/content/sfs/manuals/NanoDrop-2000-User-Manual-EN.pdf>
- UNC. (2022, March 3). *The Galapagos Barcode Project: Can genetic barcoding offer more than information to the Galapagos Islands?* Center for Galapagos Studies. <https://galapagos.unc.edu/can-genetic-barcoding-offer-more-than-information-to-the-galapagos-islands-the-barcode-galapagos-project/>
- UNEP. (2020). *Science-policy interfaces in biodiversity and ecosystem governance: Needs, challenges and approaches*. United Nations Environment Programme.
- Verspoor, E., Beardmore, J. A., Consuegra, S., Garcia de Leaniz, C., Hindar, K., Jordan, W. C., ... & Cross, T. F. (2005). Population structure in the Atlantic salmon: insights from 40 years of research into genetic protein variation. *Journal of Fish Biology*, 67, 3-54.
- Voyles, J., Woodhams, D. C., Saenz, V., Byrne, A. Q., Perez, R., Rios-Sotelo, G., ... & Richards-Zawacki, C. L. (2018). Shifts in disease dynamics in a tropical amphibian assemblage are not due to pathogen attenuation. *Science*, 359(6383), 1517-1519.

Ward, R. D., Hanner, R., & Hebert, P. D. (2009). The campaign to DNA barcode all fishes, FISH-BOL. *Journal of Fish Biology*, 74(2), 329-356.

9 ANEXOS

9.1 Anexo 1: Estudios científicos sobre genética, sistemática y conservación en Galápagos (2000–2025)

La siguiente tabla sistematiza tesis y estudios científicos publicados entre los años 2000 y 2025 sobre genética, genómica, filogeografía y conservación en las Islas Galápagos. Se organizaron según variables como el año, fuente, tipo de documento, Afiliación institucional (N = nacional, IN = internacional, N/IN = mixto), ecosistema (T = terrestre, M = marino, T/M = ambos), tipo de organismo (Plantas, Animales, Virus, Bacterias, Protistas u Hongos), grupo taxonómico (A = aves, R = reptiles, MA = mamíferos, P = peces, INV = invertebrados), herramienta utilizada (Genética, Genómica o Ambas), y enfoque temático (S = sistemática, MN = monitoreo, D = diversidad, ID = identificación de especies, C = control). También se indica si el estudio presenta recomendaciones de manejo para la conservación (Sí / No)

Año	Título del artículo	Fuente	Tipo	Origen	Ecosistema	Organismo	Grupo taxonómico	Herramienta	Enfoque	Recom. Manj
2016	Exploring the legacy of goat grazing: signatures of habitat fragmentation on genetic patterns of endemic weevil populations in Northern Isabela Island, Galápagos (Ecuador)	PQ	Artículo	IN	T	Animales	INV	Genética	S,MN,D	Si
2024	Detección de influenza aviar A(H5) mediante la técnica molecular RT-qPCR en una colonia de albatros (<i>Phoebastria irrorata</i>) de la Isla Española, Galápagos – Ecuador	PQ	Tesis	IN	T	Virus	V	Genética	MN,C	Si
2021	Genetic structure of selected finfish populations in the Galapagos Islands, Ecuador	PQ	Artículo	IN	T/M	Animales	P	Genética	S,MN,D,I D,C	Si
2013	Seeing stars: a molecular and morphological investigation into the evolutionary history of <i>Odontasteridae</i> (Asteroidea) with description of a new species from the Galapagos Islands	PQ	Artículo	IN	M	Animales	INV	Genética	S,D,ID	No
2019	Behavioral Responses of the Invasive Fly <i>Philornis downsi</i> to Stimuli from Bacteria and Yeast in the Laboratory and the Field in the Galapagos Islands	PQ	Artículo	IN	T	Bacterias y Hongos	B,H	Genética	S,MN,D,I D,C	Si
2015	Lineage sorting in multihost parasites: <i>Eidmanniella albescens</i> and <i>Fregatiella aurifasciata</i> on seabirds from the Galapagos Islands	PQ	Artículo	N/IN	T	Animales	INV	Genética	S,D,ID	Si

2011	The Influence of Historical GeneFlow, Bathymetry and Distribution Patterns on the Population Genetics of Morphologically Diverse Galapagos' <i>Opuntia echios</i>	PQ	Artículo	IN	T	Plantas		Genética	S,MN,D,I D	Si
2025	“Fiddler Crabs (<i>Crustacea: Decapoda: Ocypodidae</i>) From Coastal Ecuador and the Galápagos Islands: Species Descriptions and DNA Barcodes”	PQ	Artículo	IN	M	Animales	INV	Genética	S,D,ID	Si
2021	Population structure of a nest parasite of Darwin’s finches within its native and invasive ranges	PQ	Artículo	IN	T	Animales	INV	Ambas	S, MN,D,C	Si
2024	First Report of <i>Trypanosoma vivax</i> (Duttonella), <i>Babesia bovis</i> and <i>Babesia bigemina</i> DNA in Cattle from the Galapagos Islands, Ecuador, and Its Relationship with <i>Anaplasma marginale</i>	PQ	Artículo	N/IN	T	Bacterias y Protista	B, PRO	Genética	MN,D,ID	Si
2018	Strong trans-Pacific break and local conservation units in the Galapagos shark (<i>Carcharhinus galapagensis</i>) revealed by genome-wide cytonuclear markers	PQ	Artículo	IN	M	Animales	P	Ambas	MN,D	Si
2013	Differences in insect resistance between tomato species endemic to the Galapagos Islands	PQ	Artículo	IN	T	Plantas		Ambas	S,D,ID,C	Si
2022	Cores, edges and beyond: insights into the phylogeography of frigatebirds with a focus on ultraperipheral and endemic populations	PQ	Artículo	IN	M	Animales	A	Genética	S,D,ID	Si
2020	Trypanosomatids Detected in the Invasive Avian Parasite <i>Philornis downsi</i> (Diptera: Muscidae) in the Galapagos Islands	PQ	Artículo	IN	T	Animales	INV	Genética	S,MN,D,I D	Si
2022	The genome sequence of the avian vampire fly (<i>Philornis downsi</i>), an invasive nest parasite of Darwin’s finches in Galápagos	PQ	Artículo	IN	T	Animales	INV	Genómica	D,C	No
2011	The Influence of Historical GeneFlow, Bathymetry and Distribution Patterns on the Population Genetics of Morphologically Diverse Galapagos' <i>Opuntia echios</i>	PQ	Artículo	IN	T	Plantas		Genética	MN,D	Si
2019	Predicting population extinctions in Darwin’s finches	PQ	Artículo	IN	T	Animales	A	Genética	MN,D	Si
2008	Zoanthid diversity (Anthozoa: Hexacorallia) in the Galapagos Islands: a molecular examination	PQ	Artículo	IN	M	Animales	INV	Genética	S,D,ID	Si
2017	High levels of endemism among Galapagos basidiolichens	PQ	Artículo	IN	T	Hongos	H	Genética	S,MN,D,I D	No

2015	Clues to unraveling the coral species problem: distinguishing species from geographic variation in <i>Porites</i> across the Pacific with molecular markers and microskeletal traits	PQ	Artículo	IN	M	Animales	INV	Genética	S,MN,D,I D	Si
2022	Phylogeography and Prevalence of Hemoparasites (Apicomplexa: Eucoccidiorida) in Galápagos Marine Iguanas, <i>Amblyrhynchus cristatus</i> (Reptilia: Iguanidae)	PQ	Artículo	IN	T/M	Animales	INV	Genética	S, MN,D,ID	No
2012	Characterization of 13 novel microsatellite markers in the Galápagos tortoise (<i>Chelonoidis nigra</i>)	PQ	Artículo	IN	T	Animales	R	Genética	S,D,ID	Si
2012	Infection by <i>Haemoproteus</i> parasites in four species of frigatebirds and the description of a new species of <i>Haemoproteus</i> (Haemosporida: Haemoproteidae)	PQ	Artículo	IN	M	Protista	PRO	Genética	S,MN,D,I D	No
2022	Characterization of the gut microbiome and resistome of Galapagos marine iguanas (<i>Amblyrhynchus cristatus</i>) from uninhabited islands	PQ	Artículo	IN	T/M	Bacterias	B	Ambas	S,MN,D,I D	Si
2023	Seroconversion in Galapagos Sea Lions (<i>Zalophus wollebaeki</i>) Confirms the Presence of Canine Distemper Virus in Rookeries of San Cristóbal Island	PQ	Artículo	N/IN	M	Virus	V	Genética	MN	Si
2022	Inter-island local adaptation in the Galápagos Archipelago: genomics of the Galápagos blue-banded goby, <i>Lythrypnus gilberti</i>	PQ	Artículo	IN	M	Animales	P	Ambas	D	Si
2021	Incorporating Topological and Age Uncertainty into Event-Based Biogeography of Sand Spiders Supports Paleo-Islands in Galapagos and Ancient Connections among Neotropical Dry Forests	PQ	Artículo	IN	T	Animales	INV	Ambas	S,D,ID	No
2021	Avian disease surveillance on the island of San Cristóbal, Galápagos	PQ	Artículo	N/IN	T	Virus, Protista	V, PRO	Ambas	S,MN,D,I D	Si
2018	Floreana Island re-colonization potential of the Galápagos short-eared owl (<i>Asio flammeus galapagoensis</i>)	PQ	Artículo	IN	T	Animales	A	Genética	S,D,ID	Si
2009	Progressive colonization and restricted gene flow shape island-dependent population structure in Galápagos marine iguanas (<i>Amblyrhynchus cristatus</i>)	PQ	Artículo	IN	M	Animales	R	Genética	MN,D	Si
2021	Whole-Genome Sequencing Reveals the Presence of the blaCTX-M-65 Gene in Extended-Spectrum β -Lactamase-Producing and Multi-Drug-Resistant Clones of <i>Salmonella</i> Serovar <i>Infantis</i> Isolated from Broiler Chicken Environments in the Galapagos Islands	PQ	Artículo	IN	T	Bacterias	B	Ambas	S,MN,D,I D	Si
2023	Breeding origins of a uniquely regular migrant songbird in the Galápagos Islands, Bobolink (<i>Dolichonyx oryzivorus</i>)	PQ	Artículo	IN	T	Animales	A	Ambas	D	Si

2011	Characterization of <i>Salmonella Occurring</i> at High Prevalence in a Population of the Land Iguana <i>Conolophus subcristatus</i> in Galápagos Islands, Ecuador	PQ	Artículo	IN	T	Bacterias	B	Genética	S,MN,D,I D	No
2007	Inbreeding depression in the partially self-incompatible endemic plant species <i>Scalesia affinis</i> (Asteraceae) from Galápagos islands	PQ	Artículo	IN	T	Plantas		Genética	MN,D	Si
2016	Cryptic diversity in Black rats <i>Rattus rattus</i> of the Galápagos Islands, Ecuador	PQ	Artículo	IN	T	Animales	MA	Genética	MN,D,C	Si
2016	Spider Stowaways: Molecular Data Support the Synonymization of <i>Selenops galapagoensis</i> with <i>Selenops mexicanus</i> (Araneae: Selenopidae) and Indicate Human-Mediated Introduction to the Galápagos Islands	PQ	Artículo	IN	T	Animales	INV	Genética	S,D,ID	No
2009	Population genetics of Galápagos land iguana (<i>genus Conolophus</i>) remnant populations	GA	Artículo	IN	T	Animales	R	Genética	S,D,ID	Si
2012	Philopatry drives genetic differentiation in an island archipelago: comparative population genetics of Galapagos Nazca boobies (<i>Sula granti</i>) and great frigatebirds (<i>Fregata minor</i>)	GA	Artículo	IN	M	Animales	A	Genética	D	Si
2018	<i>Psidium guajava</i> in the Galapagos Islands: Population genetics and history of an invasive species	GA	Artículo	IN	T	Plantas		Genética	D,ID	Si
2005	Population Genetics of the Galápagos Hawk (<i>Buteo Galapagoensis</i>): Genetic Monomorphism Within Isolated Populations	GA	Artículo	IN	T	Animales	A	Genética	D	Si
2009	Morphometrics Parallel Genetics in a Newly Discovered and Endangered Taxon of Galápagos Tortoise	GA	Artículo	IN	T	Animales	R	Genética	S,D,ID	Si
2022	Population Genetics and Phylogeography of Galapagos Fur Seals	GA	Artículo	N	M	Animales	MA	Genética	MN,D	Si
2023	Time-calibrated phylogeny and full mitogenome sequence of the Galapagos sea lion (<i>zalophus wollebaeki</i>) from scat DNA	GA	Artículo	N	M	Animales	MA	Ambas	S,MN,D,I D	No
2021	Chromosomal relationships among the native rodents of Galápagos islands	GA	Artículo	IN	T	Animales	MA	Genética	S,D	No
2020	Evolutionary History of the Galápagos Rail revealed by ancient mitogenomes and modern samples	GA	Artículo	IN	M	Animales	A	Ambas	S,D,ID	Si

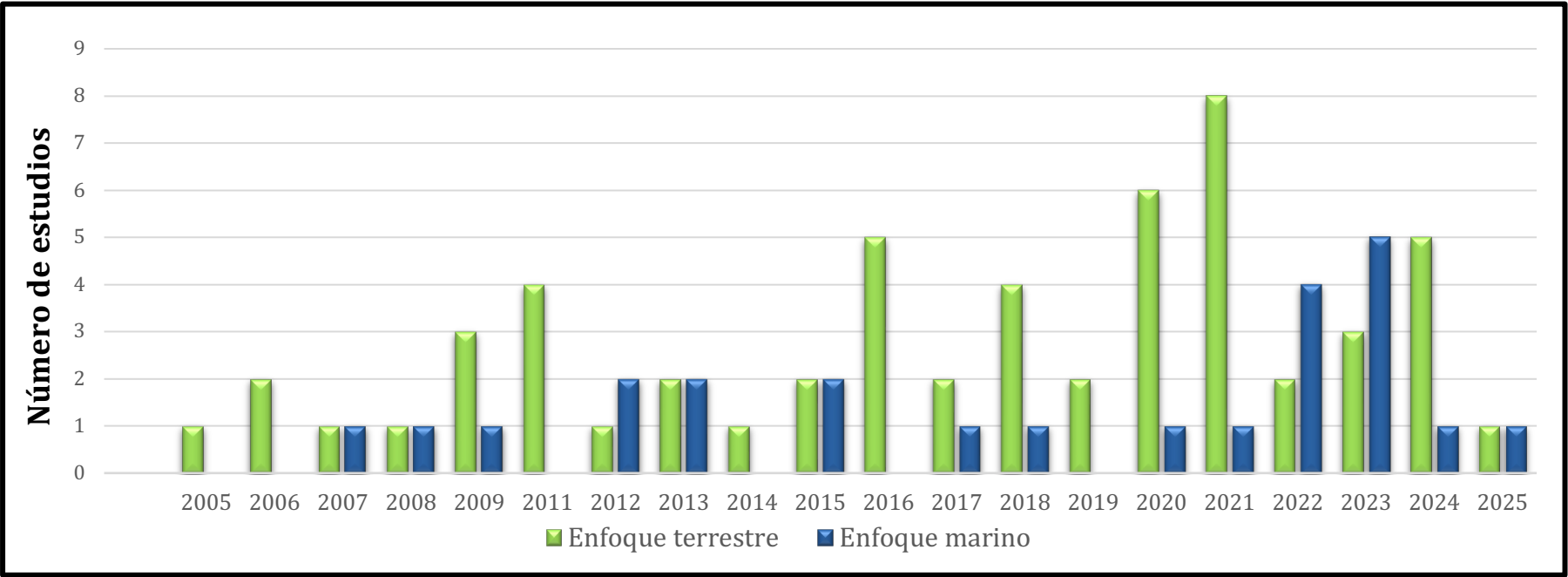
2007	Galápagos and California sea lions are separate species: Genetic analysis of the genus <i>Zalophus</i> and its implications for conservation management	GA	Artículo	IN	M	Animales	MA	Genética	S,D,ID	Si
2023	Complete mitochondrial genome of the Galápagos sea lion, <i>zalophus wolfebaeki</i> : paratype specimen confirms separate species status	GA	Artículo	IN	M	Animales	MA	Ambas	S,D,ID	No
2021	Origin and dispersion pathways of guava in the Galapagos Islands inferred through genetics and historical records	GA	Artículo	N	T	Plantas		Genética	D	Si
2016	The Influence of Historical GeneFlow, Bathymetry and Distribution Patterns on the Population Genetics of Morphologically Diverse Galápagos' <i>Opuntia echios</i>	GA	Artículo	IN	T	Plantas		Genética	S,D	Si
2018	Genome-Wide Assessment of Diversity and Divergence Among Extant Galapagos Giant Tortoise Species	GA	Artículo	IN	T	Animales	R	Ambas	S,MN,D,I D	Si
2025	Genomic Introgression Between Critically Endangered and Stable Species of Darwin's Tree Finches on the Galapagos Islands	GA	Artículo	IN	T	Animales	A	Ambas	MN,D,ID	Si
2017	Genome-wide SNPs reveal low effective population size within confined management units of the highly vagile Galapagos shark (<i>Carcharhinus galapagensis</i>)	GA	Artículo	IN	M	Animales	P	Ambas	MN,D	Si
2015	Genetics of a head-start program to guide conservation of an endangered Galápagos tortoise (<i>Chelonoidis ephippium</i>)	GA	Artículo	IN	T	Animales	R	Genética	MN,D	Si
2008	Low genetic diversity and lack of population structure in the endangered Galápagos penguin (<i>Spheniscus mendiculus</i>)	GA	Artículo	IN	T/M	Animales	A	Genética	MN,D,C	Si
2020	Evolutionary History of the Galápagos Rail Revealed by Ancient Mitogenomes and Modern Samples	GA	Artículo	IN	T	Animales	A	Ambas	S,D	Si
2020	Genetic analysis of a successful repatriation programme: giant Galapagos tortoises	GA	Artículo	IN	T	Animales	R	Genética	MN,D	Si
2013	Illegal wildlife trade in Galápagos: molecular tools help the taxonomic identification of confiscated iguanas and guide their rapid repatriation	GA	Artículo	N/IN	T	Animales	R	Genética	S,D,ID,C	Si
2015	Fine-scale matrilineal population structure in the Galapagos fur seal and its implications for conservation management	GA	Artículo	IN	M	Animales	MA	Genética	D	Si

2006	Conservation Medicine on the Galápagos Islands: Partnerships Among Behavioral, Population, and Veterinary Scientists	GA	Artículo	IN	T	Animales, Virus, Bacterias	INV, B, V	Genética	S, MN, D, ID	No
2023	Combining otolith chemistry and genetics to infer the population structure of yellow snapper <i>Lutjanus argentiventris</i>	GA	Artículo	IN	M	Animales	P	Genética	MN, D	Si
2013	Comparative host-parasite population genetic structures: obligate fly ectoparasites on Galapagos seabirds	GA	Artículo	IN	M	Animales	A, INV	Genética	D	No
2006	MORPHOLOGICAL VARIATION AND GENETIC STRUCTURE OF GALAPAGOS DOVE (<i>ZENaida GALAPAGOENSIS</i>) POPULATIONS: ISSUES IN CONSERVATION FOR THE GALAPAGOS BIRD FAUNA	GA	Artículo	IN	T	Animales	A	Genética	MN, D	Si
2018	Molecular data exclude current hybridization between iguanas <i>Conolophus marthae</i> and <i>C. subcristatus</i> on Wolf Volcano (Galápagos Islands)	GA	Artículo	N/IN	T	Animales	R	Genética	S, MN, D	Si
2014	Cryptic structure and niche divergence within threatened Galápagos giant tortoises from southern Isabela Island	GA	Artículo	N/IN	T	Animales	R	Ambas	S, D, ID	Si
2009	Evidence for regular ongoing introductions of mosquito disease vectors into the Galápagos Islands	GA	Artículo	N/IN	T	Animales, Virus	V, INV	Genética	MN, D, ID	Si
2016	Host-parasite ecology, behavior and genetics: a review of the introduced fly parasite <i>Philornis downsi</i> and its Darwin's finch hosts	GA	Artículo	IN	T	Animales	INV	Ambas	S, MN, D, ID, C	Si
2008	Colonization and diversification of Galápagos terrestrial fauna: a phylogenetic and biogeographical synthesis	GA	Artículo	IN	T	Animales	A, R, INV	Genética	S, D, ID	Si
2021	<i>Culex quinquefasciatus</i> : situación de amenaza para la avifauna insular y opciones para su control genético	GA	Artículo	IN	T	Animales	INV	Genética	MN, ID, C	Si
2022	Salt tolerance mechanisms in the <i>Lycopersicon</i> clade and their trade-offs	GA	Artículo	IN	T	Plantas		Ambas	S, D, ID	Si
2024	Concise review of the kelp genus <i>Eisenia Areschoug</i>	GA	Artículo	IN	M	Plantas		Genética	S, D, ID	Si
2020	Nontraditional systems in aging research: an update	GA	Artículo	IN	T/M	Animales, Bacterias	B, R, MA, P	Ambas	D	No

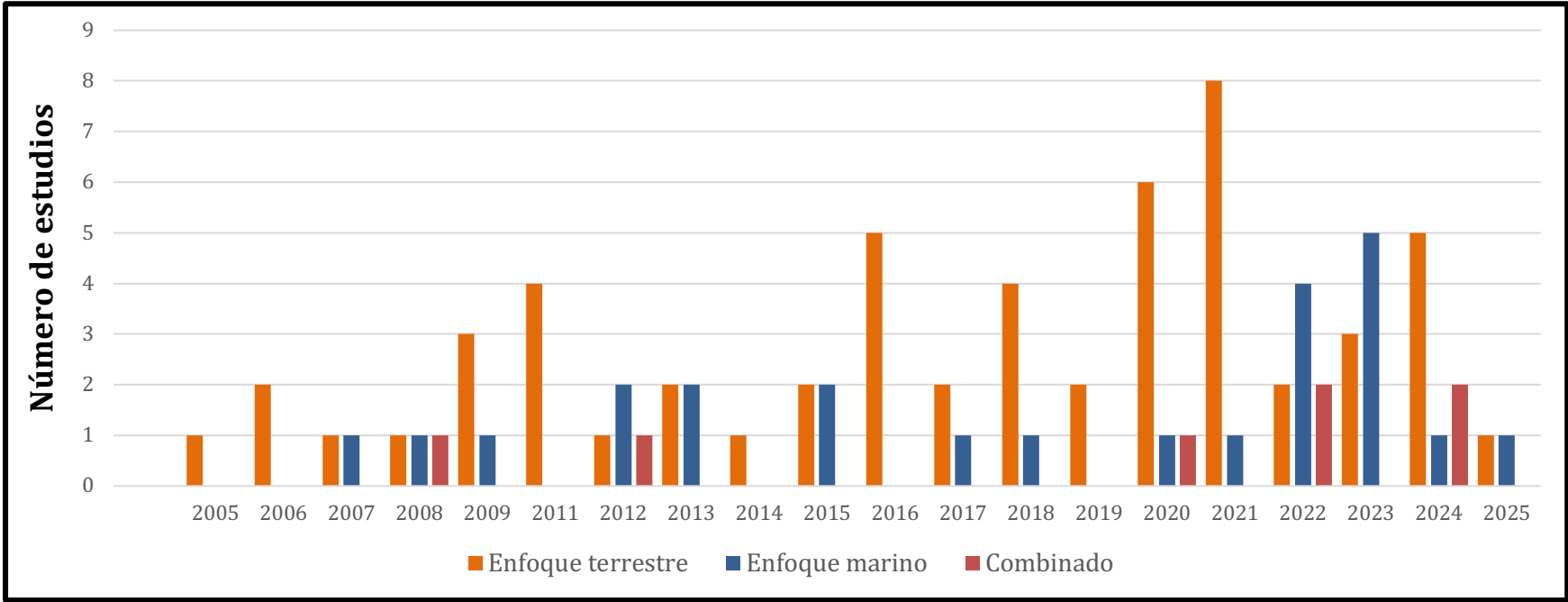
2024	Colonization record of the Galápagos' vertebrate clades: Biogeographical issues plus a conservation insight	GA	Artículo	IN	T/M	Animales	A,R,MA	Ambas	S,D,ID	Si
2021	A Review on the Prevalence of Poxvirus Disease in Free-Living and Captive Wild Birds	GA	Artículo	IN	T	Virus	V	Genómica	MN,D,ID	Si
2017	Taxonomic Revision of the Jumping Goblin Spiders of the Genus <i>Orchestina</i> Simon, 1882, in the Americas (Araneae: Oonopidae)	GA	Artículo	IN	T	Animales	INV	Genética	S,MN,D	No
2024	Black flies (<i>Diptera: Simuliidae</i>) in the Galapagos Islands: Native or adventive?	PQ	Artículo	IN	T	Animales	INV	Genética	S,D,ID	No
2020	Population structure of a nest parasite of Darwin's finches within its native and invasive ranges	PQ	Artículo	IN	T	Animales	INV	Genética	D	Si
2023	What Darwin could not see: island formation and historical sea levels shape genetic divergence and island biogeography in a coastal marine species	PQ	Artículo	IN	M	Animales	P	Ambas	D	Si
2023	First genetic insights of <i>Gonatodes caudiscutatus</i> (Reptilia, Gekkota) in the Galapagos Islands and mainland Ecuador	PQ	Artículo	N	T	Animales	R	Genética	D	No
2020	Evolutionary History of the Galápagos Rail Revealed by Ancient Mitogenomes and Modern Samples	PQ	Artículo	IN	T	Animales	A	Ambas	S,D	Si
2023	Leptospirosis in Ecuador: Current Status and Future Prospects	GA	Artículo	N	T	Bacterias	B	Ambas	S,MN,D,I D	Si
2020	Recubrimientos microbianos coloreados en cuevas de exhibición de las Islas Galápagos (Ecuador): Primeros Enfoque microbiológico	PQ	Artículo	IN	T	Bacterias	B	Ambas	S,D,ID	Si
2022	Lack of genetic differentiation in yellowfin tuna has conservation implications in the Eastern Pacific Ocean	PQ	Artículo	N/IN	M	Animales	P	Ambas	D	Si
2024	Globally Distributed Arbuscular Mycorrhizal Fungi Associated With Invasive <i>Cinchona pubescens</i> on Santa Cruz Island, Galápagos	GA	Artículo	N/IN	T	Hongos	H	Genética	S,D,ID	Si
2024	Canine vector-borne parasites in the Galapagos	GA	Artículo	N/IN	T	Animales, Protista	MA, PRO, INV	Genética	S, MN,D,ID	Si

2024	Black flies (<i>Diptera: Simuliidae</i>) in the Galapagos Islands: Native or adventive?	GA	Artículo	IN	T/M	Animales	INV	Genética	S,D,ID,	No
2012	Host selection and parasite infection in <i>Aedes taeniorhynchus</i> , endemic disease vector in the Galápagos Islands	GA	Artículo	N/IN	T/M	Animales	INV	Genética	S,MN,D,I D	Si
2011	Adaptation, isolation by distance and human-mediated transport determine patterns of gene flow among populations of the disease vector <i>Aedes taeniorhynchus</i> in the Galapagos Islands	GA	Artículo	N/IN	T	Animales	INV	Genética	S,MN,D,I D,C	Si

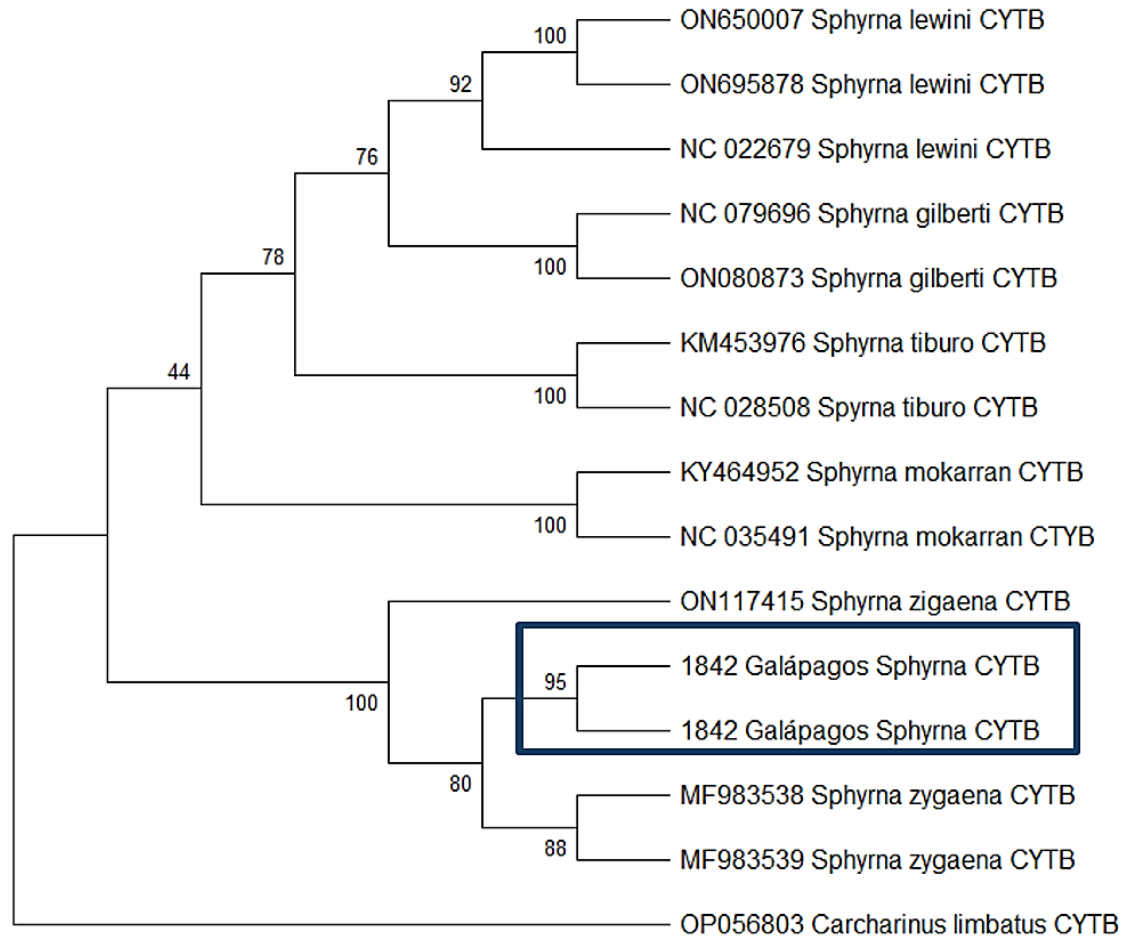
9.2 Anexo 2: Distribución anual de estudios científicos en Galápagos con enfoque terrestre y marino (2002–2025).



9.3 Anexo 2: Tendencias anuales de estudios científicos en Galápagos según enfoque ecosistémico (2002–2025)



9.4 Anexo 4: Árbol filogenético basado en secuencias CYTB de especies del género *Sphyrna zygaena*



9.5 Anexo 5: Árbol filogenético basado en secuencias COI de especies del género *Sphyrna*

