

UNIVERSIDAD NACIONAL DEL SANTA
ESCUELA DE POSGRADO
Programa de Maestría en Gestión Ambiental



UNS
ESCUELA DE
POSGRADO

**Identificación molecular a través del Código de Barras de ADN
de la fauna submareal de la isla Santa (Ancash, Perú) para el
fortalecimiento del plan de manejo como reserva natural**

**Tesis para obtener el grado de Maestro en
Ciencias en Gestión Ambiental**

Autora

Bach. Yzásiga Barrera, Carmen Gabriela
DNI. N° 32739703
Código ORCID: 0000-0003-2430-9945

Asesora

Dra. Zelada Mázmela, Eliana Victoria
DNI. N° 17842746
Código ORCID. 0000-0002-5813-0954

Nuevo Chimbote - PERÚ
2025



UNS
ESCUELA DE
POSGRADO

CERTIFICACIÓN DEL ASESORAMIENTO DE LA TESIS

Yo, Zelada Mázmela, Eliana Victoria, mediante la presente certifico mi asesoramiento de la **tesis de maestría titulada: Identificación molecular a través del Código de Barras de ADN de la fauna submareal de la isla Santa (Ancash, Perú) para el fortalecimiento del plan de manejo como reserva natural**, elaborado por la **Bach. Yzásiga Barrera, Carmen Gabriela**, para obtener el Grado de Maestro en Ciencias en Gestión Ambiental en la Escuela de Posgrado de la Universidad Nacional del Santa.

Nuevo Chimbote, noviembre de 2025

Dra. Zelada Mazmela, Eliana Victoria
Asesora

Código ORCID 0000-0002-5813-0954
DNI N° 17842746

AVAL DEL JURADO EVALUADOR

Tesis de maestría titulada: **Identificación molecular a través del Código de Barras de ADN de la fauna submareal de la isla Santa (Ancash, Perú) para el fortalecimiento del plan de manejo como reserva natural**, elaborado por la **Bach. Yzásiga Barrera, Carmen Gabriela**

Revisado y Aprobado por el Jurado Evaluador:



Dr. Merino Moya, Juan Fernando
Presidente

Código ORCID: 0000-0002-4848-3190
DNI N°17909299



Dr. Reyes Avalos, Walter Eduardo
Secretario

Código ORCID 0000-0002-4277-9521
DNI N°17878579



Dra. Zelada Mázmela, Eliana Victoria
Vocal

Código ORCID: 0000-0002-5813-0954
DNI N°17842746



UNS
ESCUELA DE
POSGRADO

ACTA DE EVALUACIÓN DE SUSTENTACIÓN DE TESIS

A los veinticuatro días del mes de octubre del año 2025, siendo las 13:15 horas, en el aula P-01 de la Escuela de Posgrado de la Universidad Nacional del Santa, se reunieron los miembros del Jurado Evaluador, designados mediante Resolución Directoral N° 745-2025-EPG-UNS de fecha 12.08.2025, conformado por los docentes: Dr. Juan Fernando Merino Moya (Presidente), Dr. Walter Eduardo Reyes Avalos (Secretario) y Dra. Eliana Victoria Zelada Mázmela (Vocal); con la finalidad de evaluar la tesis titulada: **"IDENTIFICACIÓN MOLECULAR A TRAVÉS DEL CÓDIGO DE BARRAS DE ADN DE LA FAUNA SUBMAREAL DE LA ISLA SANTA (ANCASH-PERÚ) PARA EL FORTALECIMIENTO DEL PLAN DE MANEJO COMO RESERVA NATURAL"**; presentado por la tesista **Carmen Gabriela Yzásiga Barrera**, egresada del programa de Maestría en Gestión Ambiental.

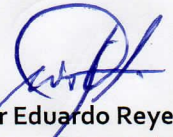
Sustentación autorizada mediante Resolución Directoral N° 869-2025-EPG-UNS de fecha 22 de octubre de 2025.

El presidente del jurado autorizó el inicio del acto académico; producido y concluido el acto de sustentación de tesis, los miembros del jurado procedieron a la evaluación respectiva, haciendo una serie de preguntas y recomendaciones a la tesista, quien dio respuestas a las interrogantes y observaciones.

El jurado después de deliberar sobre aspectos relacionados con el trabajo, contenido y sustentación del mismo y con las sugerencias pertinentes, declara la sustentación como BUENO, asignándole la calificación de DIECIOCHO (18).

Siendo las 14:30 horas del mismo día se da por finalizado el acto académico, firmando la presente acta en señal de conformidad.


Dr. Juan Fernando Merino Moya
Presidente


Dr. Walter Eduardo Reyes Avalos
Secretario


Dra. Eliana Victoria Zelada Mázmela
Vocal/Asesora

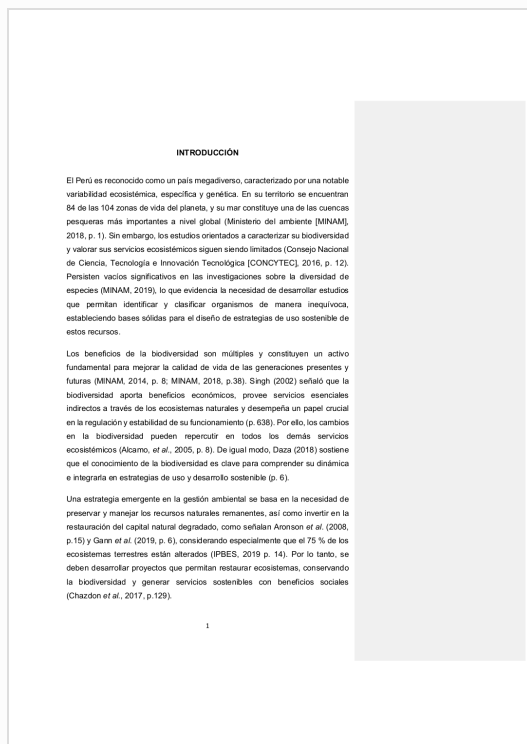


Recibo digital

Este recibo confirma que su trabajo ha sido recibido por **Turnitin**. A continuación podrá ver la información del recibo con respecto a su entrega.

La primera página de tus entregas se muestra abajo.

Autor de la entrega:	Carmen Yzasiga
Título del ejercicio:	Identificación molecular a través del Código de barras de ADN ...
Título de la entrega:	Identificación molecular a través del Código de Barras de ADN...
Nombre del archivo:	Identificación_molecular_a_través_del_Código_de_Barras_de_A...
Tamaño del archivo:	5.18M
Total páginas:	119
Total de palabras:	26,623
Total de caracteres:	159,931
Fecha de entrega:	31-oct-2025 11:33a. m. (UTC-0500)
Identificador de la entrega:	2740527366



Identificación molecular a través del Código de Barras de ADN de la fauna submareal de la isla Santa (Ancash, PErú) para el fortalecimiento del plan de manejo como reserva natural

INFORME DE ORIGINALIDAD

21 %

INDICE DE SIMILITUD

21 %

FUENTES DE INTERNET

8 %

PUBLICACIONES

7 %

TRABAJOS DEL
ESTUDIANTE

FUENTES PRIMARIAS

1	www.vliz.be Fuente de Internet	3 %
2	repositorio.uns.edu.pe Fuente de Internet	2 %
3	hdl.handle.net Fuente de Internet	1 %
4	docplayer.es Fuente de Internet	1 %
5	cdn.www.gob.pe Fuente de Internet	1 %
6	repositorio.lamolina.edu.pe Fuente de Internet	1 %
7	documentop.com Fuente de Internet	1 %
8	www.fao.org Fuente de Internet	<1 %

DEDICATORIA

A mis padres y hermanos por estar siempre presentes, acompañándome en la lucha diaria para conseguir mis metas, y siendo mi soporte emocional al final del día.

A Gabriela por la paciencia y el buen humor aun cuando a mi se me acababa.

Carmen Gabriela Yzásiga Barrera

AGRADECIMIENTOS

A la Dra. Eliana Zelada Mázmela, asesora de este trabajo, jefa del laboratorio de Genética, Fisiología y Reproducción. Sin su apoyo este trabajo no se hubiera materializado.

Al biólogo Lorenzo Eduardo Reyes Flores, por su apoyo permanente a lo largo de todo el trabajo, en la toma de muestras y en los análisis de datos. Gracias por su amistad y compañerismo.

Al biólogo Luis Enrique Santos Rojas, por su buena disposición en ayudarme a sistematizar los análisis.

A la Magister Karen Danai Rodríguez Bernal, por su disposición a compartir información necesaria para la culminación de mi trabajo.

A todos los miembros del laboratorio, que de alguna manera me acompañaron durante este largo proceso de ejecución de la tesis, Julissa Sánchez, José Carranza, Rosmery Rodríguez, Irina Alvarez, Claudia Ingar, Erick Valiente, Jhoel Gonzalez, gracias por su apoyo en la obtención de muestras, procesamiento de datos y por ser mis amigos.

El presente trabajo fue realizado con el apoyo del Círculo de Investigación: “Catalogando la biodiversidad marina del Perú código de barras de ADN para el estudio, conservación y uso sostenible de los recursos”, y ejecutado en el Laboratorio de Genética, Fisiología y Reproducción de la Universidad Nacional del Santa.

Carmen Gabriela Yzásiga Barrera

ÍNDICE

	Pag.
Dedicatoria	vi
Agradecimiento	vii
Resumen	xvii
Abstrac	xviii
Introducción	1
CAPÍTULO I: Problema de Investigación	5
1.1. Planteamiento y fundamentación del problema de investigación	5
1.2. Antecedentes de la investigación	11
1.3. Formulación del problema de investigación	15
1.4. Delimitación del estudio	15
1.5. Justificación e importancia de la investigación	15
1.6. Objetivos de la investigación	19
1.6.1. Objetivo general	19
1.6.2. Objetivos específicos	19
CAPÍTULO II: Marco teórico	20
2.1. Fundamentos teóricos de la investigación	20
2.1.1. Áreas Naturales protegidas	20
2.1.2. La Reserva Nacional de Sistemas de Islas, Islotes y Puntas Guaneras (RNSIIPG)	21
2.1.3. Isla Santa	24
2.1.4. Marcadores Moleculares	25
2.1.5. ADN mitocondrial (mtADN)	26
2.1.6. Código de Barras de ADN	28
2.1.7. Consorcio para el Código de Barras de la Vida (CBOL)	31
2.2. Marco conceptual	32
2.2.1. Árbol Bayesiano	32
2.2.2. Área Natural protegida (ANP)	32
2.2.3. Barcoding gap o <i>barcode gap</i>	32
2.2.4. BIN (Barcode Index Numbers)	33
2.2.5. Biodiversidad	33

2.2.6. Capital natural	34
2.2.7. Centro de Origen	34
2.2.8. Centro de diversificación	34
2.2.9. Cladograma	34
2.2.10. Conservación	35
2.2.11 Delimitación de especie	35
2.2.12 Distancia genética	36
2.2.13 Diversidad genética	36
2.2.14 Ecosistema	37
2.2.15 Ecosistema submareal	37
2.2.16 Especie	38
2.2.17 Fenotipo y genotipo	38
2.2.18 Filogenia	38
2.2.19 Gen	39
2.2.20 Gestión ambiental	39
2.2.21 Hábitat	39
2.2.22 Identificación molecular	39
2.2.23 PCR	40
2.2.24 Material genético	40
2.2.25 MOTU (Molecular operational taxonomic Units)	40
2.2.26 Objetos de conservación	40
2.2.27 Parque Nacional	40
2.2.28 Plasticidad fenotípica	41
2.2.29 Reserva nacional	41
2.2.30 Recursos genéticos	41
2.2.31 Vouchers	41
CAPITULO III: MARCO METODOLÓGICO	42
3.1. Hipótesis central de la investigación	42
3.2. Variables e indicadores de la investigación	42
3.2.1 Variable	42
3.2.1.1. Definición conceptual	42
3.2.1.2. Definición operacional	42
3.2.2. Variable	42

3.2.2.1. Definición conceptual	42
3.2.2.2. Definición operacional	42
3.2.3. Indicadores	43
3.3. Métodos de la investigación	43
3.4. Diseño o esquema de la investigación	43
3.5. Población y muestra	44
3.6. Técnicas e instrumentos de la investigación	44
3.6.1. Toma de muestras	44
3.6.2. Procedimiento para la recolección de datos	44
3.6.3. Extracción y evaluación de la calidad de ADN	46
3.6.4. Cuantificación de ADN	48
3.6.5. Amplificación por PCR del gen COI	49
3.6.6. Secuenciación	50
3.7. Técnicas de procesamiento y análisis de los datos	50
3.7.1. Análisis espacial y temporal de la diversidad biológica por muestreo y estación	50
3.7.2. Edición de secuencias	51
3.7.3. Alineamiento de secuencias y generación de la matriz de secuencias	51
3.7.4. Identificación de secuencias consensos en BOLD y GenBank	51
3.7.5. Delimitación de especies	52
3.7.6. Análisis filogenético	52
3.7.7. Cálculo de las distancias interespecíficas e intraespecíficas	53
3.7.8. Determinación de bacorde gap	53
3.7.9. Ingreso de datos en el BOLD SYSTEMS y generación del BIN	53
3.7.10. Generación del catálogo de especies identificadas, mediante fichas descriptivas.	54
CAPÍTULO IV: Resultados y Discusión	55
4.1. Resultados	55
4.1.1. Colecta de organismos e identificación taxonómica	55

4.1.2. Análisis espacial y temporal de la diversidad biológica por muestreo y estación	56
4.1.3. Edición y alineamiento de secuencias	58
4.1.3. Búsqueda e Identificación de secuencias en Bold System y Genbank	59
4.1.4. Delimitación de especies y análisis filogenético	66
4.1.5. Cálculo de las distancias interespecíficas e intraespecíficas y Barcode gap	74
4.1.7. Generación del catálogo de especies identificadas, mediante fichas descriptivas	77
4.2. Discusión	78
CAPÍTULO V: CONCLUSIONES Y RECOMENDACIONES	90
5.1. Conclusiones	90
5.2. Recomendaciones	91
Referencias bibliográficas	93
Anexo 1: Catálogo ilustrado de la fauna submareal de la Isla Santa	116

-

LISTA DE TABLAS

	Pag
Tabla 1: Categorías de áreas naturales protegidas en el Perú y su equivalencia con las categorías de la UICN.	22
Tabla 2: Georreferencias de las estaciones de muestreo y caracterización del sustrato, según Hooker (2011), para la colecta de fauna submareal en el lado este de la Isla Santa.	45
Tabla 3: Secuencias de primers y temperatura de hibridación utilizados para el gen mitocondrial Citocromo oxidasa I (COI).	48
Tabla 4: Organismos recolectados durante el estudio, pertenecientes a la fauna submareal de la isla Santa.	55
Tabla 5: Resultados del análisis PERMANOVA aplicado a la matriz de disimilitud de Bray-Curtis	57
Tabla 6 Identificación de bivalvos de la fauna submareal de la isla Santa en la base de datos Genbank y BOLD system	60
Tabla 7. Identificación de gasterópodos de la fauna submareal de la isla Santa en la base de datos GenBank y BOLD system	61
Tabla 8. Identificación de poliplacóforos de la fauna submareal de la isla Santa en la base de datos GenBank y BOLD system.	63
Tabla 9. Identificación de equinodermos de la fauna submareal de la isla Santa en la base de datos GenBank y BOLD system.	64
Tabla 10. Identificación de cnidarios de la fauna submareal de la Isla Santa en la base de datos GenBank y BOLD system.	64
Tabla 11. Identificación de cefalópodos de la fauna submareal de la Isla Santa en la base de datos GenBank y BOLD system.	65
Tabla 12. Identificación de artrópodos de la fauna submareal de la Isla Santa en la base de datos GenBank y BOLD system	65
Tabla 13. Identificación de poríferos de la fauna submareal de la isla Santa en la base de datos GenBank y BOLD system.	65

Tabla 14. Distancias genéticas K2P de la clase Bivalvia. Obtenidos para PTP, bPTP y GMYC MOTUs	74
Tabla 15. Distancias genéticas K2P de la clase Gasteropoda. Obtenidos para PTP, bPTP y GMYC MOTUs	75
Tabla 16. Distancias genéticas K2P de la clase Polyplacophora. Obtenidos para PTP, bPTP y GMYC MOTUs	76

LISTA DE FIGURAS

	Pag.
Figura 1: Modelo conceptual de manejo y monitoreo ambiental en la Reserva Nacional Sistema de Islas, Islotes y Puntas Guaneras.	11
Figura 2: Reserva Nacional de Sistemas de Islas, Islotes y Puntas Guaneras (RNSIIPG).	23
Figura 3. Localización geográfica de la isla Santa – Perú.	24
Figura 4. Mapa del genoma mitocondrial humano.	27
Figura 5. Etapas del proceso de Código de Barras de ADN, abarca desde la recolección de especímenes hasta la gestión, validación y publicación de los datos en repositorios internacionales.	30
Figura 6. Distribución esquemática hipotética de frecuencia de distancias genéticas dentro y entre especies.	33
Figura 7. Zonificación oceánica: provincias pelágicas y bentónicas	37
Figura 8. Ubicación de las estaciones de muestreo (E _x) en la Isla Santa.	45
Figura 9. Formato de registro de extracción de ADN establecido por el LFGyR.	46
Figura 10. Gel de agarosa al 1% obtenido con el fotodocumentador Thermo Scientific, en el que se observan las bandas de ADN extraído de ocho ejemplares de <i>Crosata ventricossa</i> , procedentes de la isla Santa.	48
Figura 11 Análisis de las Coordenadas Principales (PCoA) basada en la disimilitud de Bray - Curtis por muestreo y por estación de muestreo, mostrando la variación en la fauna submareal de la isla Santa	57

Figura 12. Edición de secuencia en CodonCode. La figura muestra un ejemplo de secuencia de buena calidad	58
Figura 13. Matriz de alineamiento de secuencias consenso, generadas en el software CodonCode.	58
Figura 14. Árbol bayesiano de los organismos de la clase Bivalvia, que muestra la agrupación en cinco MOTUs obtenidos por los análisis de delimitación de especies usando los modelos PTP, bPTP, GMYC y los algoritmos de agrupación de especies ABGD y BIN.	66
Figura 15. Árbol bayesiano de los organismos de la clase Gasteropoda, que muestra la agrupación en siete MOTUs obtenidos por los análisis de delimitación de especies usando los modelos PTP, bPTP, GMYC y los algoritmos de agrupación de especies ABGD y BIN.	67
Figura 16. Árbol bayesiano de los organismos de la clase Polyplacophora, que muestra la agrupación en tres MOTUs obtenidos por los análisis de delimitación de especies usando los modelos PTP, bPTP, GMYC y los algoritmos de agrupación de especies ABGD y BIN.	68
Figura 17. Árbol bayesiano de organismos de la fauna submareal de la isla Santa que muestra la agrupación en 19 MOTUs obtenidos por los análisis de delimitación de especies usando los modelos PTP, bPTP, GMYC y los algoritmos de agrupación de especies ABGD y BIN.	69
Figura 18. Árbol ultramétrico construido en el programa BEAST 2.4 mostrando la agrupación en 20 MOTUs de organismos de la fauna submareal de la isla Santa.	72
Figura 19. <i>Barcode gap</i> encontrado entre las especies pertenecientes a la clase Bivalvia. Los puntos por encima de la línea puntuada muestran que la distancia mínima interespecífica es mayor que la máxima intraespecífica.	75
Figura 20. <i>Barcode gap</i> encontrado entre las especies pertenecientes a la clase Gasteropoda. Los puntos por encima de la línea	76

puntuada muestran que la distancia mínima interespecífica es mayor que la máxima intraespecífica.

Figura 21. *Barcode gap* encontrado entre las especies pertenecientes a la clase Polyplacophora. Los puntos por encima de la línea puntuada muestran que la distancia mínima interespecífica es mayor que la máxima intraespecífica. 77

RESUMEN

El estudio tuvo como objetivo identificar y caracterizar molecularmente la fauna submareal de la isla Santa mediante el gen mitocondrial COI, con el propósito de actualizar el conocimiento taxonómico y genético de las especies y contribuir al fortalecimiento del plan de manejo de la Reserva Nacional de Islas, Islotes y Puntas Guaneras. En total se colectaron 163 organismos a los que se les extrajo ADN utilizando el método del fenol cloroformo. La calidad y cantidad del ADN se evaluó mediante electroforesis y espectrofotometría, respectivamente, y el gen mitocondrial *COI* fue amplificado por PCR convencional, enviándose los amplicones a secuenciar a Macrogen – USA. Se obtuvieron 105 secuencias consensos de las cuales 88 presentaron una identidad $\geq 99\%$ en el BoldSystem y NCBI. Los análisis de distancia genética (K2P) y delimitación de especies (PTP, bPTP, GMYC y ABGD) confirmaron la existencia de 19 MOTUs, que representan unidades taxonómicas operativas correspondientes a diferentes especies. Se elaboró un catálogo ilustrado de las especies identificadas molecularmente, que contiene sus fichas taxonómicas descriptivas y el código de barras de ADN.

Palabras claves: Código de barra de ADN, áreas naturales protegidas, fauna submareal.

ABSTRACT

The study aimed to identify and molecularly characterize the subtidal fauna of Santa Island using the mitochondrial COI gene, with the purpose of updating the taxonomic and genetic knowledge of the species and contributing to the strengthening of the management plan of the National Reserve of Islands, Islets, and Guaneras Points. A total of 163 organisms were collected, and DNA was extracted using the phenol–chloroform method. DNA quality and quantity were evaluated through electrophoresis and spectrophotometry, respectively. The mitochondrial COI gene was amplified by conventional PCR, and the amplicons were sequenced at MacroGen – USA. A total of 105 consensus sequences were obtained, of which 88 showed an identity of $\geq 99\%$ in BOLD Systems and NCBI. Genetic distance (K2P) and species delimitation analyses (PTP, bPTP, GMYC, and ABGD) confirmed the existence of 19 MOTUs, representing operational taxonomic units corresponding to different species. An illustrated catalog of the identified species was developed, including descriptive taxonomic profiles and their corresponding DNA barcode.

Keywords: DNA barcoding, protected natural areas, subtidal fauna.

INTRODUCCIÓN

El Perú es reconocido como un país megadiverso, caracterizado por una notable variabilidad ecosistémica, específica y genética. En su territorio se encuentran 84 de las 104 zonas de vida del planeta, y su mar constituye una de las cuencas pesqueras más importantes a nivel global (Ministerio del ambiente [MINAM], 2018, p. 1). Sin embargo, los estudios orientados a caracterizar su biodiversidad y valorar sus servicios ecosistémicos siguen siendo limitados (Consejo Nacional de Ciencia, Tecnología e Innovación Tecnológica [CONCYTEC], 2016, p. 12). Persisten vacíos significativos en las investigaciones sobre la diversidad de especies (MINAM, 2019), lo que evidencia la necesidad de desarrollar estudios que permitan identificar y clasificar organismos de manera inequívoca, estableciendo bases sólidas para el diseño de estrategias de uso sostenible de estos recursos.

Los beneficios de la biodiversidad son múltiples y constituyen un activo fundamental para mejorar la calidad de vida de las generaciones presentes y futuras (MINAM, 2014, p. 8; MINAM, 2018, p.38). Singh (2002) señaló que la biodiversidad aporta beneficios económicos, provee servicios esenciales indirectos a través de los ecosistemas naturales y desempeña un papel crucial en la regulación y estabilidad de su funcionamiento (p. 638). Por ello, los cambios en la biodiversidad pueden repercutir en todos los demás servicios ecosistémicos (Alcamo, *et al.*, 2005, p. 8). De igual modo, Daza (2018) sostiene que el conocimiento de la biodiversidad es clave para comprender su dinámica e integrarla en estrategias de uso y desarrollo sostenible (p. 6).

Una estrategia emergente en la gestión ambiental se basa en la necesidad de preservar y manejar los recursos naturales remanentes, así como invertir en la restauración del capital natural degradado, como señalan Aronson *et al.* (2008, p.15) y Gann *et al.* (2019, p. 6), considerando especialmente que el 75 % de los ecosistemas terrestres están alterados (IPBES, 2019 p. 14). Por lo tanto, se deben desarrollar proyectos que permitan restaurar ecosistemas, conservando la biodiversidad y generar servicios sostenibles con beneficios sociales (Chazdon *et al.*, 2017, p.129).

Robainas y García (2012) plantearon que uno de los mecanismos para enfrentar la crisis ecológica es alcanzar un conocimiento integral de las especies presentes en los ecosistemas, a fin de comprender los procesos que en ellos ocurren (p. 1). La desaparición de especies antes de ser identificadas o de conocer su potencial utilidad, evidencia la necesidad de adoptar medidas preventivas para su conservación (Singh, 2002, p. 664). En este sentido, la identificación inequívoca de especies constituye la base de una gestión efectiva de las reservas naturales (Giam, 2017, p. 5576).

Los marcadores moleculares son herramientas eficientes para la identificación y asignación de especies, poblaciones e individuos (Godoy, 2009, p. 27). Permiten detectar la presencia de especies crípticas, investigar la identidad taxonómica de organismos en peligro de extinción y verificar la comercialización ilegal de productos derivados de especies amenazadas (Lanteri, 2007, p. 17). Altamirano y Yañez (2016, p. 7) destacaron que estos análisis son altamente eficaces para resolver problemas taxonómicos en grupos crípticos, esclarecer su filogenia y comprender su filogeografía. En este contexto, Li *et al.* (2020) evidencian que los marcadores moleculares se han utilizado ampliamente en la conservación de especies en peligro de extinción para revelar la variación genética de sus poblaciones y su historia evolutiva, proporcionando información esencial para la elaboración de estrategias de conservación y la implementación de prácticas de restauración (p. 367). Estudios como los de Gostel y Kress (2022, p.3) respaldan su utilidad en la conservación de la biodiversidad y la gestión de recursos genéticos al agrupar especies en comunidades, determinar la extensión y especificidad de las interacciones multiespecies y ubicar los hábitats más ricos evolutivamente para priorizar su conservación y protección.

Entre las técnicas moleculares empleadas para la identificación de especies destaca el Código de Barras de ADN (BARCODE) (Rosales y Moreno, 2016, p. 1; Gostel y Kress, 2022, p.1), el cual utiliza un fragmento estándar de 648 pb del gen mitocondrial citocromo c oxidasa I (COI) para la identificación de especies animales (Daza, 2018, p. 6). Esta técnica se basa en que la variación genética intraespecífica es menor que la interespecífica (Robainas y García, 2008, p. 3), y una de sus ventajas es que emplea información de una misma región génica en todos los taxones, bajo condiciones de secuenciación universalmente

aceptadas y estandarizadas, con una relación costo - eficiencia relativamente favorable (Altamirano y Yañez, 2016, p. 7).

El Código de Barras de ADN proporciona información esencial para el estudio de la estructura y diversidad genética de las poblaciones, ya que permite identificar inequívocamente organismos mediante la comparación de secuencias estandarizadas de ADN (Robainas y García, 2012, p. 6). Su aplicación no se restringe a grupos específicos, sino que posibilita evaluar de manera integral la evolución de las áreas destinadas a conservación (Antil *et al.*, 2023, p. 773). Estos datos son fundamentales para diseñar planes de manejo y conservación, delimitar áreas protegidas y regular la explotación sostenible de especies con relevancia comercial (Nielsen *et al.*, 2022). Asimismo, el uso continuado de esta herramienta facilita la evaluación de la efectividad de las áreas protegidas y el seguimiento de los impactos de las acciones de conservación (Padilla-García *et al.*, 2021, p. 139).

El Perú posee un patrimonio natural excepcional, caracterizado por su alta diversidad biocultural que incluye: ecosistemas únicos, especies endémicas y recursos genéticos clave para la seguridad alimentaria. Esta megadiversidad implica la responsabilidad de implementar estrategias de conservación y uso sostenible que contribuyan a mitigar el cambio climático mediante la provisión de servicios ecosistémicos críticos (MINAM, 2016, p.5).

El Sistema Nacional de Áreas Naturales Protegidas por el Estado (SINANPE) tiene como objetivo contribuir al desarrollo sostenible del Perú mediante la conservación de muestras representativas de su diversidad biológica (Servicio Nacional de Áreas Naturales Protegidas por el Estado [SERNANP], 2021). Este sistema está conformado por 183 áreas naturales protegidas con diferentes niveles de administración, que abarcan más de 22 millones de hectáreas, equivalentes al 14 % del territorio nacional (SERNANP, 2020). Una de estas áreas es la Reserva Nacional de Islas, Islotes y Puntas Guaneras (RNIIPG), dentro de la cual se encuentra la isla Santa.

A pesar de que la RNIIPG cuenta con un Plan Maestro de Gestión (SERNANP, 2016), los estudios orientados a la identificación de la fauna submareal son

escasos, ya que la mayoría de los esfuerzos se ha centrado en la catalogación de aves y mamíferos que habitan la reserva. Una revisión de los objetivos del Plan Maestro revela que no se contempla de manera explícita el desarrollo de inventarios de fauna submareal, aunque sí se reconoce la importancia de conservar la biodiversidad de este ecosistema (SERNANP, 2016, p. 15).

En este sentido, no es posible conservar ni proteger organismos cuya existencia se desconoce o está mal clasificado, lo que limita los intentos por comprender las consecuencias del cambio y la degradación ambiental (Mace, 2004, p. 711).

En este contexto, el presente trabajo tiene como propósito generar información actualizada sobre la diversidad marina, contribuyendo al fortalecimiento del plan de manejo de la RNIIPG. El inventario molecular de la fauna submareal de la isla Santa se plantea como un primer paso estratégico, que considera la conservación efectiva de los ecosistemas marinos y depende del conocimiento detallado de su biodiversidad (Mace, 2004, p. 711). Se espera que los resultados de esta investigación constituyan un insumo técnico-científico que oriente acciones de conservación integrales y sostenibles, en concordancia con las políticas nacionales de gestión de áreas naturales protegidas.

CAPÍTULO I

PROBLEMA DE INVESTIGACIÓN

1.1. PLANTEAMIENTO Y FUNDAMENTACIÓN DEL PROBLEMA DE INVESTIGACIÓN

La vida en nuestro planeta ha experimentado grandes fluctuaciones como resultado de cambios drásticos en las condiciones ambientales y del desequilibrio de los ecosistemas; que, sumados a la actividad antropogénica, han contribuido significativamente a la pérdida de la diversidad biológica a nivel global. Un enfoque paliativo ante esta crisis consiste en alcanzar un conocimiento integral de las especies que habitan los diferentes ecosistemas, para comprender los procesos que en ellos se desarrollan (Robainas y García, 2012, p. 1).

La naturaleza constituye, al mismo tiempo, fuente de recursos y sumidero de los residuos generados por el sistema económico (Gómez-Baggethun y de Groot, 2007, p. 4). Por ello, los ecosistemas y sus componentes deben ser preservados, ya que de su integridad depende también nuestra supervivencia como especie (Esquivel, 2006, p. 188). Uno de los requisitos esenciales para el desarrollo sostenible es la preservación de la diversidad genética, a fin de garantizar la capacidad de respuesta frente al cambio climático (Esquivel, 2006, p. 125), lo cual requiere implementar programas de restauración de ecosistemas degradados y protección de los remanentes naturales (Aronson *et al.*, 2008, p. 22).

Durante la Cumbre de Desarrollo Sostenible de Johannesburgo se destacó que, como parte de la estrategia para alcanzar el desarrollo sostenible, es necesario revertir los procesos que han degradado los ecosistemas; reportándose más de 11 000 especies amenazadas de extinción, más de 800 ya extintas y otras 5 000 que podrían desaparecer si no se adoptan medidas adecuadas de conservación (Esquivel, 2006, p. 108). El interés por la conservación de la diversidad, se ha incrementado de manera notable, otorgando cada vez mayor relevancia al concepto de biodiversidad y a su

papel en el funcionamiento de los ecosistemas (Aronson *et al.*, 2008, p.5). La pérdida de biodiversidad obedece a múltiples factores, entre ellos la expansión agrícola, la sobreexplotación de recursos, la introducción de especies exóticas invasoras (Hoffmann *et al.*, 2010, p. 1503), así como diferentes factores antrópicos y ambientales (Daza y Montenegro, 2018, p. 2) y el deterioro y fragmentación de hábitats. Este fenómeno se considera uno de los mayores riesgos para la humanidad, ya que incrementa la uniformidad biológica, la dependencia de las especies de un número limitado de variables ambientales y la vulnerabilidad frente a plagas y enfermedades (Esquivel, 2006, p. 119).

La biodiversidad comprende la variabilidad de organismos vivos provenientes de cualquier fuente, incluidos los ecosistemas terrestres, marinos y acuáticos, así como los complejos ecológicos de los que forman parte. Abarca la diversidad dentro de cada especie, entre las especies y de los ecosistemas (Naciones Unidas, 1992, p. 7; MINAM, 2016, p. 20). Los componentes de la biodiversidad - genes, especies y ecosistemas - proveen a la sociedad una amplia gama de bienes y servicios, directos o indirectos, con alto valor para la humanidad y deben mantenerse mediante programas de conservación (Brock *et al.*, 2012, p. 27).

En la Cumbre Mundial de Desarrollo Sostenible del 2015, realizada en Nueva York, se aprobó la Agenda 2030 para el Desarrollo Sostenible, reafirmando el compromiso de “proteger el planeta contra la degradación y gestionar de manera sostenible los recursos naturales” (Naciones Unidas, 2015, p. 2). Los Objetivos de Desarrollo Sostenible (ODS) 14 y 15 se refieren a la conservación y uso sostenible de los océanos y los ecosistemas terrestres, en concordancia con las metas de la Convención sobre Diversidad Biológica que debían alcanzarse en 2020 (Sanahuja y Tezanos, 2017, p. 545). Estos objetivos incluyen la protección y gestión sostenible de los ecosistemas marinos y costeros, con una meta mínima del 10 % de áreas protegidas; la regulación efectiva de la pesca, la erradicación de la sobrepesca y la prevención de la contaminación marina (Naciones Unidas, 2015, p. 16).

La Unión Internacional para la Conservación de la Naturaleza (UICN) es la principal organización mundial dedicada a la conservación de la diversidad biológica —genes, especies y ecosistemas— que conforman la biósfera terrestre. Su misión es influir y apoyar a las sociedades de todo el mundo para conservar la integridad de la naturaleza y asegurar que el uso de los recursos naturales sea equitativo y ecológicamente sostenible (UICN, 2020). Entre sus órganos especializados destaca la Comisión Mundial de Áreas Protegidas (CMAP), que establece que las áreas protegidas solo brindarán beneficios si están adecuadamente gestionadas. Dentro de estas se incluyen las Áreas Marinas Protegidas (AMP), que desempeñan un papel vital en la conservación de la diversidad biológica marina (UICN, 2020).

Las áreas protegidas han constituido durante décadas un pilar fundamental de la conservación y posiblemente la estrategia más eficaz para la protección de especies (Shanee *et al.*, 2017, p. 3). Asimismo, las AMP contribuyen a mitigar los impactos de las actividades humanas sobre los ecosistemas marinos, al tiempo que funcionan como zonas de reproducción y exportación de larvas y juveniles hacia zonas de pesca adyacentes (Hooker, 2011, p. 5).

Para la conservación y gestión de un ecosistema es fundamental identificar las especies presentes, sus hábitats y el papel que desempeñan dentro de la red trófica. La presencia o ausencia de depredadores, presas o productores influye directamente en la estabilidad ecológica; por tanto, si una población disminuye o desaparece, el equilibrio del ecosistema se verá afectado, por lo que es crucial que, para la protección de especies y hábitats con funciones ecosistémicos, el primer paso sea la identificación de especies (Brock *et al.*, 2012, p. 9).

El Perú, al ser un país megadiverso (MINAM, 2014, p. 14; MINAM, 2016, p. 20; MINAM, 2018, p. 1), tiene la responsabilidad de conservar y utilizar la diversidad biológica de manera sostenible. Esta condición le otorga ventajas comparativas significativas, tanto por su reconocimiento como centro mundial de recursos genéticos y especies endémicas, como por la presencia

de ecosistemas únicos y cuencas compartidas. Además, posee un alto potencial para contribuir a la mitigación de los efectos del cambio climático (MINAM, 2016, p. 21).

En la Política Nacional sobre Biodiversidad se establecen como lineamientos la conservación de la diversidad de ecosistemas, especies y genes, garantizando el mantenimiento de los procesos ecológicos. Asimismo, se promueve la inclusión de la conservación biológica en los planes y proyectos de desarrollo, y se fomenta el fortalecimiento del conocimiento sobre biodiversidad para que la toma de decisiones públicas y privadas considere su integridad, impulsando el manejo integrado de los ecosistemas marino-costeros (MINAM, 2009, p. 6).

En este marco, el Estado peruano promueve la investigación científica sobre biodiversidad y sus componentes, con el objetivo de generar información que respalde la toma de decisiones para el aprovechamiento sostenible de los recursos naturales. Este compromiso se materializa en acciones orientadas a la protección y recuperación de los ecosistemas, la conservación de especies y la salvaguarda del patrimonio genético (Constitución Política del Perú; Ley General del Ambiente; Ley N.º 29811; Ley N.º 26839).

Asimismo, para proteger la megadiversidad del país, se han creado Áreas Naturales Protegidas (ANP) que conforman el Sistema Nacional de Áreas Naturales Protegidas por el Estado (SINANPE). Actualmente, este sistema está integrado por 75 ANP de administración nacional, 25 de conservación regional y 142 de conservación privada, que en conjunto abarcan aproximadamente 23 050 787 ha a nivel nacional (SERNANP, 2020). Sin embargo, existe un sesgo en la representación de ciertos ecosistemas. Los ecosistemas amazónicos están mejor representados que los costeros y andinos, posiblemente porque estos últimos se perciben como más conflictivos debido a su alta densidad poblacional y significativa actividad económica (MINAM, 2016, p. 27). En el ámbito marino, el sesgo es aún más marcado: solo 403 915,87 ha, equivalentes al 1,75 % del total protegido,

corresponden a reservas naturales marinas (MINAM, 2016, p. 29; SERNANP, 2020, p. 1).

La Reserva Nacional Sistema de Islas, Islotes y Puntas Guaneras (RNSIIPG) fue creada con el objetivo de conservar una muestra representativa de la diversidad biológica de los ecosistemas marino-costeros del mar frío de la Corriente de Humboldt. Asimismo, busca garantizar el aprovechamiento sostenible, promover la participación justa en los beneficios derivados del uso de los recursos y mantener la continuidad del ciclo biológico de las especies que la habitan (SERNANP, 2020, p. 3). La RNSIIPG se extiende por los departamentos de Piura, Lambayeque, La Libertad, Áncash, Lima, Ica, Arequipa y Moquegua, abarcando 140 833,47 ha, con 22 islas y 11 puntas guaneras (SERNANP, 2020, p. 7; MINAM, 2019, p. 15). Comprende zonas donde ocurren procesos ecológicos esenciales, como el afloramiento de nutrientes, la reproducción de lobos marinos y aves guaneras, y el desove de peces e invertebrados, los cuales mantienen la diversidad biológica y favorecen el repoblamiento de recursos pesqueros en zonas adyacentes (SERNANP, 2021). La Isla Santa, ubicada frente a las costas de Áncash, destaca por su alta diversidad biológica y fue incorporada legalmente a la RNSIIPG (Hooker, 2011, p. 6).

La identificación de las especies constituye la base para estimar la diversidad de los ecosistemas y tomar decisiones sobre su manejo y conservación; por ello, este tipo de estudios resulta esencial (Sánchez, 2016, p. 15). Altamirano y Yáñez (2016, p. 7) señalan que, para caracterizar adecuadamente la biodiversidad, es indispensable conocer la identidad de las especies. Sin embargo, el estudio de la diversidad enfrenta limitaciones, entre ellas la escasez de taxonomistas y la complejidad de la identificación morfológica, afectada por la plasticidad fenotípica, las diferencias ontogénicas o el dimorfismo sexual (Giangrande, 2003, p. 456; Hebert *et al.*, 2003, p. 313). De los 10 a 15 millones de especies estimadas, el conocimiento taxonómico actual reconoce alrededor de 1,9 millones (Roskov *et al.*, 2019).

En las últimas décadas, las técnicas basadas en marcadores moleculares han aportado métodos eficaces para la asignación de muestras a especies, poblaciones o individuos. Estas herramientas han demostrado alta eficiencia para resolver problemas taxonómicos en grupos crípticos, así como para apoyar la conservación y gestión de especies amenazadas (Godoy, 2009, p. 23; Lanteri, 2007, p. 16). Una de las técnicas moleculares más empleadas para la identificación de especies es el Código de Barras de ADN (DNA Barcode), que se ha consolidado como herramienta clave para la cuantificación de la biodiversidad a nivel global. Además, esta metodología ha mejorado la forma en que la ciencia se relaciona con la biodiversidad silvestre (Arif y Khan, 2009, p. 12; Paz *et al.*, 2011, p. 163; Von May *et al.*, 2013, p. 351; Daza y Montenegro, 2018, p. 9).

En 2007 se consolidó el proyecto internacional Código de Barras de la Vida (BOL), el cual pone a disposición de los participantes una plataforma en línea desarrollada por Paul Hebert en la Universidad de Guelph, Canadá: BOLD Systems (Barcode of Life Data Systems). En esta base de datos se registran resultados de investigación, secuencias de ADN, información sobre especímenes, imágenes y datos taxonómicos (Arif y Khan, 2009, p. 12).

En el Perú, la limitada información disponible sobre biodiversidad convierte en prioridad la realización de estudios en ecosistemas con altos niveles de diversidad y endemismo (Von May *et al.*, 2013, p. 353), como las Reservas Naturales. El Plan Maestro de la RNSIIPG (SERNANP, 2016, p. 21) señala la necesidad de generar información sobre biodiversidad durante el monitoreo ambiental permanente. En esta línea, Paz *et al.* (2011, p. 2) proponen que “las medidas de gestión de los recursos naturales se orienten a acelerar el inventario de la diversidad biológica, con el fin de comprender el funcionamiento de los ecosistemas e integrar su uso en el desarrollo sostenible”. En concordancia, la normativa de preservación biológica establece tres fines principales: a) documentar la diversidad biológica, b) identificar las amenazas existentes y c) desarrollar técnicas para prevenir la

extinción de las especies, conservando su variabilidad genética” (SERFOR, 2018).

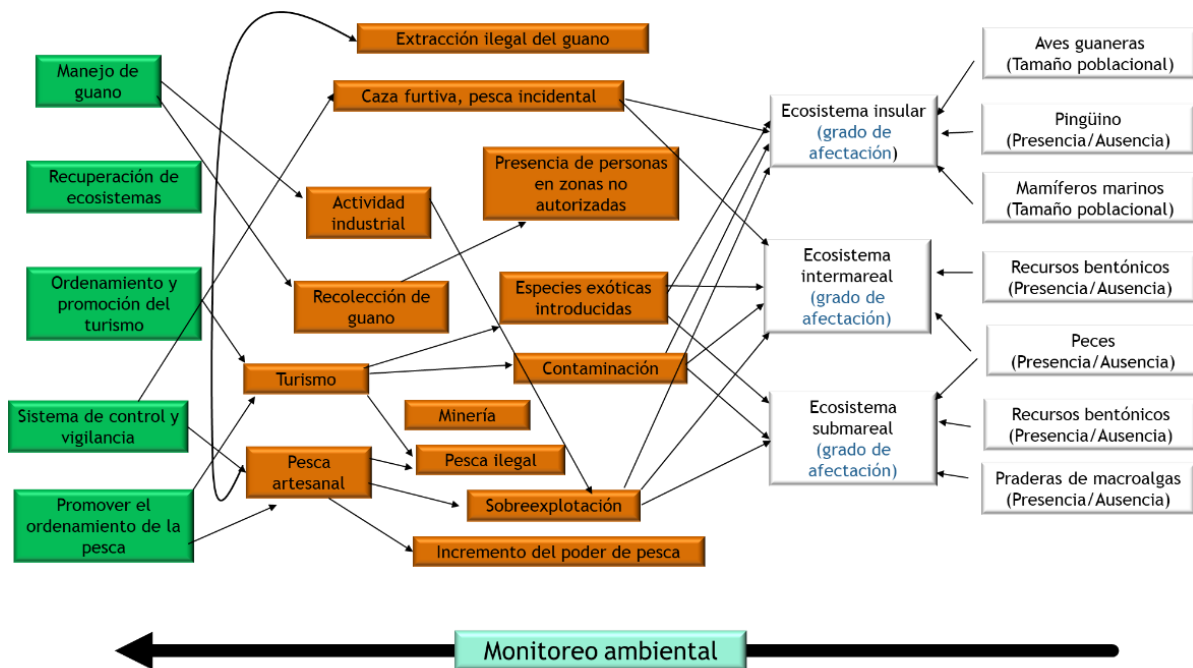


Figura 1. Modelo conceptual de manejo y monitoreo ambiental en la Reserva Nacional Sistema de Islas, Islotes y Puntas Guaneras. Adaptado de SERNANP (2016).

1.2. ANTECEDENTES DE LA INVESTIGACIÓN

Tarazona *et al.* (2003) realizaron una revisión sobre la investigación en biodiversidad marina en el Perú y encontraron que, aunque existe un esfuerzo considerable en el manejo y gestión de las AMP, persisten numerosos vacíos de información a nivel taxonómico y en estudios ecosistémicos. Esta situación refleja una escasez de investigaciones en la mayoría de grupos taxonómicos y comunidades biológicas (p. 206).

En 2016 se publicó el Plan Maestro de la Reserva Nacional Sistema de Islas, Islotes y Puntas Guaneras 2016–2020, en el cual se establecen los objetivos, estrategias, actividades y la zonificación de todas las islas, islotes y puntas guaneras que conforman la reserva (SERNANP, 2016, p. 14). Sin embargo, aun reconociendo la importancia de inventariar la biodiversidad de los ecosistemas, todavía falta describir y catalogar formalmente gran

parte de la diversidad de los componentes de la RNSIIPG, posiblemente debido a la complejidad de su sistema ecológico.

Hooker *et al.* (2011) llevaron a cabo la evaluación de objetos de conservación y la zonificación de la isla Santa como un primer ensayo de ordenamiento, el cual incluyó hábitats intermareales, submareales y terrestres. En dicho estudio se reportaron 144 especies de organismos acuáticos, de las cuales 103 correspondieron a invertebrados y 6 a peces. La mayoría de las especies fueron identificadas mediante taxonomía tradicional a nivel de género, y algunas únicamente a nivel de familia (p. 47).

Pires y Marinoni (2010) señalan, que la descripción e identificación de las especies son procesos fundamentales para la biología, ya que la taxonomía proporciona datos de referencia esenciales para la conservación y los estudios de ecología (p.340). Esta información se emplea en la elaboración de bases de datos sobre diversidad biológica marina y terrestre (Robainas-Barcía y García-Machado, 2012, p. 2).

La identificación biológica a través del Código de Barras de ADN, utilizando el gen mitocondrial del Citocromo Oxidasa sub unidad I (COI), se presenta como una alternativa a la identificación sistemática de las especies a nivel mundial y fue propuesta por Herbert en el 2003 (Gonzáles, J. 2019, p. 9; Robainas-Barcía y García-Machado, 2012, p.2; Rodríguez, 2021, p.7). A partir de esta propuesta, el Código de Barras de ADN se ha convertido en una herramienta eficaz para la identificación rápida y precisa de los organismos, usándose para revelar especies no reconocidas en diversos grupos de animales (Paz *et al.*, 2011, p. 4; Robainas-Barcía y García-Machado, 2012, p. 2; Sáez, 2009, p. 4; Trivedi *et al.*, 2015, p. 2), y se ha empleado también en estudios de identificación de especies y filogenia molecular (Olivares -Paz, 2011, p. 343; Paz, 2011, p. 4; Sánchez, 2016, p. 4).

Como parte de los esfuerzos mundiales para la identificación de especies y la generación de catálogos de biodiversidad, se desarrolló la base de

datos The Barcode of Life Data Systems (BOLD, www.boldsystems.org) (Vera *et al.*, 2012, p. 200). BOLD es una herramienta bioinformática, diseñada para almacenar, acceder y analizar datos de Códigos de Barras de ADN (Ratnasingham y Hebert, 2013, p.356), constituyéndose en una plataforma de referencia precisa para todas las especies vivas (Barcaccia *et al.*, 2015, p. 2). Su objetivo principal es construir una biblioteca completa de secuencias de Códigos de Barras que incluyan a todas las especies en el mundo (Liu *et al.*, 2012, p. 1).

Von May *et al.* (2013, p. 6) destacaron la importancia de aplicar el Código de Barras de ADN en el avance del conocimiento sobre la biodiversidad en el Perú, especialmente mediante el uso de métodos de biología molecular y análisis filogenéticos. De igual manera, Trivedi *et al.* (2015, p. 4) revisaron las perspectivas de esta técnica en la conservación de la biodiversidad marina, con énfasis en la estandarización de los procedimientos y su aplicación en la identificación de poliquetos, crustáceos, copépodos, nemertinos, peces y algas.

En este contexto, el Perú ejecuta un proyecto conjunto con Canadá denominado Código de Barras de ADN para apoyar la conservación de la biodiversidad, su aprovechamiento sostenible y el comercio, cuyo objetivo es construir una biblioteca digital de referencia de códigos de barras de ADN para la fauna y flora peruanas (www.pebol.org/proyecto/proyecto-pebol).

Entre los estudios orientados a fortalecer el conocimiento de la biodiversidad marina peruana se encuentra el de Gonzáles (2019, p. 35), quien identificó, mediante el Código de Barras de ADN, once especies de invertebrados marinos de interés comercial en la bahía El Ferrol, Chimbote – Perú. Asimismo, Rodríguez (2020, p. 49) empleó esta técnica para generar una biblioteca de referencia y contribuir a la delimitación taxonómica de bivalvos, cefalópodos y poliplacóforos presentes en la costa peruana. De forma similar, Ingar (2022) utilizó el Código de Barras de ADN para identificar molecularmente gasterópodos marinos procedentes de

siete departamentos del litoral peruano, concluyendo que esta técnica es eficaz para especies de las subclases Neritimorpha y Heterobranchia.

En Ecuador, el Código de Barras de ADN se emplea en estudios de ecología trófica en las islas Galápagos, debido a que permite identificar especies a partir de cualquier tipo de material biológico. Este método ha posibilitado la identificación de especies presentes en el contenido estomacal de grandes depredadores, lo que facilita determinar, de forma cuantitativa y cualitativa, los impactos causados por depredadores invasivos sobre tres atributos principales de la organización biológica: estructura, composición y función de las comunidades (Altamirano-Benavides y Yáñez, 2016, p. 9).

Asimismo, el uso del Código de Barras de ADN permite detectar errores en la identificación taxonómica de algunas especies. Por ejemplo, Chen y Sun (2013), al analizar las secuencias de nueve especies de quitones en la costa de China, propusieron reclasificar la especie inicialmente identificada como *Ischnochiton hakodadensis* dentro del género *Lepidozona* (p. 171).

Investigaciones como las de Lantery (2007, p. 15), Páiz y Huete (2008, p. 102), Fisher y Smith (2008, p.1), Feng *et al.* (2011, p. 291), Romero y Ramírez (2012, p. 201), Hamsher *et al.* (2011, p. 405), Gebhardt y Kneberlsberger (2015, p. 259) documentan el uso del Código de barras de ADN en la identificación y descripción de diferentes grupos taxonómicos. Dai *et al.* (2012, p. 438) identificaron 34 especies de *Coleoidea*, y Borges *et al.* (2016) aplicaron esta técnica en el estudio en invertebrados marinos.

Raupach *et al.* (2015) identificaron, mediante el Código de Barras de ADN, 205 especies de crustáceos del Mar del Norte, confirmando la eficacia de esta técnica para dicho grupo taxonómico (p. 1). De forma similar, Ward *et al.* (2008, p. 1202) y Bribiesca-Contreras *et al.* (2013, p. 3) la emplearon en la identificación de equinodermos, mientras que Carr *et al.* (2011, p. 1) y Maturana *et al.* (2011, p. 35) la utilizaron en anélidos, y Vargas *et al.* (2012, p. 1) en poríferos.

El uso del Código de Barras de ADN también ha revelado subestimaciones en la diversidad de algunas especies. Ramírez *et al.* (2017) reportaron que la diversidad de la ictiofauna neotropical se encuentra subestimada y, además, identificaron especies crípticas dentro del género *Megaleporinus* (p. 9).

Por otra parte, esta técnica se ha utilizado para identificar especies invasoras. Saunders (2009) reportó la introducción de *Gracilaria vermiculophylla* en Columbia Británica (p. 142), mientras que Crawford *et al.* (2011) identificaron una especie invasora de anfibio en Panamá (p. 65). Asimismo, el Código de Barras de ADN también se ha empleado en el control del tráfico ilegal de especies. Rehman *et al.* (2015, p.19) detectaron la venta ilegal de carne de tortuga (*Lissemys punctata*). Alves *et al.* (2015, p.40) identificaron tasas de sustitución de 100% en filetes de corvina *Cynoscion leiarchus* y 76,6% en filetes de *Plagioscion squamosissimus*, sustituidos en la mayoría de los casos por especies de menor valor comercial. Por su parte Marín *et al.* (2018, p. 1) evidenciaron la comercialización de especies protegidas y amenazadas como el tiburón ballena, así como el caso de etiquetado incorrecto de algunas especies comerciales.

1.3. FORMULACIÓN DEL PROBLEMA DE INVESTIGACIÓN

¿Cuál es la identidad genética de la fauna submareal de la isla Santa (Áncash, Perú) mediante Código de Barras de ADN y su aporte al fortalecimiento del plan de manejo como reserva natural?

1.4. DELIMITACIÓN DEL ESTUDIO

El presente trabajo está delimitado en la zona submareal de la isla Santa, ubicada en la provincia del Santa, Región Ancash – Perú.

1.5. JUSTIFICACIÓN E IMPORTANCIA DE LA INVESTIGACIÓN

La Política Nacional del Ambiente tiene por objetivo mejorar la calidad de vida de las personas garantizando la existencia de ecosistemas saludables, funcionales y viables en el largo plazo. Para ello promueve la prevención,

protección y recuperación del ambiente y sus componentes, así como la conservación y el aprovechamiento sostenible de los recursos naturales, en concordancia con el respeto de los derechos fundamentales de la persona (MINAM, 2009, p. 3).

Entre sus metas para el 2021, esta política estableció que la biodiversidad del país debía ser evaluada, utilizada en forma sostenible, conservada y recuperada mediante la aplicación de instrumentos de gestión adecuados (MINAM, 2009, p. 5). Para cumplir este objetivo, se propuso promover y fortalecer la evaluación, el registro y la valoración de los recursos naturales, la diversidad biológica y los servicios ecosistémicos, involucrando a instituciones, universidades, científicos y organismos de cooperación internacional (MINAM, 2009, p. 6).

En 2021, la Política Nacional del Ambiente al 2030 definió como problema público la “disminución de los bienes y servicios que proveen los ecosistemas, afectando el desarrollo de las personas y la sostenibilidad ambiental” (MINAM, 2021, p. 8). Se identificó la pérdida de diversidad biológica como una de las principales causas de la reducción del bienestar humano (MINAM, 2021, p. 10), reconociendo que los recursos de la biodiversidad son un activo estratégico para el desarrollo presente y futuro del país.

Uno de los objetivos prioritarios de la política ambiental es mejorar la conservación de especies y diversidad genética, particularmente en Áreas Naturales Protegidas (ANP) y otras modalidades de conservación (MINAM, 2021, p. 33). La planificación de estas acciones debe basarse en un conocimiento detallado de los componentes ecológicos, que incluya especies, ecosistemas, hábitats y procesos tanto naturales como antrópicos (Atauri y García, 2012, p. 10).

Asimismo, el SERNANP (2009, p. 205) establece, como línea de política para el ámbito marino–costero, el fortalecimiento de las capacidades de investigación, con especial énfasis en el monitoreo del estado de salud de los ambientes marinos. Para ello, se requiere que las entidades

responsables generen información científica detallada, actualizada y pertinente, que sirva de base para fundamentar decisiones de manejo y conservación. Al respecto Jiang *et al.*, (2024, p. 8) menciona que los servicios ecosistémicos que brindan los ecosistemas marinos conectan a las partes interesadas con las áreas marinas protegidas convirtiéndolas en sistemas socio ecológicos.

Los inventarios de flora y fauna constituyen la base para conocer el estado inicial de un Área Natural Protegida (ANP) y para definir sus estrategias de manejo (Diputación Foral de Bizkaia, 2015, p. 6). En este sentido, el presente trabajo contribuirá al conocimiento de la biodiversidad marina de la RNSIIPG, específicamente de la isla Santa, incorporando las especies identificadas en catálogos digitales de acceso para la comunidad científica nacional e internacional. A partir de este inventario, se buscará establecer estrategias que fortalezcan el plan de manejo de la reserva natural.

Dado que el Perú es reconocido como centro de origen por su gran diversidad genética (MINAM, 2016, p. 22), resulta imprescindible realizar el inventario de las especies presentes en las reservas naturales. En esta línea, uno de los objetivos del Plan Director de las Áreas Naturales Protegidas (ANP) es promover la investigación, el ordenamiento y el monitoreo de la biodiversidad terrestre y marina, así como de los valores culturales de las áreas con representatividad ecológica (SERNANP, 2009, p. 35).

Este plan prioriza la generación de información biológica que contribuya a llenar vacíos de conocimiento, así como la realización de inventarios. Además, impulsa proyectos que incluyan la digitalización y publicación en línea de bases de datos de biodiversidad, con especial atención a las zonas de reserva en el ámbito marino–costero (SERNANP, 2009, p. 141).

La adecuada identificación de especies es fundamental para diseñar estrategias de conservación eficaces (Hooker *et al.*, 2011, p. 7). En este contexto, el Código de Barras de ADN constituye una herramienta poderosa, con gran potencial para incrementar el conocimiento sobre la

biodiversidad marina del Pacífico Suroriental (Ramírez *et al.*, 2020, p. 12). Esta técnica permite identificar organismos, detectar especies crípticas y endémicas, descubrir especies potencialmente nuevas para la ciencia y reconocer variedades únicas, caracterizadas en su mayoría por tener una distribución geográfica restringida (Von May *et al.*, 2013, p. 351).

Por otro lado, Altamirano y Yáñez (2016, p. 10) señalan que el uso del Código de Barras de ADN reduce la ambigüedad en la información sobre el estado de conservación de especies y ecosistemas. La creación de bibliotecas digitales con códigos de barras de ADN de especies endémicas, nativas e introducidas, presentes en áreas protegidas o en ecosistemas frágiles, proporciona una base de datos científica referencial que facilita la correcta identificación de especies, el seguimiento de sus fluctuaciones poblacionales y la determinación de su distribución geográfica en diferentes escalas espacio - temporales. Esta información resulta crucial para la elaboración de planes de manejo y programas de investigación orientados a la conservación de la diversidad biológica.

Paz *et al.* (2011, p. 168) señalan que la disponibilidad de secuencias de ADN para la identificación de especímenes y grupos taxonómicos contribuye significativamente a mejorar el manejo de la biodiversidad y la implementación de planes de conservación. Asimismo, desde 1997, la Ley N.º 26839 sobre la conservación y aprovechamiento sostenible de la diversidad biológica declaró como prioritario y de interés nacional el desarrollo de investigación científica para el conocimiento de las especies de flora, fauna, microorganismos y ecosistemas, mediante inventarios, estudios biológicos y seguimiento ambiental. Esta disposición fue ratificada en la Estrategia Nacional de Diversidad Biológica al 2021.

En 2017 se creó en el Perú el Consorcio de Código de Barras de ADN para especies marinas (PeMar), con el objetivo de generar una biblioteca de referencia que facilite el estudio de la biodiversidad marina (Ramírez *et al.*, 2020, p. 11). El presente trabajo contribuirá a dicha biblioteca incorporando información de especies identificadas molecularmente en la isla Santa.

Por todo lo mencionado anteriormente, el presente trabajo de investigación se justifica por las siguientes razones:

- Contribuye a ampliar y actualizar la información sobre la biodiversidad del ecosistema marino de la isla Santa, mediante la identificación molecular de especies y la generación de un catálogo oficial de especies registradas con código de barras de ADN.
- Proporciona una base de referencias para futuras investigaciones ecológicas y para el diseño de estrategias de manejo, en el marco del Plan Maestro de la RNSIIPG.
- Aporta datos que facilitan la toma de decisiones con respecto a la zonificación de la isla Santa, como parte de su plan de manejo en calidad de área natural protegida.

1.6. OBJETIVOS DE LA INVESTIGACIÓN

1.6.1. OBJETIVO GENERAL

Identificar molecularmente, a través del Código de Barras de ADN la fauna submareal de la isla Santa, para ser usada en el fortalecimiento del plan como reserva natural.

1.6.2. OBJETIVOS ESPECÍFICOS

- Determinar la distancia genética intra e interespecíficas de la fauna submareal de la isla Santa, utilizando el gen *COI*.
- Identificar las Unidades Taxonómicas Operativas Moleculares (MOTUs) a partir de las secuencias obtenidas, empleando los métodos de delimitación de especies Poisson Tree Processes model (PTP), Bayesian implementations of the Poisson Tree Processes model (bpTP), Generalized Mixed Yule Coalescent model (GMYC) y Automatic Barcode Gap Discovery (ABGD).
- Construir árboles bayesianos de la fauna submareal de la isla Santa, para diferenciar las agrupaciones de MOTUs.
- Elaborar un catálogo ilustrado de especies de la fauna submareal de la isla Santa, identificadas taxonómica y molecularmente.

CAPÍTULO II

MARCO TEÓRICO

2.1. FUNDAMENTOS TEÓRICOS DE LA INVESTIGACIÓN

2.1.1. ÁREAS NATURALES PROTEGIDAS.

La Unión Internacional para la Conservación de la Naturaleza (UICN) define las áreas naturales protegidas como un espacio geográfico claramente delimitado, reconocido, dedicado y gestionado mediante medios legales u otros mecanismos eficaces, con el fin de lograr la conservación a largo plazo de la naturaleza, sus servicios ecosistémicos y los valores culturales asociados (UICN, 2020).

La UICN ha establecido seis categorías de áreas protegidas (Tabla 1) que reflejan el grado de intervención humana en el manejo de las reservas: Reserva Natural Estricta (Categoría I), Parque Nacional (Categoría II), Monumento o Rasgo Natural (Categoría III), Área de manejo de hábitat o especies (Categoría IV), Paisaje terrestre o marino protegido (Categoría V) y Área protegida con uso sostenible de recursos naturales (Categoría VI) (UICN, 2020).

Las áreas naturales protegidas son espacios delimitados por el Estado para conservar ecosistemas, diversidad biológica y bellezas paisajísticas, así como el patrimonio cultural del país. Su establecimiento permite preservar hábitats, especies raras y amenazadas, paisajes de alto valor y formaciones geológicas notables. Además, brindan oportunidades para la educación, la investigación científica, la recreación y el turismo (Sociedad Peruana de Derecho Ambiental, 2015, p. 3).

En el Perú, en 2008 se creó el Servicio de Áreas Naturales Protegidas por el Estado (SERNANP) como organismo público técnico especializado, adscrito al Ministerio del Ambiente y ente rector del Sistema Nacional de Áreas naturales protegidas por el Estado (SINANPE). Este sistema está conformado por las Áreas Naturales Protegidas de administración nacional (ANP), y se complementa con las Áreas de Conservación Regional (ACR) y las Áreas de Conservación Privada (ACP) (MINAM, 2016, p. 12).

Las categorías específicas de áreas naturales protegidas en el Perú, designadas por el SERNANP, y su equivalencia con las categorías establecidas por la UICN, se presentan en la Tabla 1.

Tabla 1: Categorías de áreas naturales protegidas en el Perú y su equivalencia con las categorías de la UICN.

Categoría	UICN		Características	SERNANP
	Designación			Designación
I	Reserva estricta.	Natural	No se permite la intervención del hombre.	---
II	Parque Nacional		Protección con instalaciones para visitantes.	Parque Nacional
III	Monumento o Rasgo Natural.			Santuario histórico
IV	Área de manejo de hábitat o especies.		Intervención del hombre.	Reserva paisajista
V	Paisaje terrestre o marino protegido.			
VI	Área protegida con uso sustentable de recursos naturales.		Permite el uso de recursos naturales para beneficio de las poblaciones locales.	Refugio de vida silvestre; Reserva nacional; Reserva comunal; Bosques de protección; Cotos de caza

Nota. Adaptado de UICN (2020) y Ministerio del Ambiente (2016). Las categorías específicas designadas por el SERNANP se muestran junto a su correspondencia con la clasificación de la Unión Internacional para la Conservación de la Naturaleza (UICN). El guion (—) indica que no existe designación equivalente en el Perú para esa categoría.

2.1.2. LA RESERVA NACIONAL DE SISTEMAS DE ISLAS, ISLOTES Y PUNTAS GUANERAS (RNSIIPG)

La Reserva Nacional de Sistemas de Islas, Islotes y Puntas Guaneras (RNSIIPG) es un área natural protegida establecida mediante el Decreto Supremo N.º 024-2009-MINAM (MINAM, 2016, p. 12) (Fig. 2). Su ámbito incluye los ambientes marinos situados dentro de las dos millas alrededor de cada una de sus unidades, lo que abarca la mayoría de las comunidades marinas o biocenosis pelágicas (de aguas abiertas) y bénticas (de fondo), donde son abundantes las poblaciones de algas

(MINAM, 2016, p. 12). A continuación, se describe la fauna y vegetación característica de estas biocenosis.

- Biocenosis pelágica o de aguas abiertas:

Posee fauna variada y en gran parte propia. Entre los mamíferos marinos se encuentran 25 especies de cetáceos, así como lobos marinos, gatos marinos y diversas aves de amplia distribución, como albatros, petreles y golondrinas de tempestad. También se registran aves que utilizan los ambientes pelágicos para su alimentación, como piqueros y alcatraces. Además, habitan en esta biocenosis tortugas marinas y peces como la anchoveta, sardina, bonito, jurel, caballa, cojinovas, machete, pejerrey, lorna y corvina (SERNANP, 2020).

- Biocenosis béntica o de fondo marino:

Se estima la existencia de cerca de 900 especies de peces marinos, además de 872 especies de moluscos y 296 de crustáceos registradas hasta la fecha (SERNANP, 2020).

- Biocenosis de playas y orillas marinas:

Las aves más representativas incluyen el guanay, el piquero, el camanay y el pelícano o alcatraz. También se observan especies como el pingüino de Humboldt, el gallinazo, el gallinazo cabeza roja y el cóndor. Entre las gaviotas comunes se encuentran la peruana y la dominicana. En esta biocenosis también habitan lobos marinos y la nutria marina (SERNANP, 2020).

El objetivo de la RNSIIPG es conservar una muestra representativa de la diversidad biológica de los ecosistemas marinos costeros del mar frío de la corriente de Humboldt, asegurando la continuidad del ciclo biológico de las especies que en ella habitan (SERNANP, 2020).



Figura 2. Reserva Nacional de Sistemas de Islas, Islotes y Puntas Guaneras (RNSIIPG). Tomado de Servicio Nacional de Áreas Naturales Protegidas por el Estado (SERNANP), <https://www.sernanp.gob.pe/sistema-de-islas-islotes-y-puntas-guaneras>

2.1.3. ISLA SANTA

La isla Santa se ubica frente a la caleta de Coishco y la bahía del mismo nombre, en la provincia de Santa, departamento de Áncash, y forma parte de la RNSIIPG (Hooker, 2011, p. 7). Tiene una superficie aproximada de 1,42 km², presenta una forma alargada, con una longitud máxima de 2,9 km, una anchura máxima de 1,1 km y una altitud máxima de 141 m s. n. m. (Fig. 3) (Ayala *et al.*, 2008, p. 17). Esta isla constituye un importante punto biogeográfico para la anidación de diversas especies de aves guaneras de gran relevancia en el Perú.

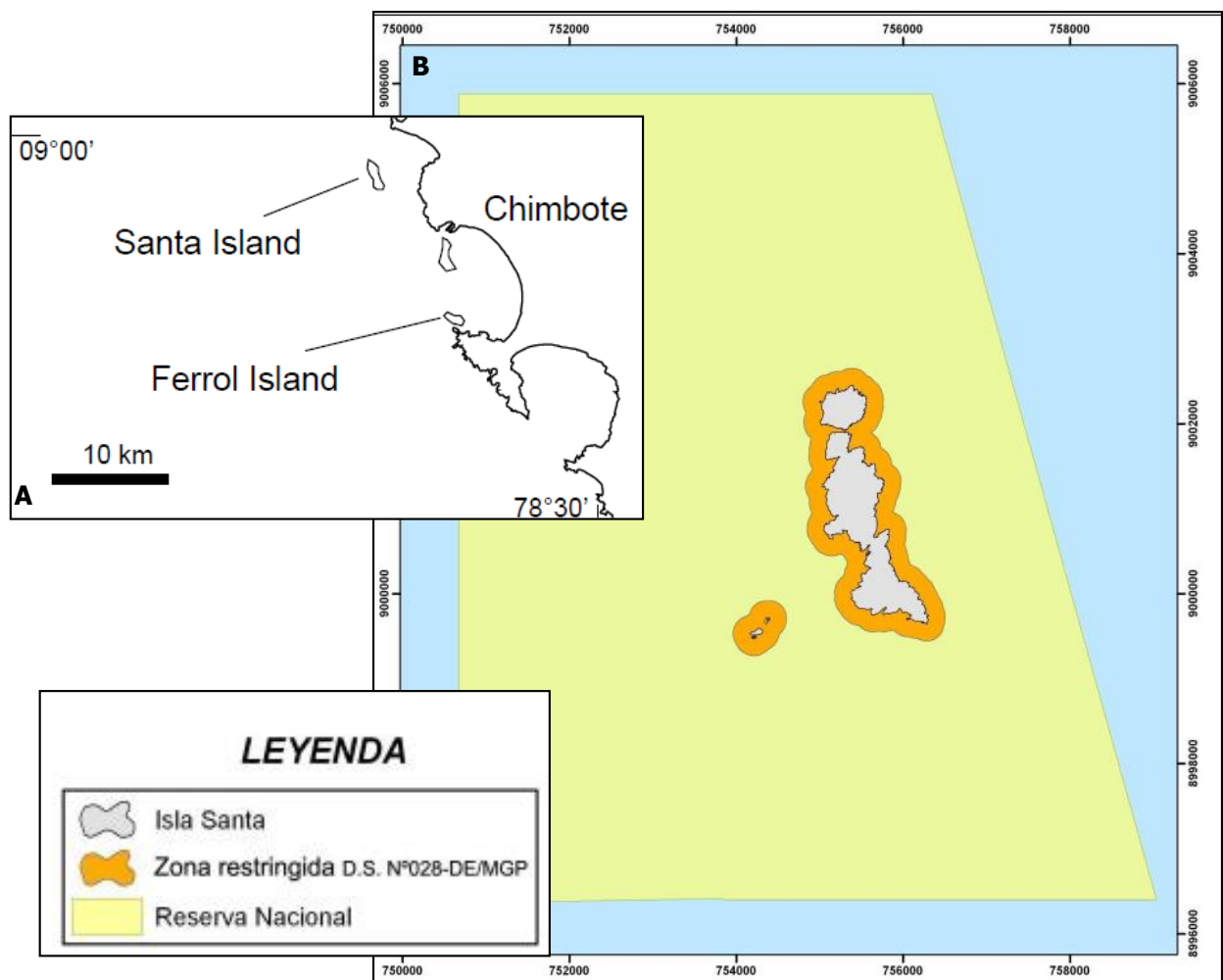


Figura 3. Localización geográfica de la isla Santa – Perú.

Adaptado de A: Ayala *et al.* (2008, p. 118); y B: Hooker (2011, p. 18).

La costa este de la isla presenta laderas rocosas, con una geomorfología típica de orillas poco expuestas al oleaje. En contraste, el lado oeste se caracteriza por la presencia de acantilados, especialmente hacia el sector sur, donde la fuerza del oleaje ha erosionado la isla formando paredes abruptas. Las playas son escasas; las únicas existentes son de canto rodado, de pequeño tamaño y expuestas directamente al oleaje (Hooker *et al.*, 2011, p. 17).

En la isla Santa se han registrado 14 especies de aves y 3 especies de mamíferos marinos, así como 103 especies de invertebrados subacuáticos, tanto intermareales como submareales. Además, pescadores artesanales han reportado la captura de 21 especies de peces en la zona (Hooker, 2011, p. 47).

2.1.4. MARCADORES MOLECULARES

La definición de marcador molecular corresponde a un fragmento de ADN o al producto de su expresión que presenta polimorfismo, es decir, que posee al menos dos variantes distinguibles de dicho fragmento. Su transmisión de padres a hijos puede rastrearse mediante observación directa o a través de técnicas moleculares específicas (Cortés y Lucero, 2009, p. 89)

Alcántara (2007, p. 42) señala que los marcadores moleculares se emplean ampliamente en campos como la evolución, la ecología, la biomedicina, las ciencias forenses y los estudios de diversidad biológica. De manera similar, Arif y Khan (2009, p. 9) los consideran herramientas indispensables para la identificación de especies, el análisis de variación genética y los estudios de biodiversidad, debido a su alta precisión y reproducibilidad.

El principal argumento a favor de su uso es su carácter universal. En muchos casos, cuando se requiere comparar líneas genéticas, no es posible formular hipótesis basadas en similitudes morfológicas. Sin embargo, todos los genomas celulares poseen genes, como los ribosomales, que proporcionan información útil para reconstrucciones

filogenéticas, información que no puede inferirse a partir de caracteres morfológicos (Alcántara, 2007, p. 541).

Los diferentes tipos de marcadores se distinguen por su capacidad para detectar polimorfismos en *loci* únicos o múltiples y pueden clasificarse como dominantes o codominantes (Alcántara, 2007, p. 543). Se emplean tanto genes del genoma mitocondrial como del nuclear (Freire *et al.*, 2007, p. 120; Arif y Khan, 2009; Piñeiro, 2015, p. 3).

Existe una variada gama de marcadores de ADN, como el ADN polimórfico amplificado al azar (APAA); marcadores de repetición de secuencia (principalmente microsatélites), polimorfismo de longitud de los fragmentos de amplificación (AFLP) y polimorfismo de un solo nucleótido (SNPs) (FAO, 2010, p. 398). Con respecto a los marcadores de ADN mitocondrial que se utilizan son ADN_r12S, ADN_r16S, Citocromo b, Región control RC, y Citocromo Oxidasa I (*COI*), (Freire *et al.*, 2007, p. 122; Arif y Khan, 2009, p. 11).

2.1.5. ADN MITOCONDRIAL (mtADN)

El ADN mitocondrial (mtADN) es una molécula circular, cerrada y bicatenaria, que presenta replicación semiconservativa, ausencia de proteínas cromosomales y carece de repeticiones de gónicas (Montenegro, 2018, p. 9). Se trata de una molécula pequeña, con un tamaño que varía entre 15 a 17 kb (Alcántara, 2007), compuesta por una región codificante (dos genes de ARNs, 22 de ARNt y 13 genes que codifican proteínas) y una región no codificante (Vásquez, 2007, p. 444) (Fig.4).

El mtADN es especialmente relevante para estudios de filogeografía y análisis de la estructura genética poblacional relacionada con el linaje, debido a que se hereda generalmente de forma uniparental por línea materna y no presenta recombinación. Estas características permiten inferir cambios demográficos y de patrones de dispersión entre especies (Alcántara, 2007, p. 544; Piñeiro, 2015, p.3).

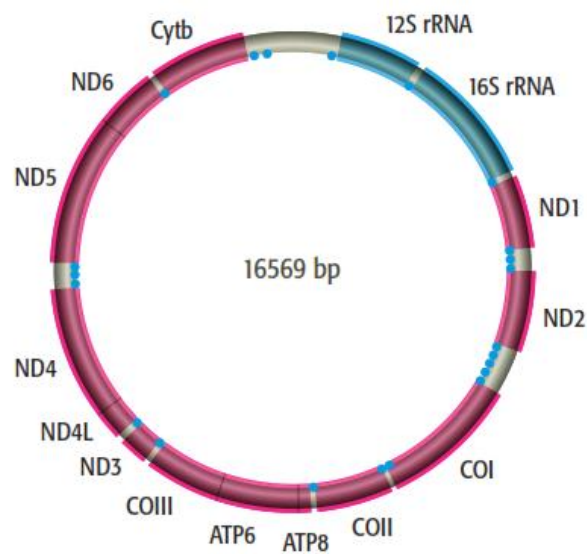


Figura 4. Mapa del genoma mitocondrial humano. Abreviaciones: ATP6 y ATP8, genes para la subunidad 6 y 8 de la ATPasa; *COI*, *COII* y *COIII*: genes para Citocromo Oxidasa C, subunidades I, II y III; *Cytb*: gen para Citocromo b; ND1-ND6: genes para NADH subunidades 1 – 6.

Tomado de Brown (2007, p. 239)

La selección del genoma mitocondrial como marcador molecular se fundamenta en que es el más utilizado en estudios poblacionales de eucariotas, debido a que presenta múltiples copias de mtADN en cada célula (Galtier *et al.*, 2009, p. 4541; Freire, 2007, p. 120; Piñeiro, 2015, p. 3; Loyola, 2020, p. 7).

Además, posee características como su condición haploide, el alto nivel de conservación de su contenido entre diferentes eucariotas, la escasa duplicación génica, la ausencia de intrones y la presencia de regiones intergénicas relativamente cortas.

Entre las propiedades que hacen del ADN mitocondrial (ADNmt) un marcador molecular particularmente útil se encuentra su alto grado de polimorfismo y su elevada tasa de mutación, características que le permiten evolucionar con mayor rapidez que el ADN nuclear de copia simple. La mayoría de las variaciones observadas en el ADNmt corresponden a sustituciones nucleotídicas, mientras que las modificaciones en la longitud de la molécula son relativamente

infrecuentes. Además, el ADN mitocondrial se transmite casi exclusivamente por vía materna y, en general, no presenta recombinación genética intermolecular, lo que garantiza una herencia lineal y estable a lo largo de las generaciones. Finalmente, la mayoría de los individuos son homoplásmicos, es decir, poseen un único tipo prevalente de ADNmt en todas sus células, condición que facilita la interpretación de los análisis genéticos y la comparación entre individuos o poblaciones (Runil, 2014, p. 6).

Estas características permiten a los biólogos reconstruir relaciones evolutivas dentro de una especie como entre distintas especies, evaluando las pautas de mutación del mtADN. Asimismo, los marcadores mitocondriales pueden facilitar la rápida detección de eventos de hibridación entre especies o subespecies (FAO, 2010, p. 401; Montenegro, 2018, p. 10).

2.1.6. CÓDIGO DE BARRAS DE ADN

El Código de Barras de ADN, es una herramienta diseñada para identificar de forma rápida y precisa las especies a partir de una secuencia corta y estandarizada de ADN (Herbert, 2003, p. 313; Pires y Marinoni, 2010, p. 340; Paz *et al.*, 2011, p.163). Fue propuesto por Herbert y colaboradores como una técnica molecular estandarizada para la identificación ágil de especímenes, mediante el análisis de una misma región génica en todos los taxones, bajo condiciones de secuenciamiento universalmente aceptadas y estandarizadas (Paiz y Huete, 2008, p. 106; Burelo *et al.*, 2012, p. 61; Altamirano y Yáñez, 2016, p. 7).

El objetivo inicial de esta metodología, es identificar un espécimen desconocido en términos de una clasificación taxonómica previamente establecida. En este sentido, el Código de Barras de ADN complementa, y no reemplaza ni invalida, las prácticas taxonómicas tradicionales para la identificación de especies (Bucklin *et al.*, 2011, p. 472).

Entre sus principales ventajas destaca la capacidad de trabajar con fragmentos de material biológico, lo que permite la identificación de especies a partir de muestras incompletas, dañadas o inmaduras. Solo se requiere una pequeña porción del espécimen, evitando la necesidad de sacrificar al individuo. Además, constituye una herramienta valiosa para la identificación de especies crípticas, ya que puede revelar una divergencia genética significativa dentro de organismos morfológicamente similares (Páiz y Huete, 2008, p. 108; Altamirano y Yáñez, 2016, p. 8; Montenegro, 2018, p. 13).

En términos generales, un proyecto de Código de Barras de ADN debe contemplar tres componentes fundamentales que garantizan la validez científica, la reproducibilidad y la trazabilidad de los resultados obtenidos (Fig 5). De acuerdo con Páiz y Huete (2008, p. 107), Burelo *et al.* (2012, p. 61) y Altamirano y Yáñez (2016, p. 8), el primer componente corresponde a los especímenes biológicos, los cuales constituyen la base física del proceso de identificación genética. Estos pueden obtenerse a partir de museos de historia natural, colecciones científicas, zoológicos, bancos de tejidos, repositorios institucionales o mediante campañas de muestreo en campo, siempre bajo criterios de representatividad taxonómica, trazabilidad geográfica y cumplimiento de normativas éticas y ambientales para la recolección.

El segundo componente se refiere a los análisis de laboratorio, que comprenden una secuencia de procedimientos técnicos destinados a la obtención y caracterización del ADN. Estas etapas incluyen la extracción del material genético, su amplificación mediante la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) y el posterior secuenciamiento del marcador genético.

Finalmente, el tercer componente corresponde a la base de datos molecular, en la que se almacenan, organizan y validan las secuencias obtenidas de los especímenes analizados. Este repositorio constituye un sistema de referencia que permite la comparación de secuencias nuevas con aquellas previamente

registradas, facilitando la identificación taxonómica, la detección de especies crípticas y la evaluación de la variabilidad genética intra e interespecífica. Bases de datos internacionales como el Barcode of Life Data System (BOLD) y el GenBank del NCBI son plataformas esenciales en este proceso, ya que integran información genética con datos morfológicos, geográficos y ecológicos, contribuyendo a la construcción de un inventario global de la biodiversidad y al fortalecimiento de estrategias de conservación ambiental basadas en evidencia molecular.

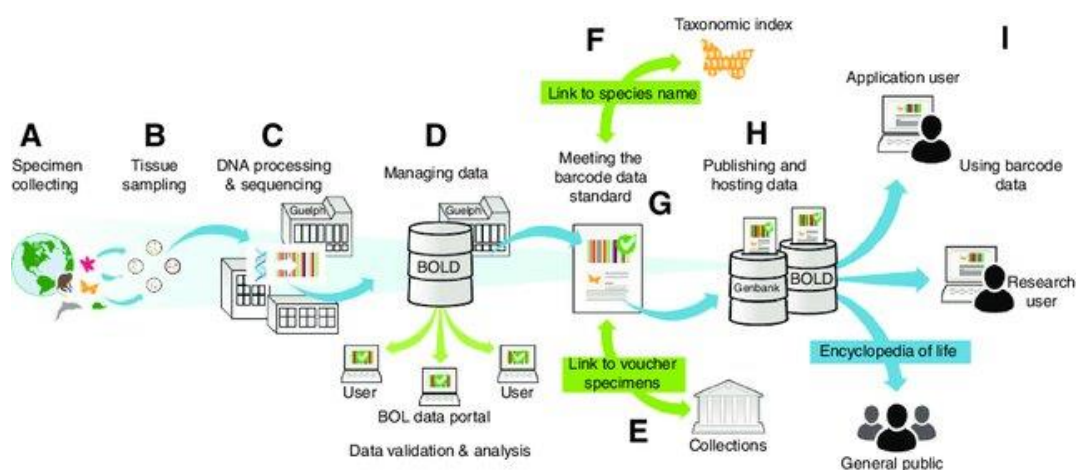


Figura 5. Etapas del proceso de Código de Barras de ADN, abarca desde la recolección de especímenes hasta la gestión, validación y publicación de los datos en repositorios internacionales.

Tomado de <https://www.wildlife.com/home/services/barcode-of-life.html>

El ADN mitocondrial (ADNmt) se ha consolidado como una de las principales fuentes de marcadores moleculares empleados en la técnica de Códigos de Barras de ADN debido a sus características estructurales y funcionales que optimizan la identificación biológica. Paz y Huete (2008) señalaron que el uso de genes mitocondriales en esta metodología responde a diversos criterios biológicos y técnicos. En primer lugar, las células contienen un número considerablemente mayor de copias de ADNmt en comparación con el ADN nuclear, incrementando la probabilidad de éxito en la recuperación de material

genético a partir de muestras de pequeñas o degradadas; y, en segundo lugar, el ADNmt exhibe un nivel elevado de divergencia en las secuencias entre especies distintas, facilitando la discriminación taxonómica; y, presenta una baja variabilidad intraespecífica, lo que refuerza su poder de resolución para la delimitación interespecífica.

Este marcador permite identificar entidades por debajo del nivel de especie, las cuales pueden considerarse unidades de conservación separadas o potencialmente nuevas especies (Páiz y Huete, 2008, p. 106; Arif y Khan, 2009, p. 12; Sáez, 2009, p. 4).

Para obtener una identificación eficiente basada en el COI, los perfiles generados deben cumplir con tres condiciones: ser únicos para cada especie, los haplotipos de una misma especie deben agruparse en un solo clado y la distancia genética intraespecífica debe ser inferior al 4 % (Romero y Ramírez, 2012, p. 202).

2.1.7. CONSORCIO PARA EL CÓDIGO DE BARRAS DE LA VIDA (CBOL)

Es una organización internacional creada con el objetivo de elaborar un proyecto internacional (iBOL) que tiene como meta general producir en 5 años 5 millones de códigos de barras de 500 000 especies, que permitirá generar una biblioteca de referencia global de secuencias, que permitirá a los no taxónomos identificar cualquier ejemplar biológico a partir de un fragmento de tejido del cual se pueda extraer ADN (Paiz y Huete, 2008, p. 107; Burelo *et al.*, 2012, p. 61).

De acuerdo a Gebhardt y Knebelsberger (2015) el éxito de un sistema mundial de identificación de especies basado en códigos de barras de ADN depende de la disponibilidad y calidad de las bibliotecas de referencia de códigos de barras. Debido a esto se creó una base de datos de acceso abierto denominado Barcode of Life Data Systems (Bold, <http://www.boldsystems.org>), destinada a la adquisición, mantenimiento y análisis de secuencias de códigos de barra de ADN (260 p.).

2.2 MARCO CONCEPTUAL

2.2.1. ÁRBOL BAYESIANO

Un árbol filogenético bayesiano representa la historia evolutiva de un grupo taxonómico determinado y se construye mediante métodos estadísticos basados en modelos de evolución molecular que incorporan conocimiento a priori sobre los caracteres moleculares, estimando la probabilidad de qué tan adecuadamente la matriz de caracteres explica las relaciones evolutivas representadas en los árboles. La principal ventaja de este tipo de análisis es que su construcción utiliza el algoritmo Markov Chain Monte Carlo (MCMC), el cual optimiza los cálculos estadísticos al realizar búsquedas a través de un número reducido de árboles según sus probabilidades posteriores, disminuyendo la demanda de poder computacional y acelerando la obtención del árbol filogenético final (Peña, 2011, p. 266).

2.2.2. ÁREA NATURAL PROTEGIDA (ANP)

Se entiende como Área Natural Protegida, a un área definida geográficamente que haya sido designada o regulada y administrado a fin de alcanzar objetivos específicos de conservación (CDB, 1992, p. 6). Son espacios continentales y/o marinos del territorio nacional reconocidos, establecidos y protegidos legalmente por el Estado debido a su importancia para la conservación de la diversidad biológica y demás valores asociados de interés cultural, paisajístico y científico, así como por su contribución al desarrollo sostenible del país (Decreto Supremo N° 038-2001-AG, 2001, p. 4).

2.2.3. BARCODING GAP O BARCODE GAP

Se considera al *barcode gap* como un criterio de calidad y una medida de precisión del Código de Barras de ADN. El barcoding gap o *barcode gap*, es la diferencia que existe entre la distancia interespecífica más alta y la distancia intraespecífica más baja (Fig. 6), estableciéndose que cuanto mayor sea la diferencia entre éstas, la discriminación específica será más acertada (Meyer y Paulay, 2005, p. 3).

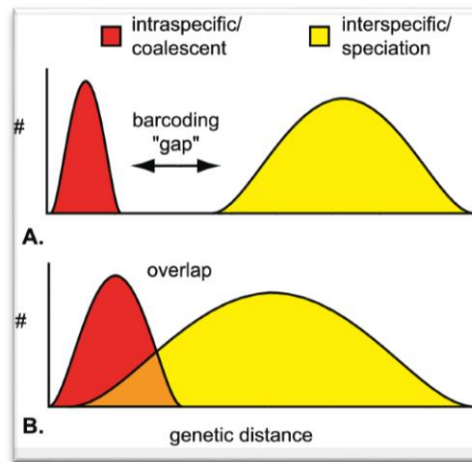


Figura 6. Distribución esquemática hipotética de frecuencia de distancias genéticas dentro y entre especies. A) El espacio formado por las distribuciones discretas de la variación intraespecífica (rojo) y la variación interespecífica (en amarillo) muestra un barcode gap. (B) Distribuciones superpuestas entre variación intra e interespecífica y sin barcode gap.

Tomado de Meyer y Paulay (2005, p. 3)

La ausencia de un barcode gap, puede deberse a una identificación errónea, contaminación del ADN o antecedentes evolutivos reales como: hibridación, clasificación de linaje incompleta o especiación reciente (Gebhardt y Knebelsberger, 2015, p. 263).

2.2.4. BIN (*Barcode Index Numbers*)

Es un sistema taxonómico provisional. El código de barras de ADN se agrupa algorítmicamente generando una página web para cada grupo taxonómico (Trivedi, *et al.*, p. 72). Es un sistema que permite verificar la identificación de especies, así como para documentar la diversidad cuando falta información taxonómica (Ratnasingham y Hebert, 2013, p. 3).

2.2.5. BIODIVERSIDAD

La biodiversidad o diversidad biológica se define como “la variabilidad entre los organismos vivientes de todas las fuentes terrestres, marinos y de otros ecosistemas acuáticos, así como los complejos ecológicos de los que forman parte; incluyendo además la diversidad dentro de las

especies, entre especies y de ecosistemas” (Moreno, 2001, p. 13). El término comprende, por tanto, diferentes escalas biológicas: desde la variabilidad en el contenido genético de los individuos y las poblaciones, el conjunto de especies que integran grupos funcionales y comunidades completas, hasta el conjunto de comunidades de un paisaje o región (Moreno, 2001, p. 13).

2.2.6. CAPITAL NATURAL

El capital natural se refiere al conjunto de recursos naturales, la tierra y los ecosistemas que proporcionan un flujo de bienes y servicios con valor económico (Gómez – BAGGETHUM y Groot, 2007, p.6). Los recursos naturales y los servicios ambientales proporcionados por el ecosistema se consideran como un bien de capital posibilitando su incorporación a los modelos de crecimiento y, de esta manera, formalizar el concepto de sustentabilidad en relación con el crecimiento económico (Rodríguez, 2001, p. 111).

2.2.7. CENTRO DE ORIGEN

Es la zona geográfica donde una especie domesticada o silvestre adquirió por primera vez sus propiedades específicas, y puede compartir su ámbito de distribución con otras especies emparentadas cercanas (Ley N° 26839, 1997, p. 2).

2.2.8. CENTRO DE DIVERSIFICACIÓN

Es la zona geográfica que contiene un nivel elevado de diversidad genética en condiciones *in situ*, a nivel intra e interespecífico (Ley N° 26839, 2017, p. 2).

2.2.9. CLADOGRAMA

Es un diagrama ramificado que indica las relaciones filogenéticas al interior de un grupo biológico. Contiene un número *n* de taxones terminales los cuales forman el grupo de estudio o grupo interno; además hay un taxón que es el grupo externo y sirve para enraizar el árbol. El grupo hermano es el taxón que está más cercanamente emparentado con otro (Castillo – Cerón y Goyenechea, 2007, p. 145).

2.2.10. CONSERVACIÓN

En el contexto ambiental, conservación se define como la gestión de la biósfera con limitaciones económicas y sociales, produciendo bienes y servicios para los seres humanos sin devastar la diversidad natural y reconociendo la dinámica natural de los sistemas biológicos (Esquivel, 2006, p. 133).

2.2.11. DELIMITACIÓN DE ESPECIE

De acuerdo con De Queiroz (2007, p. 881), una especie puede definirse como un linaje de metapoblaciones que evoluciona de manera independiente de otros linajes y que mantiene su propia identidad evolutiva.

En este marco, la delimitación de especies constituye el proceso mediante el cual se identifican los límites genéticos y evolutivos que separan dichas entidades biológicas, con el propósito de determinar si las poblaciones analizadas pertenecen a una misma especie o a linajes distintos. Desde un enfoque molecular, la delimitación se apoya en la comparación de secuencias genéticas y en la inferencia de relaciones evolutivas basadas en árboles filogenéticos, lo que permite estimar el grado de divergencia entre poblaciones o taxones (Zhang *et al.*, 2013, p. 2870).

Dos de los métodos más empleados, en la delimitación de especies son el Generalized Mixed Yule - Coalescent (GMYC) y el Bayesian Poisson Tree Processes (bPTP).

El método GMYC, desarrollado por Fujisawa y Barraclough (2013), modela la estructura de ramificaciones en un árbol de genes como una combinación de dos procesos: un proceso Yule (especiación) para las ramas entre especies, y un proceso de coalescencia dentro de especies. La delimitación mediante GMYC depende de identificar un umbral de divergencia donde el modelo cambia del régimen de coalescencia al de especiación (p. 708).

Por otro lado, bPTP constituye una extensión bayesiana del modelo PTP (Poisson Tree Processes). Mientras que el PTP clásico emplea la longitud de las ramas de un árbol de máxima verosimilitud para inferir límites de especies sin requerir un árbol ultramétrico (Zhang *et al.*, 2013, p. 2870), el bPTP introduce soporte bayesiano para los nodos del árbol, estimando probabilidades de que cada nodo represente una separación entre especies. Los nodos con valores elevados de soporte bayesiano indican que todas las descendientes de ese nodo probablemente pertenecen a la misma especie, lo que aumenta la confianza en la delimitación (Alitto *et al.*, 2019).

2.2.12. DISTANCIA GENÉTICA

La distancia genética (D) mide las diferencias de alelos acumuladas por *locus*. Si la tasa de sustitución de genes por año es constante, se relaciona linealmente con el tiempo de divergencia entre poblaciones en aislamiento sexual. También se relaciona linealmente con la distancia geográfica o el área en algunos modelos de migración. Dado que D es una medida del número acumulado de diferencias de codones por *locus*, también se puede estimar a partir de datos sobre secuencias de aminoácidos en proteínas incluso para especies relacionadas lejanamente. Por lo tanto, si se dispone de suficientes datos, la distancia genética entre cualquier par de organismos se puede medir en términos de D. Esta medida es aplicable a cualquier tipo de organismo sin importar la ploidía o el esquema de apareamiento (Nei, 1972, p. 283).

2.2.13. DIVERSIDAD GENÉTICA

Es el componente más básico de la biodiversidad, se refiere a las variaciones heredables que ocurren en cada organismo, entre los individuos de una población y entre las poblaciones dentro de una especie, en condiciones naturales más o menos estables (Rimieri, 2017, p. 8). Según Klug *et al.* (2006) la diversidad genética se debe considerar en dos niveles: diversidad interespecífica, referida al número de especies vegetales y animales presentes en un ecosistema; y, la diversidad intraespecífica, que está referida al nivel de variación genética

que se da entre individuos dentro de una población o de una especie (779 p.).

2.2.14. ECOSISTEMA

Complejo dinámico de comunidades vegetales, animales y de microorganismos y su medio no viviente que interactúan como una unidad funcional (Naciones Unidas, 1992, p.7).

2.2.15. ECOSISTEMA SUBMAREAL

Corresponde al ámbito marino, inicia en la línea de baja marea y se prolonga hasta el fondo marino, está permanentemente cubierta por el agua de mar (Trivedi, *et al.*, 2016, p. 6; SERNAMP, 2016, p.19) (Figura 7).

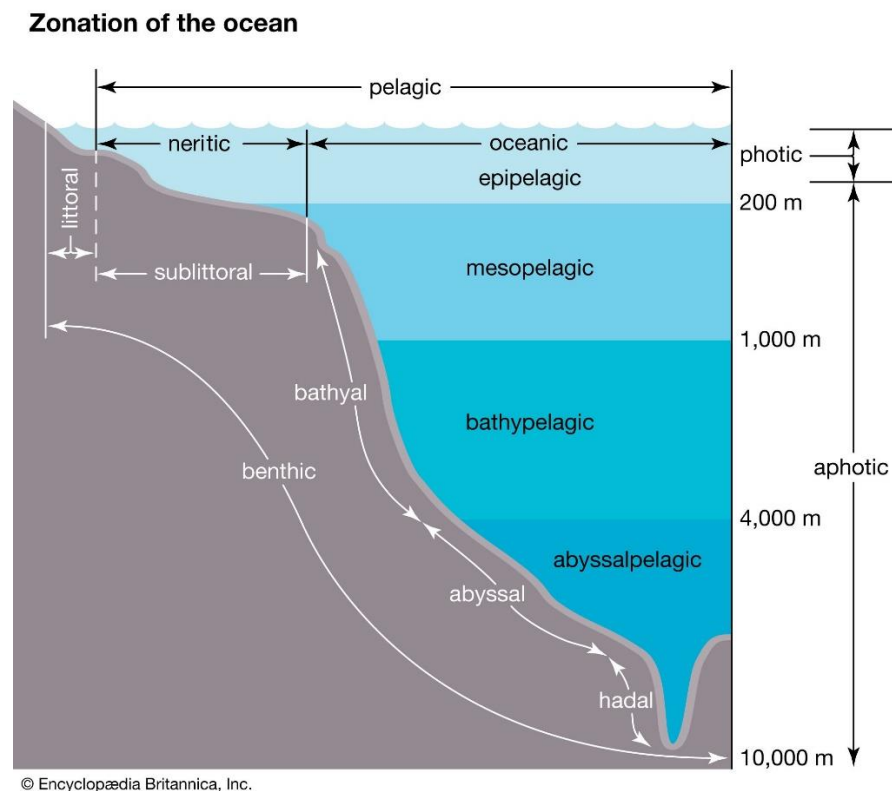


Fig. 7. Zonificación oceánica: provincias pelágicas y bentónicas
Tomado de <https://www.britannica.com/science/benthic-division>

2.2.16. ESPECIE

La especie es la unidad fundamental de la biología, comparables en importancia a los genes, células y los organismos. Son considerados como linajes que evolucionan por separado, se aísla reproductivamente de otros linajes y ocupa un nicho ecológico específico (De Queiroz, 2007, p. 881).

2.2.17. FENOTIPO Y GENOTIPO

El fenotipo son las propiedades observables de un organismo controladas genéticamente (Klug, *et al.* 2006, p. 803). Genotipo es el alelo concreto o constitución genética de un organismo; a menudo, la composición alélica de uno o de un número limitado de genes que se está investigando (Klug *et al.*, 2006, p. 804).

2.2.18. FILOGENIA

La filogenia constituye el estudio de las relaciones evolutivas entre organismos o grupos taxonómicos, permitiendo reconstruir la historia de divergencia y ancestralidad común a partir de datos morfológicos, moleculares o genómicos. Desde una perspectiva genética, la filogenia busca representar estas relaciones mediante árboles evolutivos que reflejan los patrones de cambio en las secuencias de ADN o proteínas a lo largo del tiempo (Page & Holmes, 1998). Esta aproximación proporciona un marco interpretativo esencial para comprender la evolución adaptativa, la especiación y la organización jerárquica de la biodiversidad.

En el ámbito de la biología molecular y la gestión ambiental, la filogenia molecular ha adquirido una importancia fundamental, ya que posibilita inferir relaciones taxonómicas precisas y respaldar la identificación de especies a través de secuencias genéticas homólogas. Lemey, Salemi y Vandamme (2009) destacan que los métodos filogenéticos contemporáneos integran modelos estadísticos y herramientas computacionales que permiten estimar las probabilidades de parentesco evolutivo basadas en datos genómicos,

generando representaciones robustas de las relaciones entre especies

2.2.19. GEN

Es la unidad física fundamental de la herencia, cuya existencia se puede confirmar por las variantes alélicas y que ocupa un lugar específico en el cromosoma. (Klug *et al.*, 2006, p. 804).

La definición molecular de gen menciona que, un gen, es el conjunto de regiones del DNA de cualquier tipo, estructurales (intrones y exones) y reguladoras, necesarias para codificar y expresar un producto génico, sea este un ARN maduro de cualquier tipo o una proteína funcional (Herráez, 2012, p. 110).

2.2.20. GESTIÓN AMBIENTAL

Proceso permanente y continuo, constituido por el conjunto estructurado de principios, normas técnicas, procesos y actividades, orientado a administrar los intereses, expectativas y recursos relacionados con los objetivos de la política ambiental y alcanzar así, una mejor calidad de vida y el desarrollo integral de la población, el desarrollo de las actividades económicas y la conservación del patrimonio ambiental y natural del país (MINAM, 2005, p. 27).

2.2.21. HÁBITAT

Ambiente en el que existen naturalmente un organismo o una población (Naciones Unidas, 1992, p. 7).

2.2.22. IDENTIFICACIÓN MOLECULAR

Está referido al reconocimiento de los organismos independientemente de las características morfológicas (caracteres visibles), sino únicamente, a través de sus secuencias de ADN (Paz *et al.*, 2011, p.6).

2.2.23. PCR (POLYMERASE CHAIN REACTION, REACCIÓN EN CADENA DE LA POLIMERASA)

Es una técnica que permite la amplificación de un gen o fragmento de ADN, y resulta de la aplicación práctica de tres conceptos: desnaturalización del ADN para obtener moléculas monocatenarias; hibridación específica de la molécula monocatenaria con un oligonucleótido, y; replicación de la molécula monocatenaria mediante una ADN polimerasa que emplea el oligonucleótido anterior como cebador, también se puede denominar elongación o extensión del cebador, o polimerización (Herráez, 2012, p. 201).

2.2.24. MATERIAL GENÉTICO

Todo material de origen vegetal, animal, microbiano o de otro tipo que contenga unidades funcionales de la herencia (Naciones Unidas, 1992, p. 7).

2.2.25. MOTU (MOLECULAR OPERATIONAL TAXONOMIC UNITS)

Grupo de secuencias de ADN que actúan como representantes de los genomas de los que se derivan, generados mediante un algoritmo explícito (Jones, 2011 p. 1).

2.2.26. OBJETOS DE CONSERVACIÓN

Componentes y procesos clave en el funcionamiento del ecosistema, cuyo mantenimiento en un estado de conservación favorable es objetivo de la gestión, y es, por tanto, motivo de las medidas de gestión ambiental (Atauri y García, 2012, p. 23).

2.2.27. PARQUES NACIONALES

Son las regiones establecidas para la protección y conservación de las bellezas escénicas naturales y de la flora y fauna de importancia nacional, de las que el público pueda disfrutar mejor al ser puestas bajo vigilancia oficial (Organización de Estados Americanos, 1940, p. 1).

2.2.28. PLASTICIDAD FENOTÍPICA

La plasticidad fenotípica (PF), es la habilidad que posee un mismo genotipo para producir diferentes fenotipos en respuesta a diferentes condiciones ambientales (Palacio - López y Rodríguez-López, 2007, p. 188).

2.2.29. RESERVA NACIONAL

Son todas las regiones establecidas para la conservación y utilización, bajo vigilancia oficial, de las riquezas naturales, en las cuales se dará a la flora y la fauna toda protección que sea compatible con los fines para los que son creadas estas reservas (Organización de Estados Americanos, 1940, p. 1).

2.2.30. RECURSOS GENÉTICOS

Todo material de naturaleza biológica que contiene información genética de valor o utilidad real o potencial (MINAM, 2012, p. 8).

2.2.31. VOUCHERS

Hace referencia al espécimen de un taxón, que es colectado de su hábitat, etiquetado, fotografiado, fijado en formalina y finalmente depositado en una colección (Trivedi *et al.*, 2016, p.8).

CAPÍTULO III

MARCO METODOLÓGICO

3.1. HIPÓTESIS CENTRAL DE LA INVESTIGACIÓN

Al ser una investigación descriptiva, la hipótesis está implícita.

3.2. VARIABLES E INDICADORES DE LA INVESTIGACIÓN

3.2.1. VARIABLE

Especies identificadas molecularmente de la fauna submareal de la isla Santa.

3.2.1.1. DEFINICIÓN CONCEPTUAL

Conjunto de especies marinas presentes en el ecosistema submareal de la isla Santa, cuya identidad taxonómica ha sido determinada mediante Código de Barras de ADN.

3.2.1.2. DEFINICIÓN OPERACIONAL

Número total de unidades taxonómicas operativas, identificadas a nivel de especie, género o familia, con base en la comparación de las secuencias genéticas obtenidas con las referencias depositadas en bases de datos como BOLD o GenBank.

3.2.2. VARIABLE

Código de Barras de ADN

3.2.2.1 DEFINICIÓN CONCEPTUAL

Técnica molecular de identificación biológica que utiliza una corta secuencia estándar del ADN genómico, altamente conservada dentro de cada grupo taxonómico, para distinguir especies y evaluar la diversidad biológica.

3.2.2.2. DEFINICIÓN OPERACIONAL

La variable se operacionalizará mediante la extracción de ADN a partir de tejidos de los especímenes recolectados, seguida de la amplificación del gen marcador mitocondrial COI (Cytochrome Oxidase I) mediante la técnica de reacción en cadena de la polimerasa (PCR). Posteriormente, las secuencias obtenidas

serán purificadas y secuenciadas para su análisis bioinformático, comparándose con bases de datos moleculares de referencia (p. ej., BOLD Systems y GenBank) con el fin de establecer la asignación taxonómica y determinar la correspondencia entre los perfiles genéticos y las unidades taxonómicas operativas.

3.2.3. INDICADORES

Variables	Dimensiones	Indicadores	Valores finales	Tipo de variable
Especies identificadas molecularmente de la fauna submareal de la isla Santa	Biológica	Delimitación de especies	N° de MOTUS	Numérica
		Secuencias del gen <i>COI</i> .	Número de pares de bases.	Numérica
Códigos de Barras de ADN	Biológica	Distancias intraespecíficas.	%	Numérica
		Distancias interespecíficas.	%	Numérica
		Inferencia bayesiana	Árbol	Numérica

3.3. MÉTODOS DE LA INVESTIGACIÓN

Método descriptivo – comparativo

3.4. DISEÑO O ESQUEMA DE LA INVESTIGACIÓN

El presente estudio adoptó un diseño no experimental, de tipo descriptivo – comparativo, dado que se observaron y describieron las características genéticas de los organismos sin manipular variables, comparando las secuencias obtenidas entre especies para identificar diferencias y establecer límites taxonómicos precisos (Hernández-Sampieri *et al.*, 2022, p. 244).

3.5. POBLACIÓN Y MUESTRA

Población: Constituida por la fauna submareal de la isla Santa.

Muestra: Constituida por 163 organismos pertenecientes a la fauna submareal de la isla Santa, recolectados en cinco estaciones de muestreo del lado Este de la isla Santa.

3.6. TÉCNICAS E INSTRUMENTOS DE LA INVESTIGACIÓN

3.6.1. TOMA DE MUESTRAS

Se realizaron dos muestreos. El primer muestreo se llevó a cabo en abril de 2017 y el segundo muestreo se desarrolló en agosto de 2018.

La recolección de organismos se realizó de manera manual, mediante la técnica de buceo semiautónomo, recolectándose todos los organismos presentes en cada estación de muestreo previamente definida.

3.6.2. PROCEDIMIENTO PARA LA RECOLECCIÓN DE DATOS

El establecimiento de las estaciones de muestreo se basó en el estudio de Hooker *et al.* (2001, p.7) (Fig. 8). Se consideraron cinco estaciones de muestreo en el lado este de la isla, asegurando la representatividad de todos los tipos de sustrato presentes en el área y su accesibilidad.



Figura 8. Ubicación de las estaciones de muestreo (E_x) en la isla Santa.

Los organismos recolectados fueron colocados en baldes plásticos, separados por cada estación, y preservados con alcohol al 96 %, hasta su procesamiento en el laboratorio. Las estaciones fueron georreferenciadas con un GPS marca Garmin (Tabla 2).

Tabla 2: Georreferencias de las estaciones de muestreo para la colecta de fauna submareal en el lado este de la Isla Santa.

Estación	Latitud	Longitud	Tipo de sustrato (Hooker, 2011)
1	9° 2.406' S	78° 40.172' O	Conchuela gruesa
2	9° 2.203' S	78° 40.313' O	Arena y conchuela fina
3	9° 2.203' S	78° 40.450' O	Rocoso
4	9° 1.519' S	78° 40.246' O	Fangoso
5	9° 1.151' S	78° 40.501' O	Rocoso

Las muestras fueron transportadas al Laboratorio de Genética, Fisiología y Reproducción (LFGyR) de la Universidad Nacional del Santa (UNS) para su procesamiento. Se realizó un registro fotográfico de un ejemplar representativo de cada grupo de organismos con el fin de facilitar su identificación taxonómica.

Se seleccionó un ejemplar de cada grupo taxonómico como voucher, el cual fue colocado individualmente en frascos de vidrio con formol al 10 % y enviado al Instituto del Mar del Perú (IMARPE) – Callao, Perú, para su identificación taxonómica basada en caracteres morfológicos, empleando claves de identificación (Álamo y Valdivieso, 1987, pp. 1–11, 88–154; Paredes *et al.*, 1998, pp. 133–142; IMARPE, 2015, pp. 6–23; Paredes *et al.*, 2016, pp. 131–150; Uribe *et al.*, 2013, pp. 161–165, 211–230; Aldea y Valdovinos, 2005, pp. 382–396) y contrastando la información con la base de datos The World Register of Marine Species (WoRMS) (<http://www.marinespecies.org/>).

Los organismos recolectados fueron lavados con agua dulce, colocados de manera individual en recipientes plásticos con alcohol al 96 % y codificados para permitir su identificación y seguimiento durante todo el procesamiento en laboratorio.

3.6.3. EXTRACCIÓN Y EVALUACIÓN DE LA CALIDAD DE ADN

Previo a la extracción de ADN, se registraron los datos de los organismos en los formatos de extracción establecidos por el LFGyR (Fig. 9).

Para la extracción se utilizó aproximadamente 200 µg de tejido de los organismos colectados, seleccionando la muestra según el grupo taxonómico: músculo abductor y pie para los bivalvos; tentáculo para los cefalópodos; pie para poliplacóforos, monoplacóforos y gasterópodos; gónada y tejido adyacente a la boca para los equinodermos; y músculo basal para los cnidarios.

Fecha: 02/09/2017		EXT-LGF 291
EXTRACCION #291		
TITULO	Proyecto Barcode Invertebrados- Isla Santa	
PROTOCOLO	Fenol-Cloroformo	
NUMERO	IDENTIFICACION / TAXON	PRESERVACION
291-0	MARCADOR	
291-1	PeMar_I0564-Argopecten purpuratus/Santa/Isla Santa/ 30/08/17 #1	OH-Musculo
291-2	PeMar_I0565-Argopecten purpuratus/Santa/Isla Santa/ 30/08/17 #2	OH-Musculo
291-3	PeMar_I0566-Argopecten purpuratus/Santa/Isla Santa/ 30/08/17 #3	OH-Musculo
291-4	PeMar_I0567-Argopecten purpuratus/Santa/Isla Santa/ 30/08/17 #4	OH-Musculo
291-5	PeMar_I0568-Argopecten purpuratus/Santa/Isla Santa/ 30/08/17 #5	OH-Musculo
291-6	PeMar_I0569-Argopecten purpuratus/Santa/Isla Santa/ 30/08/17 #6	OH-Musculo
291-7	PeMar_I0570-Argopecten purpuratus/Santa/Isla Santa/ 30/08/17 #7	OH-Musculo
291-8	PeMar_I0612_Trachycardium sp / Santa/Isla Santa/ 30/08/17 #1	OH-pie
291-9	PeMar_I0612_Trachycardium sp / Santa/Isla Santa/ 30/08/17 #2	OH-pie
291-10	PeMar_I0612_Trachycardium sp / Santa/Isla Santa/ 30/08/17 #3	OH-pie
291-11	PeMar_I0612_Trachycardium sp / Santa/Isla Santa/ 30/08/17 #4	OH-pie
291-12	PeMar_I0612_Trachycardium sp / Santa/Isla Santa/ 30/08/17 #5	OH-pie
291-13	PeMar_I0612_Trachycardium sp / Santa/Isla Santa/ 30/08/17 #6	OH-pie
291-14	PeMar_I0612_Trachycardium sp / Santa/Isla Santa/ 30/08/17 #7	OH-pie

Figura 9. Formato de registro de extracción de ADN establecido por el LFGyR.

El ADN se extrajo empleando el protocolo de CTAB – Fenol – Cloroformo (Zuccarello y Lokhorst, 2005, p. 384), modificado por el LFGyR. La formulación incluyó: 2 % de bromuro de cetiltrimetilamonio (CTAB), 0,1 M de Tris–HCl (pH 8,0), 1,4 M de cloruro de sodio (NaCl), 20 mM de ácido etilendiaminotetraacético (EDTA) y 10 µL de Proteinasa K (Promega, Madison, USA) para favorecer la digestión de proteínas y la obtención de ADN de alta pureza.

Las muestras extraídas se colocaron en tubos Eppendorf y se almacenaron a -20°C.

Para verificar la calidad del ADN se realizó una electroforesis horizontal en geles de agarosa al 1% (Bio-Rad, Molecular Biology Agarosa). Se utilizó como buffer de corrida TBE 0,5X (Tris-HCL, Ácido Bórico, EDTA) a pH 8.4 y el Red Gel Nucleic Acid Gel Stain como intercalante. El marcador de peso molecular empleado fue MassRuler ladder low range de 10000 pb.

La corrida electroforética se efectuó en una cámara Bio-Rad Mini Sub Cell GT de 25 cm, a un voltaje de 85 V y una corriente de 115 mA, durante 45 minutos, utilizando una fuente de poder Sigma Techware PS250-2.

Los geles se visualizaron en un fotodocumentador Thermo Scientific (Fig. 10), mediante exposición a luz ultravioleta. Se consideraron como válidos únicamente los extractos que presentaron bandas definidas, de alto peso molecular y sin presencia de ARN (Rojas *et al.*, 2007, p. 5).

Los extractos que mostraron presencia de ARN se sometieron a tratamiento con ARNasa en un baño seco durante 12 horas, para desnaturalizar el ácido ribonucleico.

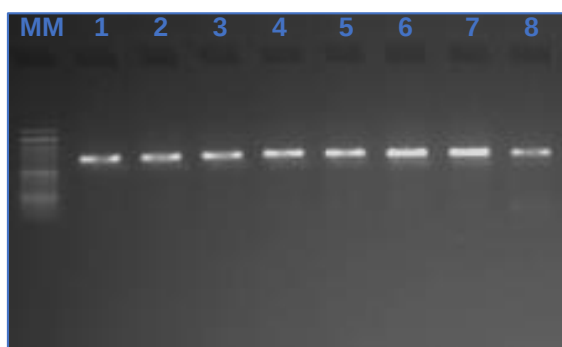


Figura 10. Gel de agarosa al 1% obtenido con el fotodocumentador Thermo Scientific, en el que se observan las bandas de ADN extraído de ocho ejemplares de *Crosata ventricossa*, procedentes de la isla Santa. MM: marcador molecular, 1 – 8; extractos de ADN.

3.6.4. CUANTIFICACIÓN DE ADN

Las muestras de ADN fueron cuantificadas mediante espectrofotometría en un equipo EPOCH (Biotek), midiendo la absorbancia a longitudes de onda de 260 y 280 nm, con el fin de determinar la concentración de ADN extraído por muestra, expresado en $\mu\text{g}/\mu\text{l}$.

La pureza de los extractos se evaluó utilizando el ratio 260/280, que debía encontrarse entre 1,8 y 2,0. Valores inferiores a este rango

indicaron posibles problemas de contaminación y dichas muestras no fueron consideradas para la amplificación por PCR (Teare *et al.*, 1997, p. 1170).

Posteriormente, las muestras se alicuotaron a una concentración final de 50 µl y se almacenaron a -20 °C, junto con la solución stock de cada muestra de ADN extraído.

3.6.5. AMPLIFICACIÓN POR PCR DEL GEN *CITOCROMO OXIDASA (COI)*

Las muestras de ADN extraídas fueron amplificadas mediante la técnica de Reacción en Cadena de la Polimerasa (PCR) en un termociclador Veriti 96-Well Thermal Cycler (Applied Biosystems), utilizando los primers para el gen mitocondrial COI descritos en la tabla 3.

Para cada reacción de PCR se preparó una mezcla con el siguiente contenido: 10,8 µl de agua libre de nucleasas, 1,54 µl de buffer (10X), 1,28 µl de MgCl₂ (25 mM), 1,02 µl de dNTPs (2,5 mM), 0,25 µl del primer forward (10 µM), 0,25 µl del primer reverse (10 µM), 0,25 µl de Maximo *Taq* DNA Polymerase (5 U/µL) y 0,25 ng/µl de ADN extraído, alcanzando un volumen final de 18 µl.

El protocolo de amplificación se realizó bajo las siguientes condiciones térmicas: una desnaturalización inicial a 95 °C durante 3 s, seguida de 30 ciclos compuestos por desnaturalización a 94 °C por 4 s, hibridación a 55 °C por 45 s y elongación a 72 °C por 60 s. Finalmente, se realizó una etapa de extensión final a 72 °C durante 7 s.

La temperatura de hibridación varió de acuerdo al tipo de *primers* (Tabla 3)

Los productos de PCR fueron verificados mediante electroforesis horizontal en geles de agarosa al 1 %, empleando GelRed Nucleic Acid Gel Stain como agente intercalante y MassRuler DNA Ladder low

range (10 000 pb) como marcador. Posteriormente, se conservaron a -20°C hasta su envío para secuenciación.

Tabla 3: Secuencias de *primers* y temperatura de hibridación utilizados para el gen mitocondrial *Citocromo oxidasa I* (COI).

<i>Primers</i>	Secuencias (5' - 3')	Temperatura de hibridación (C°)	Referencias Bibliográficas
LCO1490F	5'TGTAAAACGACGGCCAGTGGTCAACAAATCATAAAGATATTGG 3'	55	Folmer <i>et al.</i> , 1994
HCO2198R	5' CAGGAAACAGCTATGACTAACTTCAGGGTGACCAAAAAATCA 3'	55	
dgLCOF	5'TGTAAAACGACGGCCAGTGGTCAACAAATCATAAAGAYATYGG 3'	55	Meyer P. <i>et al.</i> , 2003
dgHCOR	5'CAGGAAACAGCTATGACTAACTTCAGGGTGACCAARAAYCA 3'	55	

3.6.6. SECUENCIACIÓN

Los productos de PCR positivos de todas las muestras se enviaron a la empresa Macrogen (USA) (<http://www.macrogen.com/eng/>), para el secuenciamiento de ambas hebras por electroforesis capilar en un analizador genético ABI 3730xl (Applied Biosystems, Foster City, CA).

3.7. TÉCNICAS DE PROCESAMIENTO Y ANÁLISIS DE LOS DATOS

3.7.1. ANÁLISIS ESPACIAL Y TEMPORAL DE LA DIVERSIDAD BIOLÓGICA POR MUESTREO Y ESTACIÓN

La ordenación de las unidades de muestreo se realizó mediante un Análisis de Coordenadas Principales (PCoA) basado en la distancia de Bray–Curtis, con el propósito de visualizar los patrones de similitud y recambio faunístico entre los diferentes muestreos y estaciones (Bray & Curtis, 1957). Las diferencias en composición se evaluaron con un Análisis multivariable permutacional (Permutational Multivariate Analysis of Variance PERMANOVA), mediante 999 permutaciones (Anderson, 2001).

La ordenación mediante PCoA y el análisis PERMANOVA se realizaron en el software R (R Core Team, 2024), utilizando las funciones de los paquetes *vegan* y *ggplot2*.

3.7.2. EDICIÓN DE SECUENCIAS

Una vez obtenidas los electroferogramas de los productos de PCR enviados a secuenciar, estos fueron revisados y editados con el software CodonCode Aligner v 8.0.1 para Windows (Lanka *et al.*, 2014). Las secuencias *forward* y *reverse* fueron ensambladas para obtener las secuencias consensos o contig.

Los electroferogramas de baja calidad, aquellos con picos dobles, ruidos de fondo o discrepancias notorias entre el *forward* y el *reverse*, fueron eliminadas.

3.7.3. ALINEAMIENTO DE SECUENCIAS Y GENERACIÓN DE LA MATRIZ DE SECUENCIAS

Las secuencias consenso obtenidas fueron multialineadas en una matriz mediante el algoritmo Clustal W (Thompson *et al.*, 1994, p. 4673), implementado en el programa bioinformático *Molecular Evolutionary Genetics Analysis* (MEGA 7) (Kumar *et al.*, 2016, p. 1870).

3.7.4. IDENTIFICACIÓN DE SECUENCIAS CONSENSOS EN BOLD Y GENBANK

Para confirmar que las secuencias correspondieran a la amplificación del gen *COI* de las especies colectadas, se realizaron búsquedas de las secuencias del *GenBank* en la plataforma del NCBI (<http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>) utilizando el motor de identificación BLAST (Basic Local Alignment Search Tool), y en la plataforma del Bold System (<http://boldsystems.org>).

Para la identificación de especies se consideró un porcentaje de identidad mínima de 99% con respecto a la coincidencia más cercana (Pejovic *et al.*, 2016, p. 170).

3.7.5. DELIMITACIÓN DE ESPECIES

La delimitación de especies se realizó generando Unidades Taxonómicas Moleculares Operativas (MOTUs) con tres modelos: *Poisson Tree Processes model* (PTP) (Zhang *et al.*, 2013, p. 2874), Bayesian implementations of the *Poisson Tree Processes model* (bpTP) y the Generalized Mixed Yule Coalescent model (GMYC) (Fujisawa y Barraclough, 2013, p.707).

Se construyó un árbol ultramétrico (Zhang *et al.*, 2013), y los calculados se realizaron mediante un programa desarrollado en Python (<https://github.com/jolobito/SPdel>) (Ramirez *et al.*, 2023, p. 3)

También se emplearon dos algoritmos de agrupamiento en línea: the Barcode Index Number System (BIN) (Ratnasingham y Hebert, 2013, p.355), determinado en el Bold Workbench (<http://www.boldsystems.org/>); y, Automatic Barcode Gap Discovery (ABGD) (Puillandre *et al.*, 2012, p. 1864) ejecutado en el servidor web ABGD (www.wabi.snv.jussieu.fr/public/abgd/), utilizando la distancia Kimura 2-parameter (K2P) (Kimura, 1980, p.111).

Para todos los organismos se utilizó como valor para relative gap width ($X=1.1$), registrándose todos los resultados utilizando límites previos para la divergencia intraespecífica que van desde $P = 0.001-0.1$. Para los demás parámetros se emplearon valores predeterminados.

3.7.6. ANÁLISIS FILOGENÉTICO

Para realizar el análisis filogenético se generó un árbol ultramétrico utilizando el programa Beast 2.4.3 (Bouckaert *et al.*, 2014, p. 3), con una configuración de Reloj Relajado Log Normal, un modelo Birth – death process, empleando 200 millones de generaciones *Markov Chain Monte Carlo* (MCMC) y un burn-in del 25 %.

El modelo de sustitución nucleotídica fue seleccionado con jModelTest 2, eligiéndose GTR+G (Darriba *et al.*, 2012, p. 772).

El consenso de los modelos se obtuvo con LogCombiner v. 1.7.1 (25 % burn-in) y la convergencia se evaluó en Tracer v. 1.7.1 (Rambaut *et al.*, 2018, pp. 3), obteniendo valores ESS superiores a 200 para todas las muestras.

3.7.7. CÁLCULO DE LAS DISTANCIAS INTERESPECÍFICAS E INTRAESPECÍFICAS

Las distancias genéticas se calcularon mediante el modelo Kimura 2-parameter (K2P) (Kimura, 1980), obteniéndose promedios, máximos y mínimos para las distancias intra e interespecíficas. Los cálculos se realizaron con el programa en Python (<https://github.com/jolobito/Spdel>) (Ramírez *et al.*, 2023, p. 3).

Tras construir los cladogramas, se realizó una prueba de máxima verosimilitud en RAxML y se estimó la inferencia bayesiana con MrBayes.

3.7.8. DETERMINACIÓN DE BARCODE GAP

El barcode gap se calculó con el programa escrito en Python (<https://github.com/jolobito/Spdel>) (Ramírez *et al.*, 2023, p. 3).

3.7.9. INGRESO DE DATOS EN EL BOLD SYSTEMS Y GENERACIÓN DEL BIN

En la plataforma BOLD (<http://www.boldsystems.org/>) se depositaron todas las secuencias obtenidas junto con información del muestreo (fecha de recolección, coordenadas geográficas, imagen de los especímenes, etc.), generándose un *Barcode Index Number* (BIN) para cada especie identificada.

3.7.10. GENERACIÓN DEL CATÁLOGO DE ESPECIES IDENTIFICADAS, MEDIANTE FICHAS DESCRIPTIVAS

Una vez realizada la identificación molecular y taxonómica de las especies, se elaboraron fichas descriptivas que conforman el catálogo de especies. En estas fichas se reportaron datos tales como: taxonomía de la especie, descripción y diagnóstico de la especie, biología, hábitat, distribución, y el código de barras de ADN generado por el BOLD, además de las referencias bibliográficas utilizadas para su identificación taxonómica.

CAPÍTULO IV: RESULTADOS Y DISCUSIÓN

4.1. RESULTADOS

4.1.1. COLECTA DE ORGANISMOS E IDENTIFICACIÓN TAXONÓMICA:

El total de organismos colectados para este estudio fue de 163, los cuales se enviaron a identificar taxonómicamente al IMARPE, reportándose en total 20 especies (Tabla 4).

Tabla 4. Organismos recolectados durante el estudio, pertenecientes a la fauna submareal de la isla Santa, por muestreo y estación.

Muestreo	Especie	Código PEMAR	Estación de muestreo
1	<i>Argopecten purpuratus</i>	PeMar_I0563	1
	<i>Argopecten purpuratus</i>	PeMar_I0564	1
	<i>Argopecten purpuratus</i>	PeMar_I0565	1
	<i>Argopecten purpuratus</i>	PeMar_I0566	1
	<i>Argopecten purpuratus</i>	PeMar_I0567	1
	<i>Argopecten purpuratus</i>	PeMar_I0568	1
	<i>Argopecten purpuratus</i>	PeMar_I0569	1
	<i>Semele solida.</i>	PeMar_I0598	1
	<i>Semele sp.</i>	PeMar_I0599	1
	<i>Semele sp.</i>	PeMar_I0600	1
	<i>Semele sp.</i>	PeMar_I0602	1
	<i>Thaisella sp.</i>	PeMar_I0603	1
	<i>Thaisella sp.</i>	PeMar_I0604	1
	<i>Thaisella sp.</i>	PeMar_I0605	1
	<i>Anthopleura elegantissima</i>	PeMar_I0610	1
	<i>Anthopleura elegantissima</i>	PeMar_I0611	1
	<i>Octopus</i>	PeMar_I0634	1
	<i>Glycymeris sp.</i>	PeMar_I0619	2
	<i>Arbacia spatuligera</i>	PeMar_I0560	2
	<i>Arbacia spatuligera</i>	PeMar_I0561	2
	<i>Argopecten purpuratus</i>	PeMar_I0570	3
	<i>Argopecten purpuratus</i>	PeMar_I0620	3
	<i>Argopecten purpuratus</i>	PeMar_I0621	3
	<i>Arbacia spatuligera</i>	PeMar_I0557	3
	<i>Arbacia spatuligera</i>	PeMar_I0558	3
	<i>Arbacia spatuligera</i>	PeMar_I0559	3
	<i>Solenosteira</i>	PeMar_I0588	4
	<i>Solenosteira</i>	PeMar_I0589	4
	<i>Solenosteira</i>	PeMar_I0590	4
	<i>Solenosteira</i>	PeMar_I0591	4
	<i>Thaisella sp.</i>	PeMar_I0606	4
	<i>Thaisella sp.</i>	PeMar_I0607	5
	<i>Thaisella sp.</i>	PeMar_I0608	5
	<i>Thaisella sp.</i>	PeMar_I0609	5
	<i>Stramonita</i>	PeMar_I0581	5
	<i>Crucibulum scutellatum</i>	PeMar_I0630	5
	<i>Crucibulum scutellatum</i>	PeMar_I0592	5
	<i>Pinnixa transversalis</i>	PeMar_I0633	5
2	<i>Semele sp.</i>	PeMar_I1816	1
	<i>Semele sp.</i>	PeMar_I1817	1
	<i>Pteria sp.</i>	PeMar_I1854	1
	<i>Acanthopleura</i>	PeMar_I1801	1

2	<i>Acanthopleura</i>	PeMar_I1802	1
	<i>Chiton sp.</i>	PeMar_I1842	1
	<i>Chiton sp.</i>	PeMar_I1843	1
	<i>Anthopleura elegantissima</i>	PeMar_I1826	1
	<i>Anthopleura elegantissima</i>	PeMar_I1827	1
	<i>Sinum symba</i>	PeMar_I1781	2
	<i>Sinum symba</i>	PeMar_I1782	2
	<i>Sinum symba</i>	PeMar_I1784	2
	<i>Sinum symba</i>	PeMar_I1785	2
	<i>Sinum symba</i>	PeMar_I1786	2
	<i>Semele sp.</i>	PeMar_I1818	3
	<i>Semele sp.</i>	PeMar_I1819	3
	<i>Tegula atra</i>	PeMar_I1857	3
	<i>Tegula atra</i>	PeMar_I1858	3
	<i>Tegula atra</i>	PeMar_I1861	3
	<i>Tegula atra</i>	PeMar_I1862	3
	<i>Acanthopleura</i>	PeMar_I1803	3
	<i>Acanthopleura</i>	PeMar_I1805	3
	<i>Acanthopleura</i>	PeMar_I1806	3
	<i>Chiton sp.</i>	PeMar_I1844	3
	<i>Chiton sp.</i>	PeMar_I1845	3
	<i>Chiton sp.</i>	PeMar_I1846	3
	<i>Chiton sp.</i>	PeMar_I1847	3
	<i>Chiton sp.</i>	PeMar_I1848	3
	<i>Tonicia lineolata</i>	PeMar_I1849	3
	<i>Tonicia lineolata</i>	PeMar_I1850	3
	<i>Tonicia lineolata</i>	PeMar_I1851	3
	<i>Tegula atra</i>	PeMar_I1863	5
	<i>Acanthopleura</i>	PeMar_I1807	5
	<i>Tonicia lineolata</i>	PeMar_I1852	5
	<i>Tonicia lineolata</i>	PeMar_I1853	5
	<i>Anthopleura elegantissima</i>	PeMar_I1828	5
	<i>Anthopleura elegantissima</i>	PeMar_I1829	5
	<i>Anthopleura elegantissima</i>	PeMar_I1830	5
	<i>Anthopleura elegantissima</i>	PeMar_I1831	5
	<i>Esponja</i>	PeMar_I1837	5
	<i>Esponja</i>	PeMar_I1838	5
	<i>Esponja</i>	PeMar_I1839	5
	<i>Esponja</i>	PeMar_I1840	5
	<i>Esponja</i>	PeMar_I1841	5

4.1.2 ANÁLISIS ESPACIAL Y TEMPORAL DE LA DIVERSIDAD BIOLÓGICA POR MUESTREO Y ESTACIÓN

El análisis PCoA, basado en la disimilitud de Bray–Curtis, se utilizó para representar de forma gráfica las relaciones entre los muestreos y las estaciones de muestreo, permitiendo visualizar posibles agrupamientos según el tipo y abundancia de organismos registrados. De manera complementaria, el análisis PERMANOVA se aplicó sobre la misma matriz de disimilitud para comprobar si dichas diferencias eran estadísticamente significativas.

La ordenación mediante coordenadas principales (PCoA) basada en la disimilitud de Bray-Curtis se muestra en la Figura 11. Se observa una separación clara entre los grupos correspondientes a los dos muestreos, lo que indica un cambio temporal significativo en la diversidad de organismos, en cambio, las variaciones entre estaciones dentro de cada muestreo son menos pronunciadas, lo que sugiere una estructura espacial más homogénea en el área estudiada.

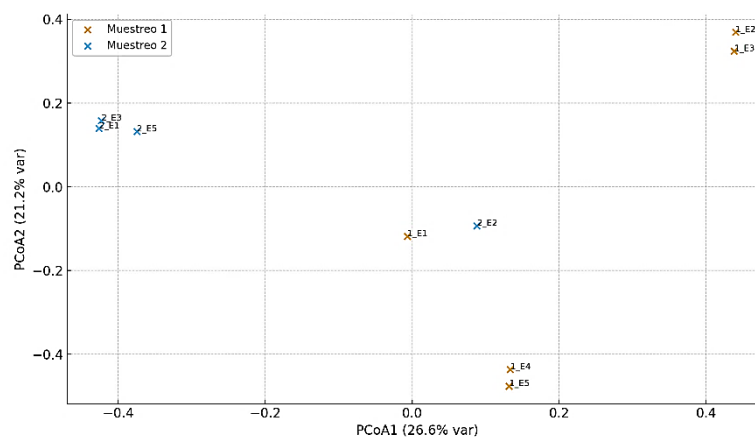


Figura 11. Análisis de las Coordenadas Principales (PCoA) basada en la disimilitud de Bray-Curtis por muestreo y por estación de muestreo, mostrando la variación en la fauna submareal de la isla Santa.

Los resultados del análisis PERMANOVA basado en la matriz de disimilitud de Bray-Curtis se muestran en la Tabla 5. El factor Muestreo presentó diferencias significativas ($p < 0.05$), lo que indica cambios en la composición de especies entre los diferentes periodos de muestreo. En cambio, el factor Estación no mostró diferencias significativas ($p > 0.05$), lo que sugiere que el tipo de organismos presentes es similar entre las estaciones evaluadas.

Tabla 5. Resultados del análisis PERMANOVA aplicado a la matriz de disimilitud de Bray-Curtis

Factor evaluado	F observado	p	gl	Interpretación
Muestreo	2.079	0.021	1, 7	Diferencias significativas entre muestreos
Estación	0.949	0.586	4, 4	Diferencias no significativas entre estaciones

4.1.2. EDICIÓN Y ALINEAMIENTO DE SECUENCIAS

Luego de la edición de secuencias se eligieron 105 secuencias consenso consideradas de buena calidad para continuar de los análisis (Fig. 12).

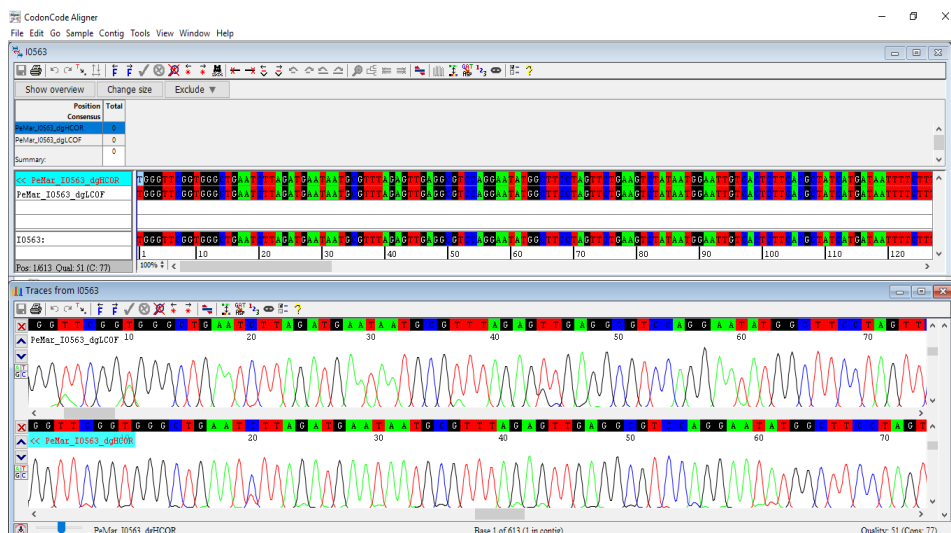


Figura 12. Edición de secuencia en CodonCode. La figura muestra un ejemplo de secuencia de buena calidad.

El alineamiento de las secuencias consenso, generó una matriz de secuencias alineadas, con una longitud estándar de 540 pb tal como se muestra en la figura 13.



Figura 13. Matriz de alineamiento de secuencias consenso, generadas en el software CodonCode.

4.1.3. BÚSQUEDA E IDENTIFICACIÓN DE SECUENCIAS EN BOLD SYSTEM Y GENBANK

Las 105 secuencias consenso fueron comparadas e identificadas en las bases de datos GenBank y BOLD system confirmándose la identidad de 105 organismos, de los cuales 20 son bivalvos, 46 gasterópodos, 18 poliplacóforos, 08 cnidarios, 05 equinodermos, 05 poríferos, 02 artrópodos y 01 cefalópodo (Tablas 6, 7, 8, 9, 10,11 y 12).

De las 105 secuencias consensos, 88 de ellas fueron identificadas con un ID mayor a 99% en el BOLD system, mientras que en el GenBank sólo el 38% de las secuencias consensos tuvieron un ID mayor a 99%.

Tabla 6: Identificación de bivalvos de la fauna submareal de la isla Santa en la base de datos Genbank y BOLD system.

Especie	Código PEMAR	Estación de muestreo	GenBank		BOLD SYSTEM		BIN
			Especie	ID %	Especie	ID %	
<i>Argopecten purpuratus</i>	PeMar_I0563	1	<i>Argopecten purpuratus</i>	99.54	<i>Argopecten purpuratus</i>	99.71	ACY7508
<i>Argopecten purpuratus</i>	PeMar_I0564	1	<i>Argopecten purpuratus</i>	96.9	<i>Argopecten purpuratus</i>	99.69	ACY7508
<i>Argopecten purpuratus</i>	PeMar_I0565	1	<i>Argopecten purpuratus</i>	96.47	<i>Argopecten purpuratus</i>	100	ACY7508
<i>Argopecten purpuratus</i>	PeMar_I0566	1	<i>Argopecten purpuratus</i>	92.52	<i>Argopecten purpuratus</i>	98.48	ACY7508
<i>Argopecten purpuratus</i>	PeMar_I0567	1	<i>Argopecten purpuratus</i>	91.99	<i>Argopecten purpuratus</i>	100	ACY7508
<i>Argopecten purpuratus</i>	PeMar_I0568	1	<i>Argopecten purpuratus</i>	96.12	<i>Argopecten purpuratus</i>	100	ACY7508
<i>Argopecten purpuratus</i>	PeMar_I0569	1	<i>Argopecten purpuratus</i>	94.63	<i>Argopecten purpuratus</i>	98.93	ACY7508
<i>Argopecten purpuratus</i>	PeMar_I0570	3	<i>Argopecten purpuratus</i>	96.79	<i>Argopecten purpuratus</i>	100	ACY7508
<i>Argopecten purpuratus</i>	PeMar_I0620	3	<i>Argopecten purpuratus</i>	97.91	<i>Argopecten purpuratus</i>	100	ACY7508
<i>Argopecten purpuratus</i>	PeMar_I0621	3	<i>Argopecten purpuratus</i>	98.35	<i>Argopecten purpuratus</i>	100	ACY7508
<i>Semele sp.</i>	PeMar_I0598	1	<i>Semele solida</i>	98.54	<i>Semele solida</i>	99.82	ACI0736
<i>Semele sp.</i>	PeMar_I0599	1	<i>Semele sp. SF117</i>	99.7	<i>Semele corrugata</i>	98.8	ADR6778
<i>Semele sp.</i>	PeMar_I0600	1	<i>Semele solida</i>	99.7	<i>Semele sp. SF117</i>	97.92	ADR6778
<i>Semele sp.</i>	PeMar_I0602	1	<i>Semele sp. SF117</i>	99.69	<i>Semele corrugata</i>	100	ADR6778
<i>Semele sp.</i>	PeMar_I1816	1	<i>Semele sp. SF117</i>	99.55	<i>Semele sp. SF117</i>	99.35	ADR6778
<i>Semele sp.</i>	PeMar_I1817	1	<i>Semele sp. SF117</i>	99.1	no match		
<i>Semele sp.</i>	PeMar_I1818	3	<i>Semele sp. SF117</i>	99.4	<i>Semele corrugata</i>	98.99	ADR6778
<i>Semele sp.</i>	PeMar_I1819	3	<i>Semele sp. SF117</i>	98.79	<i>Semele sp. SF117</i>	99.35	ADR6778
<i>Glycymeris sp.</i>	PeMar_I0619	2	<i>Glycymeris yessoensis</i>	82.73	<i>Glycymeris ovata</i>	99.82	ADM9543
<i>Pteria sp.</i>	PeMar_I1854	1	<i>Pteria sterna</i>	99.67	<i>Pteria sterna</i>	92.53	ADN9554

Tabla 7: Identificación de gasterópodos de la fauna submareal de la isla Santa en la base de datos GenBank y BOLD system.

Especie	Código PEMAR	Estación de muestreo	GenBank		BOLD SYSTEM		BIN
			Especie	ID %	Especie	ID %	
<i>Crossata ventricosa</i>	PeMar_I0572	2	<i>Marsupina nana</i>	94.58	<i>Crossata ventricosa</i>	99.49	ADM2660
<i>Crossata ventricosa</i>	PeMar_I0573	2	<i>Marsupina nana</i>	94.96	<i>Bursa ventricosa</i>	99.82	ADM2660
<i>Crossata ventricosa</i>	PeMar_I0574	2	<i>Marsupina nana</i>	94.26	<i>Crossata ventricosa</i>	99.51	ADM2660
<i>Crossata ventricosa</i>	PeMar_I0575	2	<i>Marsupina nana</i>	94.38	<i>Bursa ventricosa</i>	99.66	ADM2660
<i>Crossata ventricosa</i>	PeMar_I0576	2	<i>Marsupina nana</i>	94.39	<i>Bursa ventricosa</i>	100	ADM2660
<i>Crossata ventricosa</i>	PeMar_I0577	2	<i>Marsupina nana</i>	94.69	<i>Bursa ventricosa</i>	100	ADM2660
<i>Crossata ventricosa</i>	PeMar_Is0578	2	<i>Marsupina nana</i>	94.79	<i>Bursa ventricosa</i>	100	ADM2660
<i>Crossata ventricosa</i>	PeMar_I0579	2	<i>Marsupina nana</i>	94.5	<i>Crossata ventricosa</i>	99.85	ADM2660
<i>Crossata ventricosa</i>	PeMar_I0580	2	<i>Marsupina nana</i>	94.65	<i>Bursa ventricosa</i>	99.83	ADM2660
<i>Crossata ventricosa</i>	PeMar_I0582	2	<i>Marsupina nana</i>	94.66	<i>Bursa ventricosa</i>	100	ADM2660
<i>Crossata ventricosa</i>	PeMar_I0583	2	<i>Marsupina nana</i>	94.83	<i>Bursa ventricosa</i>	100	ADM2660
<i>Crossata ventricosa</i>	PeMar_I0584	2	<i>Marsupina nana</i>	95.06	<i>Bursa ventricosa</i>	99.82	ADM2660
<i>Crossata ventricosa</i>	PeMar_I0597	3	<i>Marsupina nana</i>	94.36	<i>Crossata ventricosa</i>	99.82	ADM2660
<i>Crossata ventricosa</i>	PeMar_I1794	3	<i>Marsupina nana</i>	94.67	<i>Bursa ventricosa</i>	99.82	ADM2660
<i>Crossata ventricosa</i>	PeMar_I1796	3	<i>Marsupina nana</i>	93.28	<i>Crossata ventricosa</i>	99.3	ADM2660
<i>Crossata ventricosa</i>	PeMar_I1797	3	<i>Marsupina nana</i>	94.45	<i>Crossata ventricosa</i>	99.66	ADM2660
<i>Crossata ventricosa</i>	PeMar_I1798	5	<i>Marsupina nana</i>	93.93	<i>Crossata ventricosa</i>	99.51	ADM2660
<i>Crossata ventricosa</i>	PeMar_I1799	5	<i>Marsupina nana</i>	93.42	<i>Crossata ventricosa</i>	99.3	ADM2660
<i>Crossata ventricosa</i>	PeMar_I1800	5	<i>Marsupina nana</i>	94.53	<i>Crossata ventricosa</i>	99.65	ADM2660
<i>Solenosteira</i>	PeMar_I0585	2	<i>Solenosteira macrospira</i>	91.46	<i>Solenosteira fusiformis</i>	99.83	AEG8122
<i>Solenosteira</i>	PeMar_I0586	2	<i>Solenosteira macrospira</i>	91.95	<i>Solenosteira fusiformis</i>	99.67	AEG8122
<i>Solenosteira</i>	PeMar_I0587	2	<i>Solenosteira macrospira</i>	91.79	<i>Solenosteira fusiformis</i>	99.82	AEG8122

Tabla 7: Continuación.

Especie	Código PEMAR	Estación de muestreo	GenBank		BOLD SYSTEM		BIN
			Especie	ID %	Especie	ID %	
<i>Solenosteira</i>	PeMar_I0588	4	<i>Solenosteira macrospira</i>	91.64	<i>Solenosteira fusiformis</i>	100	AEG8122
<i>Solenosteira</i>	PeMar_I0589	4	<i>Solenosteira macrospira</i>	91.48	<i>Solenosteira fusiformis</i>	100	AEG8122
<i>Solenosteira</i>	PeMar_I0590	4	<i>Solenosteira macrospira</i>	91.25	<i>Solenosteira fusiformis</i>	99.45	AEG8122
<i>Solenosteira</i>	PeMar_I0591	4	<i>Solenosteira macrospira</i>	92.12	<i>Solenosteira fusiformis</i>	99.66	AEG8122
<i>Thaisella sp.</i>	PeMar_I0603	1	<i>Thaisella chocolata</i>	98.16	<i>Thaisella chocolata</i>	99.47	ACH3302
<i>Thaisella sp.</i>	PeMar_I0604	1	<i>Thaisella chocolata</i>	97.84	<i>Thaisella chocolata</i>	99.47	ACH3302
<i>Thaisella sp.</i>	PeMar_I0605	1	<i>Thaisella chocolata</i>	98.31	<i>Thaisella chocolata</i>	99.29	ACH3302
<i>Thaisella sp.</i>	PeMar_I0606	4	<i>Thaisella chocolata</i>	98.16	<i>Thaisella chocolata</i>	99.15	ACH3302
<i>Thaisella sp.</i>	PeMar_I0607	5	<i>Thaisella chocolata</i>	98.63	<i>Thaisella chocolata</i>	99.65	ACH3302
<i>Thaisella sp.</i>	PeMar_I0608	5	<i>Thaisella chocolata</i>	98.63	<i>Thaisella chocolata</i>	99.47	ACH3302
<i>Thaisella sp.</i>	PeMar_I0609	5	<i>Thaisella chocolata</i>	97.73	<i>Thaisella chocolata</i>	98.98	ACH3302
<i>Sinum symba</i>	PeMar_I1781	2	<i>Euspira fusca</i>	89.91	<i>Sinum cymba</i>	99.45	ADM9543
<i>Sinum symba</i>	PeMar_I1782	2	<i>Euspira fusca</i>	88.81	<i>Sinum cymba</i>	99.47	ADM9543
<i>Sinum symba</i>	PeMar_I1784	2	<i>Cryptonatica aleutica</i>	89.25	<i>Sinum cymba</i>	99.82	ADM9543
<i>Sinum symba</i>	PeMar_I1785	2	<i>Cryptonatica aleutica</i>	89.3	<i>Sinum cymba</i>	99.62	ADM9543
<i>Sinum symba</i>	PeMar_I1786	2	<i>Euspira fusca</i>	88.53	<i>Sinum cymba</i>	99.66	ADM9543
<i>Stramonita</i>	PeMar_I0581	5	<i>Stramonita delessertiana</i>	98.69	<i>Stramonita biserialis</i>	98.77	ACH2558
<i>Tegula atra</i>	PeMar_I1857	3	<i>Tegula atra</i>	99.53	<i>Tegula atra</i>	100	ACQ0911
<i>Tegula atra</i>	PeMar_I1858	3	<i>Tegula atra</i>	100	<i>Tegula atra</i>	100	ACQ0911
<i>Tegula atra</i>	PeMar_I1861	3	<i>Tegula atra</i>	99.84	<i>Tegula atra</i>	100	ACQ0911
<i>Tegula atra</i>	PeMar_I1862	3	<i>Tegula atra</i>	99.84	<i>Tegula atra</i>	100	ACQ0911
<i>Tegula atra</i>	PeMar_I1863	5	<i>Tegula atra</i>	100	<i>Tegula atra</i>	100	ACQ0911
<i>Crucibulum scutellatum</i>	PeMar_I0630	5	<i>Crucibulum scutellatum</i>	90.77	<i>Crucibulum scutellatum</i>	99.32	AEG7893
<i>Crucibulum scutellatum</i>	PeMar_I0592	5	<i>Crucibulum scutellatum</i>	90.74	<i>Crucibulum scutellatum</i>	99.33	AEG7893

Tabla 8: Identificación de poliplacóforos de la fauna submareal de la isla Santa en la base de datos GenBank y BOLD system.

Especie	Código PEMAR	Estación de muestreo	GenBank		BOLD SYSTEM		BIN
			Especie	ID %	Especie	ID %	
<i>Acanthopleura</i>	PeMar_I1801	1	<i>Acanthopleura echinata</i>	98.36	<i>Acanthopleura echinata</i>	100	ADM1739
<i>Acanthopleura</i>	PeMar_I1802	1	<i>Acanthopleura echinata</i>	99.39	<i>Acanthopleura echinata</i>	99.83	ADM1739
<i>Acanthopleura</i>	PeMar_I1803	3	<i>Acanthopleura echinata</i>	99.23	<i>Acanthopleura echinata</i>	98.27	ADM1739
<i>Acanthopleura</i>	PeMar_I1805	3	<i>Acanthopleura echinata</i>	99.39	<i>Acanthopleura echinata</i>	99.83	ADM1739
<i>Acanthopleura</i>	PeMar_I1806	3	<i>Acanthopleura echinata</i>	99.82	<i>Acanthopleura echinata</i>	99.83	ADM1739
<i>Acanthopleura</i>	PeMar_I1807	5	<i>Acanthopleura echinata</i>	99.68	<i>Acanthopleura echinata</i>	99.67	ADM1739
<i>Chiton sp.</i>	PeMar_I1842	1	<i>Chiton cumingsii</i>	99.36	<i>Chiton sp</i>	100	ADN7365
<i>Chiton sp.</i>	PeMar_I1843	1	<i>Chiton cumingsii</i>	99.37	<i>Chiton sp</i>	100	ADN7365
<i>Chiton sp.</i>	PeMar_I1844	3	<i>Chiton cumingsii</i>	100	<i>Chiton sp</i>	100	ADN7365
<i>Chiton sp.</i>	PeMar_I1845	3	<i>Chiton cumingsii</i>	99.22	<i>Chiton sp</i>	100	ADN7365
<i>Chiton sp.</i>	PeMar_I1846	3	<i>Chiton cumingsii</i>	99.84	<i>Chiton sp</i>	100	ADN7365
<i>Chiton sp.</i>	PeMar_I1847	3	<i>Chiton cumingsii</i>	99.21	<i>Chiton sp</i>	100	ADN7365
<i>Chiton sp.</i>	PeMar_I1848	3	<i>Chiton cumingsii</i>	98.94	<i>Chiton sp</i>	100	ADN7365
<i>Toncia lineolata</i>	PeMar_I1849	3	<i>Toncia lineolata</i>	99.68	<i>Toncia chilensis</i>	100	AEB5543
<i>Toncia lineolata</i>	PeMar_I1850	3	<i>Toncia lineolata</i>	99.37	<i>Toncia chilensis</i>	99.83	AEB5543
<i>Toncia lineolata</i>	PeMar_I1851	3	<i>Toncia lineolata</i>	99.84	<i>Toncia chilensis</i>	100	AEB5543
<i>Toncia lineolata</i>	PeMar_I1852	5	<i>Toncia lineolata</i>	99.68	<i>Toncia chilensis</i>	99.83	AEB5543
<i>Toncia lineolata</i>	PeMar_I1853	5	<i>Toncia lineolata</i>	99.38	<i>Toncia chilensis</i>	100	AEB5543

Tabla 9: Identificación de equinodermos de la fauna submareal de la isla Santa en la base de datos GenBank y BOLD system.

Especie	Código PEMAR	Estación de muestreo	GenBank		BOLD SYSTEM		BIN
			Especie	ID %	Especie	ID %	
<i>Arbacia spatuligera</i>	PeMar_I0557	3	<i>Arbacia spatuligera</i>	98.18	<i>Arbacia spatuligera</i>	100	ADM4453
<i>Arbacia spatuligera</i>	PeMar_I0558	3	<i>Arbacia spatuligera</i>	98.65	<i>Arbacia spatuligera</i>	100	ADM4453
<i>Arbacia spatuligera</i>	PeMar_I0559	3	<i>Arbacia spatuligera</i>	94.18	<i>Arbacia spatuligera</i>	100	ADM4453
<i>Arbacia spatuligera</i>	PeMar_I0560	2	<i>Arbacia spatuligera</i>	99.49	<i>Arbacia spatuligera</i>	99.83	ADM4453
<i>Arbacia spatuligera</i>	PeMar_I0561	2	<i>Arbacia spatuligera</i>	99.83	<i>Arbacia spatuligera</i>	100	ADM4453

Tabla 10: Identificación de cnidarios de la fauna submareal de la isla Santa en la base de datos GenBank y BOLD system.

Especie	Código PEMAR	Estación de muestreo	GenBank		BOLD SYSTEM		BIN
			Especie	ID %	Especie	ID %	
<i>Anthopleura elegantissima</i>	PeMar_I1826	1	<i>Anthopleura elegantissima</i>	99.24	<i>Anthopleura elegantissima</i>	100	AAK0746
<i>Anthopleura elegantissima</i>	PeMar_I1827	1	<i>Anthopleura elegantissima</i>	99.69	<i>Anthopleura elegantissima</i>	100	AAK0746
<i>Anthopleura elegantissima</i>	PeMar_I1828	5	<i>Anthopleura elegantissima</i>	100	<i>Anthopleura elegantissima</i>	100	AAK0746
<i>Anthopleura elegantissima</i>	PeMar_I1829	5	<i>Anthopleura elegantissima</i>	100	<i>Anthopleura elegantissima</i>	100	AAK0746
<i>Anthopleura elegantissima</i>	PeMar_I1830	5	<i>Anthopleura elegantissima</i>	99.23	<i>Anthopleura elegantissima</i>	100	AAK0746
<i>Anthopleura elegantissima</i>	PeMar_I1831	5	<i>Anthopleura elegantissima</i>	100	<i>Anthopleura elegantissima</i>	100	AAK0746
<i>Anthopleura elegantissima</i>	PeMar_I0610	1	<i>Anthopleura elegantissima</i>	99.84	<i>Anthopleura elegantissima</i>	100	AAK0746
<i>Anthopleura elegantissima</i>	PeMar_I0611	1	<i>Anthopleura elegantissima</i>	99.84	<i>Anthopleura elegantissima</i>	100	AAK0746

Tabla 11: Identificación de cefalópodos de la fauna submareal de la isla Santa en la base de datos GenBank y BOLD system.

Especie	Código PEMAR	Estación de muestreo	GenBank		BOLD SYSTEM		BIN
			Especie	ID %	Especie	ID %	
<i>Octopus</i>	PeMar_I0634	1	<i>Octopus mimus</i>	99.54	<i>Octopus mimus</i>	100	ACI0213

Tabla 12: Identificación de artrópodos de la fauna submareal de la isla Santa en la base de datos GenBank y BOLD system

Especie	Código PEMAR	Estación de muestreo	GenBank		BOLD SYSTEM		BIN
			Especie	ID %	Especie	ID %	
<i>Pinnixa transversalis</i>	PeMar_I0633	5	<i>Achelous gibbesii</i>	82.07	<i>Pinnixa transversalis</i>	99.98	AEK5894

Tabla 13: Identificación de poríferos de la fauna submareal de la isla Santa en la base de datos GenBank y BOLD system.

Especie	Código PEMAR	Estación de muestreo	GenBank		BOLD SYSTEM	
			Especie	ID %	Especie	ID %
Esponja	PeMar_I1837	5	<i>Pseudosuberites sp</i>	93.81	<i>Pseudosuberites</i>	97.08
Esponja	PeMar_I1838	5	<i>Pseudosuberites sp</i>	95.81	<i>Pseudosuberites</i>	96.42
Esponja	PeMar_I1839	5	<i>Pseudosuberites sp</i>	94.17	<i>Pseudosuberites</i>	97.09
Esponja	PeMar_I1840	5	<i>Pseudosuberites sp</i>	95.67	<i>Suberites</i>	97.05
Esponja	PeMar_I1841	5	<i>Pseudosuberites sp</i>	95.82	<i>Suberites</i>	97.05

4.1.4. DELIMITACIÓN DE ESPECIES Y ANÁLISIS FILOGENÉTICO

Al aplicar los modelos PTP, bPTP y GMYC al grupo de los Bivalvos, se encontró concordancia entre ellos, indicando la existencia de cinco unidades taxonómicas operativas (MOTU). Asimismo, al realizar el análisis ABGD se encontró concordancia con el número de MOTUS obtenidos. El BOLD system, asignó a su vez cinco BINs concordantes con los análisis PTP, bPTP, GMYC y ABGP (Figura 14).

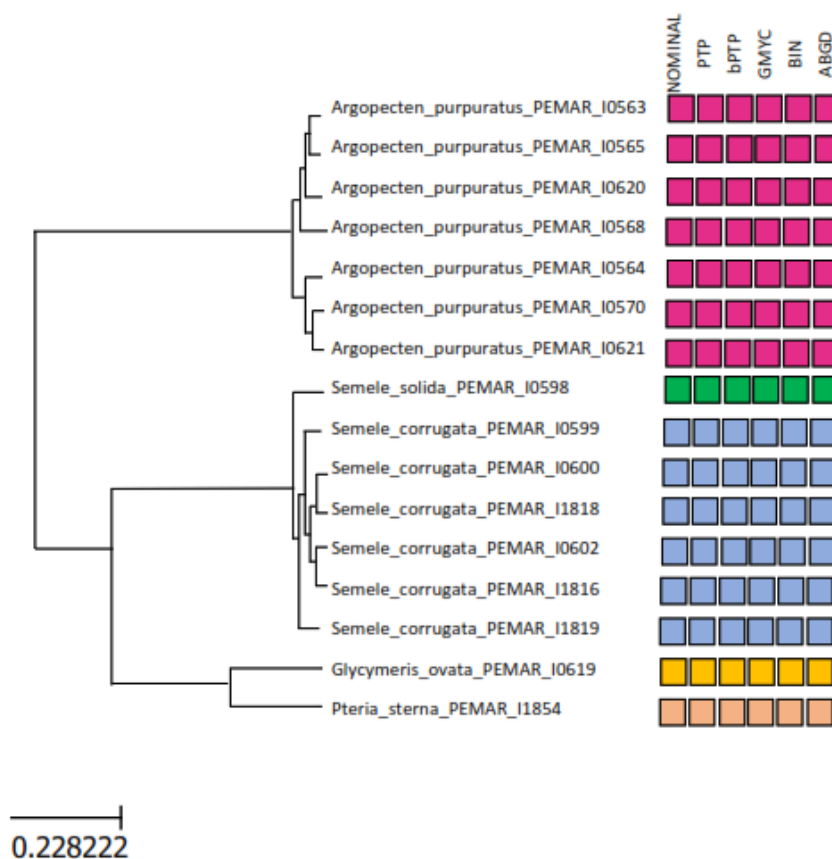


Figura 14. Árbol bayesiano de los organismos de la clase Bivalvia, que muestra la agrupación en cinco MOTUS obtenidos por los análisis de delimitación de especies usando los modelos PTP, bPTP, GMYC y los algoritmos de agrupación de especies ABGD y BIN.

En relación a los gasterópodos, los análisis de delimitación de especies PTP, bPTP, GMYC y los algoritmos de agrupación ABGD y BIN indicaron la existencia de siete MOTUS claramente delimitados (Figura 15).

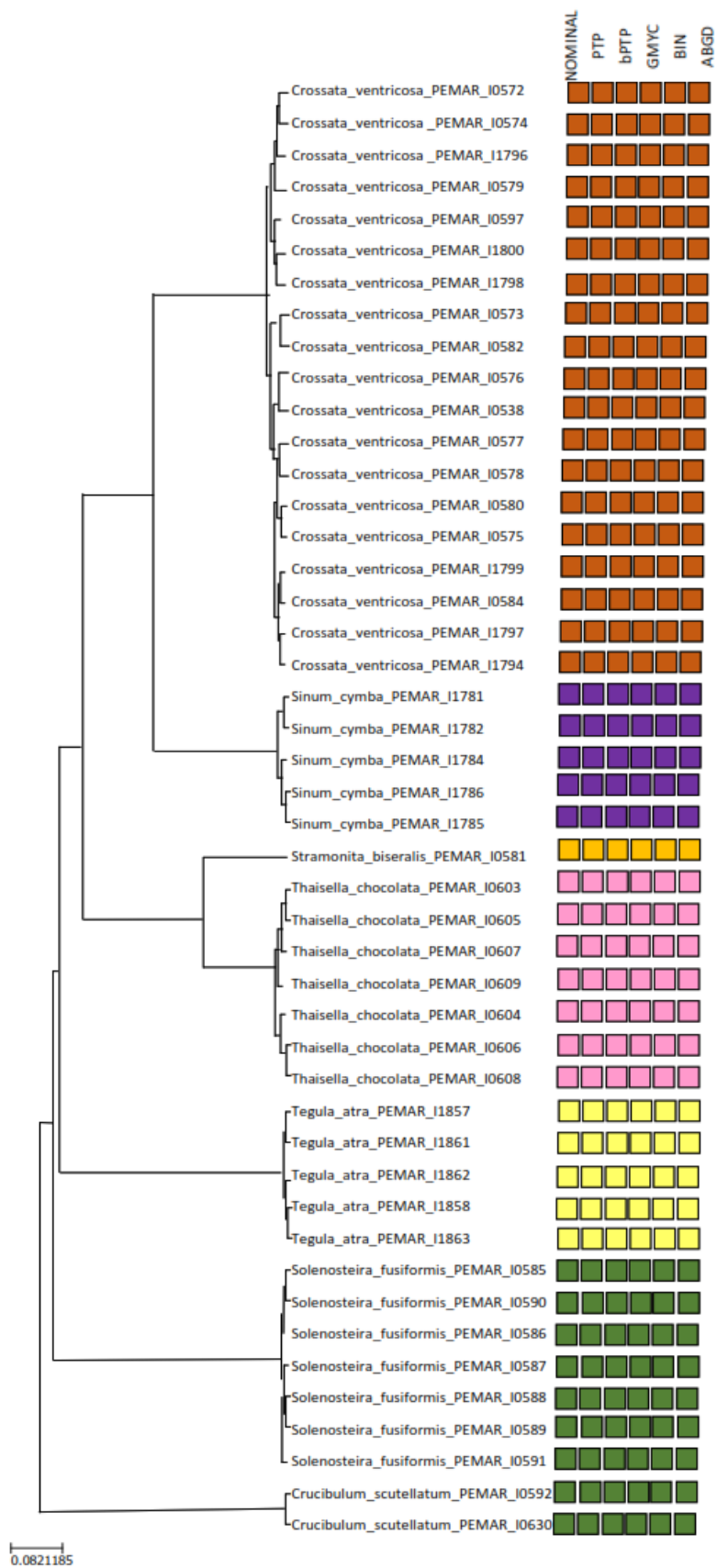


Figura 15. Árbol bayesiano de los organismos de la clase Gastropoda, que muestra la agrupación en siete MOTUs obtenidos por los análisis de delimitación de especies usando los modelos PTP, bPTP, GMYC y los algoritmos de agrupación de especies ABGD y BIN.

En el caso de los poliplacóforos, el análisis realizado con PTP, bPTP, GMYC, indicaron la presencia de tres MOTUS, corroborado además con el análisis ABGD y la determinación de tres BINs, mostrando que la delimitación de especies para este grupo estuvo claramente definida (Figura 16).

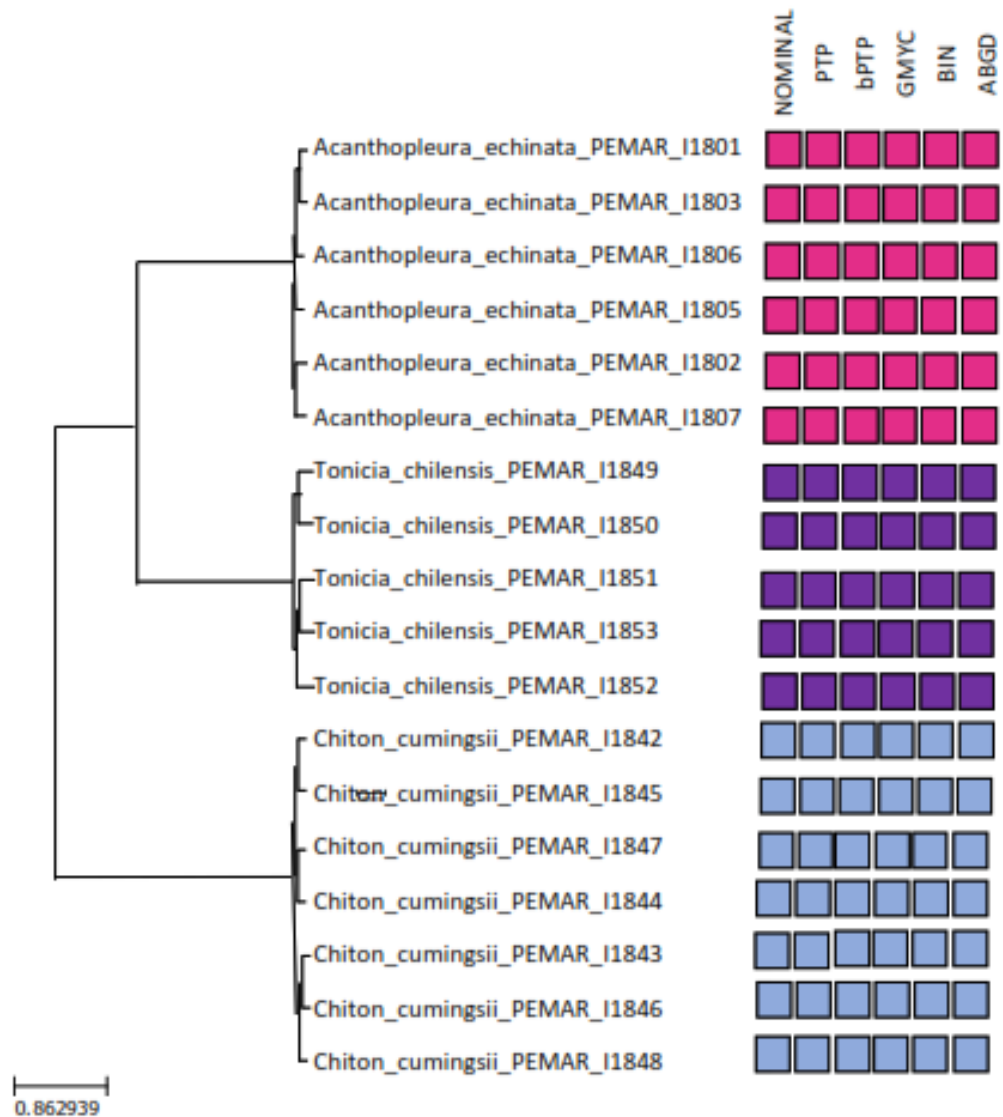


Figura 16. Árbol bayesiano de los organismos de la clase Polyplacophora, que muestra la agrupación en tres MOTUS obtenidos por los análisis de delimitación de especies usando los modelos PTP, bPTP, GMYC y los algoritmos de agrupación de especies ABGD y BIN.

Con respecto a los cnidarios, equinodermos, artrópodos, y cefalópodos, encontrados en el presente estudio, al estar representados por una sola especie por grupo se incluyeron dentro de un análisis general que involucró a todos los organismos recolectados, observándose en la Figura 17, un total de 19 MOTUS.

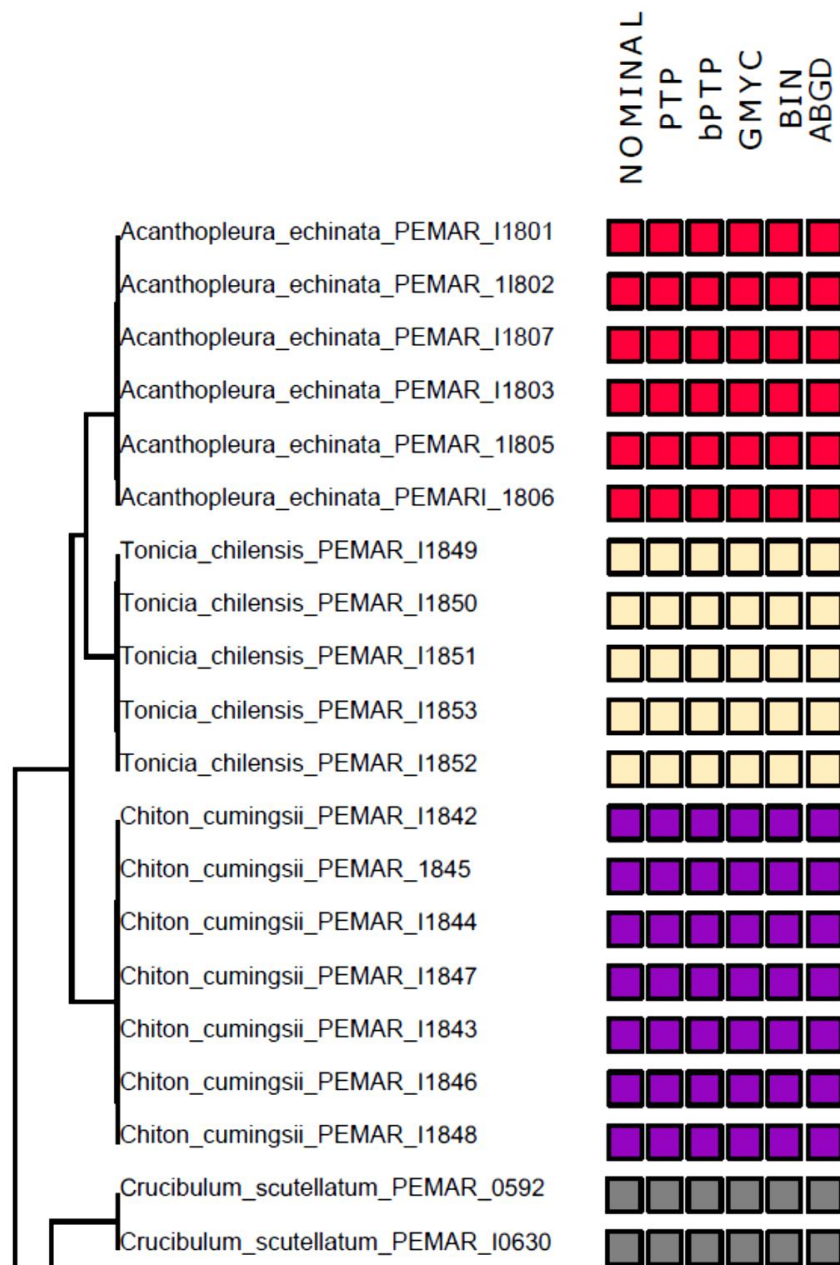


Figura 17. Árbol bayesiano de organismos de la fauna submareal de la isla Santa que muestra la agrupación en 19 MOTUs obtenidos por los análisis de delimitación de especies usando los modelos PTP, bPTP, GMYC y los algoritmos de agrupación de especies ABGD y BIN.

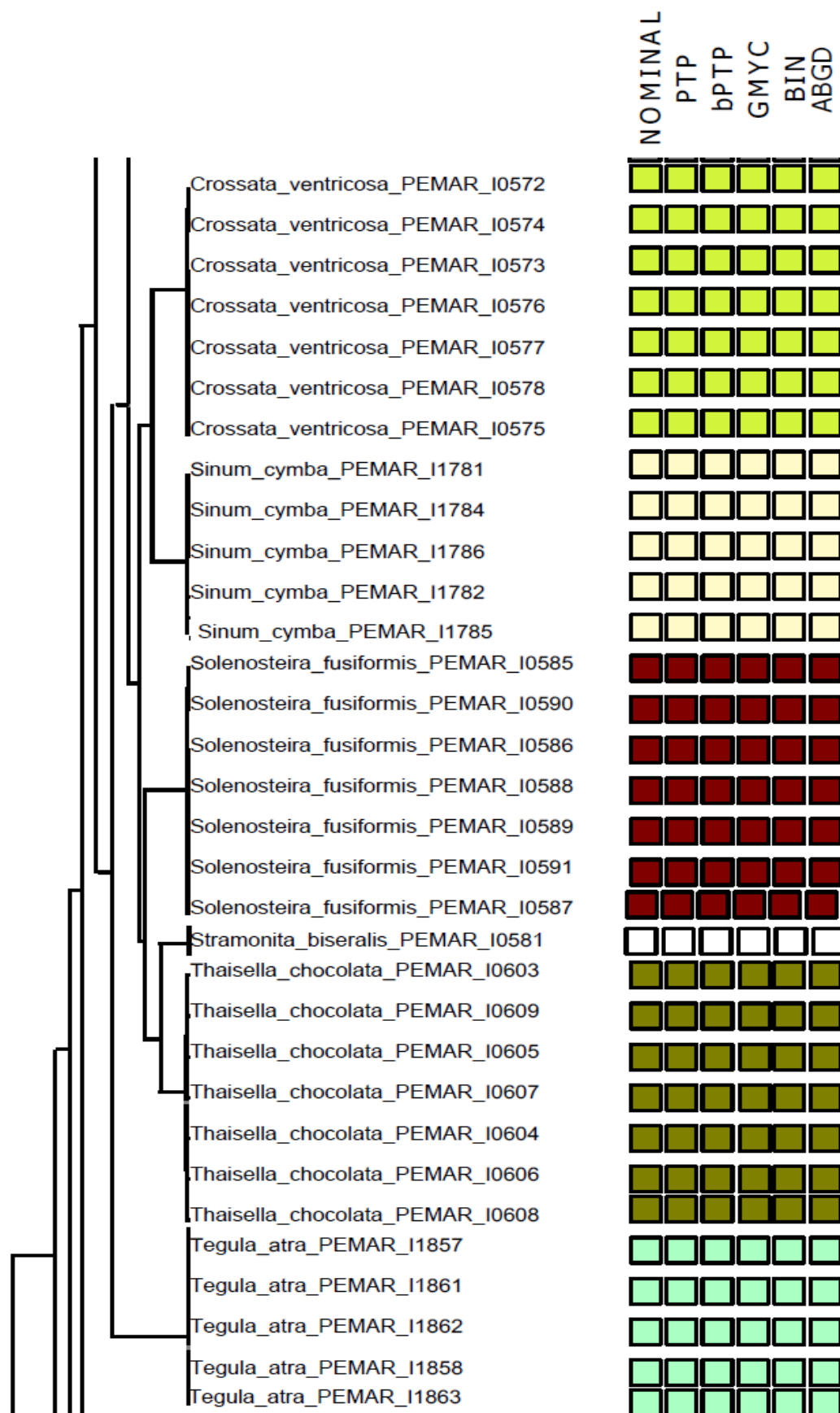


Figura 17. continuación.

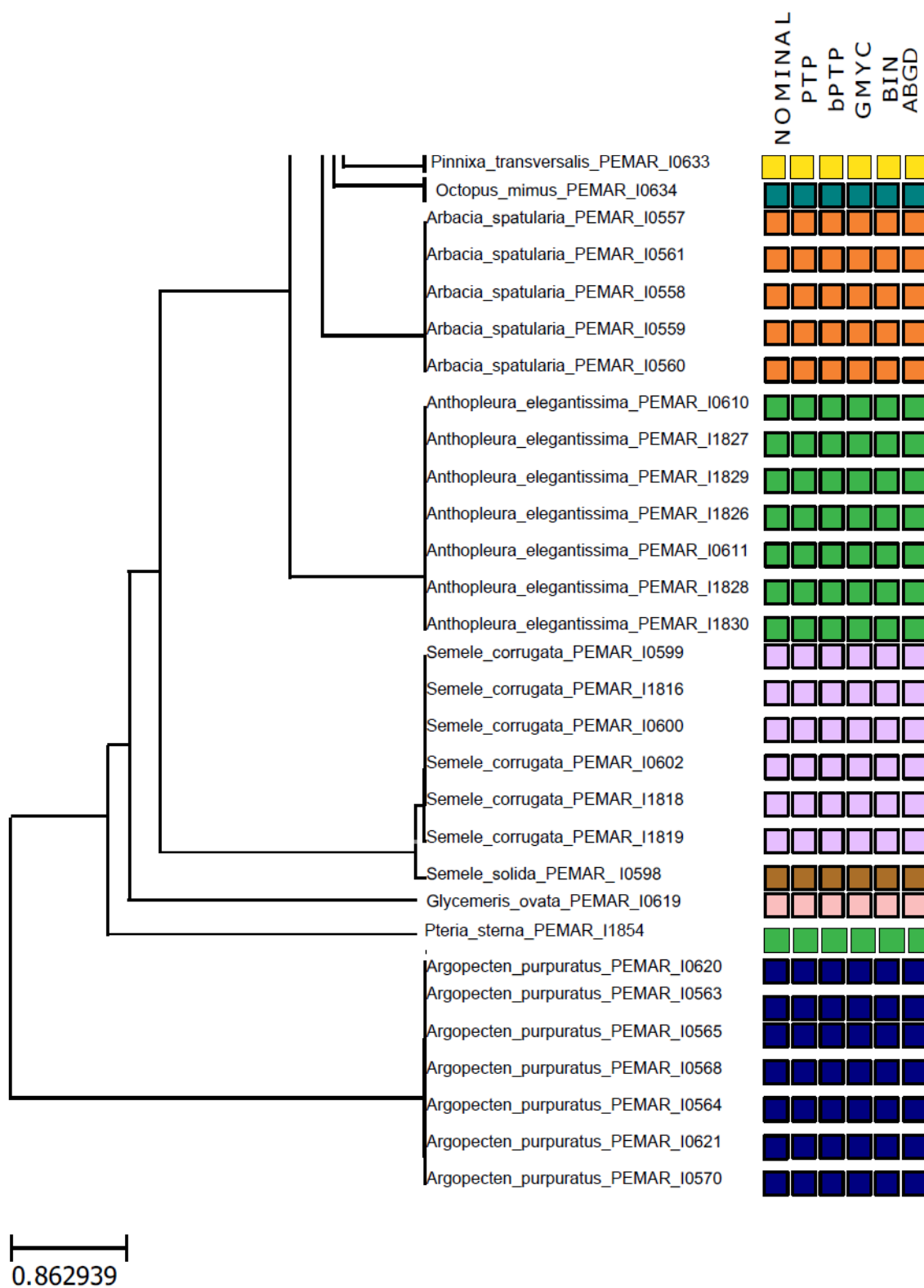


Figura 17. continuación.

Luego de subir las secuencias en el BOLD system, este solo asignó BINs a 19 especies (Tablas 6, 7, 8, 9, 10, 11 y 12), no asignó BIN a Pseudosuberites, debido a que esta presentaba menos de 500 pb (479 pb) por lo que no fue considerada al realizar la comparación entre los modelos PTP, bPTP, GMYC, ABGD y BIN, realizándose un análisis filogenético para obtener un árbol ultramétrico en el programa BEAST 2.4, el cual identificó 20 unidades taxonómicas con una divergencia de 0.20%, los números por encima de las ramas indican las probabilidades posteriores bayesianas (Figura 18).

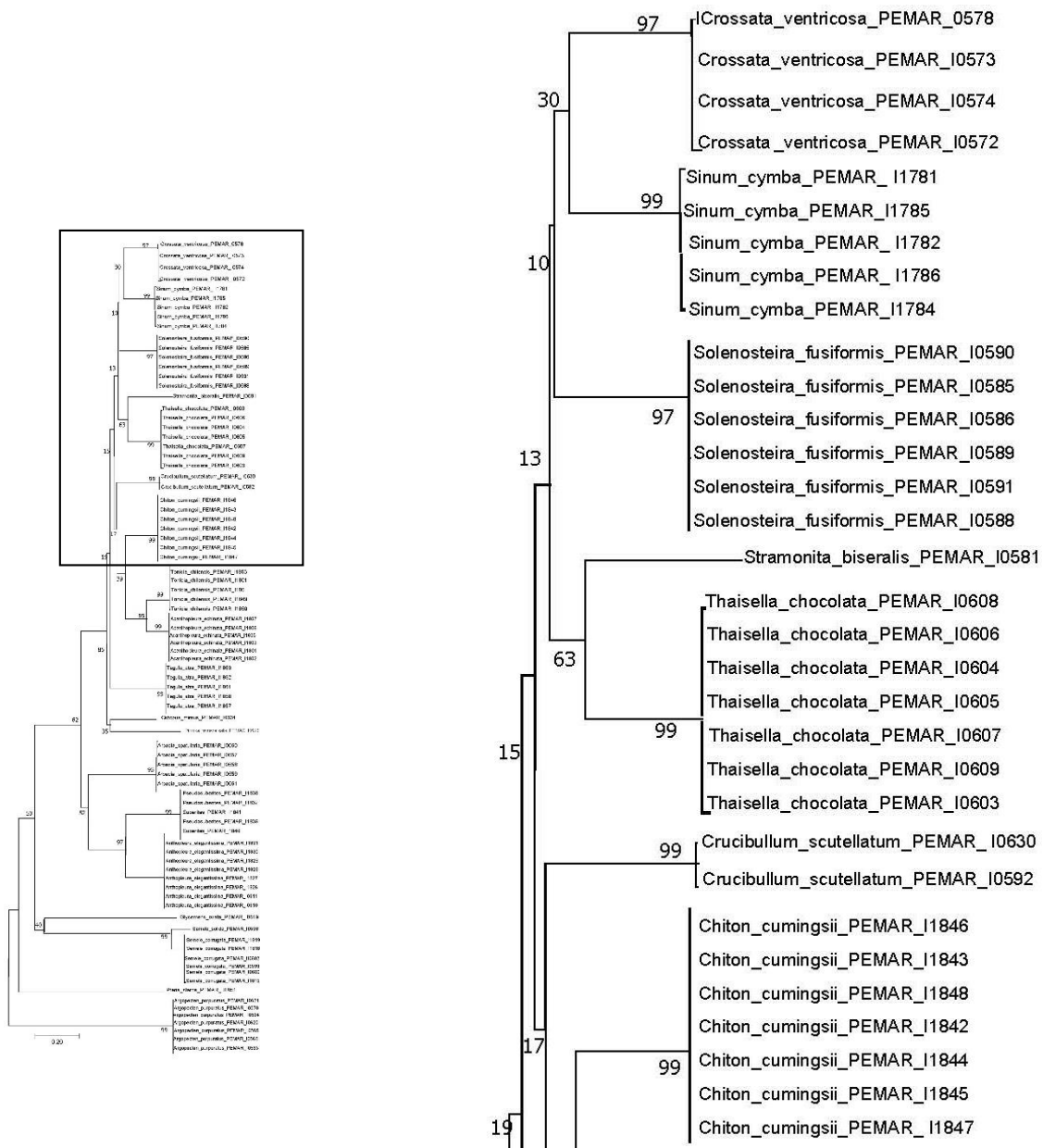


Figura 18. Árbol ultramétrico construido en el programa BEAST 2.4 mostrando la agrupación en 20 MOTUs de organismos de la fauna submareal de la isla Santa.

4.1.5. CÁLCULO DE LAS DISTANCIAS INTERESPECÍFICAS E INTRAESPECÍFICAS, Y *BARCODE GAP*

Los valores obtenidos para la distancia media interespecífica (mean. intra.), máxima intraespecífica (Max. Intra.), el vecino más cercano (NN), y la distancia mínima interespecíficas (Min. Inter), de la clase Bivalvia obtenidas mediante el modelo Kimura 2-parameter (K2P) se muestran en el Tabla 14.

Tabla 14: Distancias genéticas K2P de la clase Bivalvia. Obtenidos para PTP, bPTP y GMYC MOTUs. Los valores están expresados en porcentajes.

PTP, bPTP y GMYC MOTUs	Mean Intra.	Max. Intra.	NN	Min. Inter.
<i>Argopecten purpuratus</i>	0.19	0.42	<i>Pteria sterna</i>	10
<i>Glycymeris ovata</i>	---	---	<i>Pteria sterna</i>	48.73
<i>Semele corrugata</i>	0.21	0.63	<i>Semele solida</i>	9.25
<i>Semele solida</i>	---	---	<i>Semele corrugata</i>	9.25
<i>Pteria sterna</i>	--	--	<i>Glycymeris ovata</i>	16

(--) No se registra distancia intraespecífica por ser secuencia única.

Los bajos porcentajes mostrados en las distancias intraespecíficas (0.19 % - 0.63 %) y los porcentajes elevados de las distancias interespecíficas (48.73 %) corroboran la delimitación de cinco especies para la clase Bivalvia.

Del mismo modo, los resultados mostrados en la Figura 19, confirman la existencia de un *barcode gap*, siendo congruentes con lo establecido en los análisis previos.

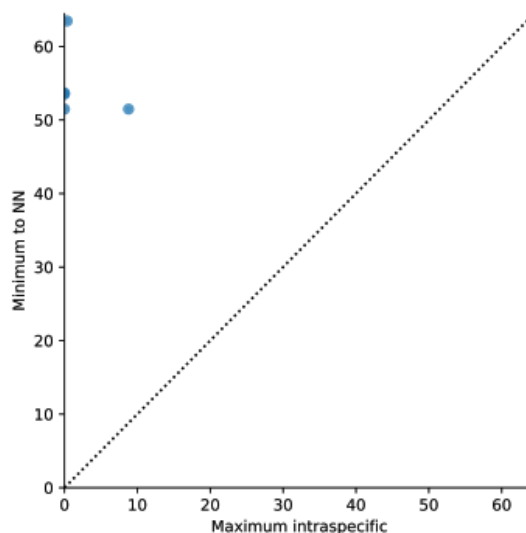


Figura 19. *Barcode gap* encontrado entre las especies pertenecientes a la clase Bivalvia. Los puntos por encima de la línea puntuada muestran que la distancia mínima interespecífica es mayor que la máxima intraespecífica.

Para el caso de los gasterópodos, los valores de la distancia mínima intraespecífica fue de 0.23 % y la distancia máxima intraespecífica fue 3 % para *Thaisella chocolata*. Con respecto a las distancias interespecíficas el valor máximo fue de 21.94 % y el valor mínimo fue de 9.25% (Tabla 15).

Tabla 15. Distancias genéticas K2P de la clase Gastropoda, obtenidos para PTP, bPTP y GMYC MOTUs. Los valores están expresados en porcentajes.

PTP, bPTP y GMYC MOTUs	Mean Intra.	Max. Intra.	NN	Min. Inter.
<i>Crucibulum scutellatum</i>	--	--	<i>Sinum cymba</i>	22
<i>Crossata ventricosa</i>	0.58	1.26	<i>Sinum cymba</i>	16
<i>Sinum cymba</i>	0.51	0.84	<i>Crossata ventricosa</i>	16.48
<i>Solenosteira fusiformis</i>	0.49	1.05	<i>Sinum cymba</i>	18.6
<i>Tegula atra</i>	0.1	0.23	<i>Sinum cymba</i>	21.94
<i>Thaisella chocolata</i>	1.65	3	<i>Crossata ventricosa</i>	20.55
<i>Stramonita biserialis</i>	--	--	<i>Thaisella chocolata</i>	23

(--) No se registra distancia intraespecífica por ser secuencia única.

La Figura 20, muestra el análisis de *barcode gap* realizado a la clase Gastropoda, confirmando la delimitación de especies.

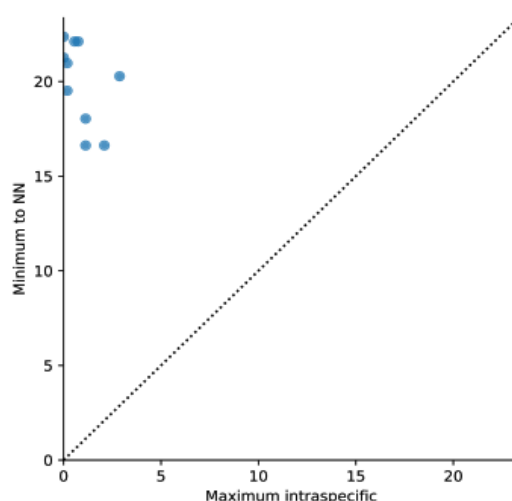


Figura 20. *Barcode gap* encontrado entre las especies pertenecientes a la clase Gastropoda. Los puntos por encima de la línea puntuada muestran que la distancia mínima interespecífica es mayor que la máxima intraespecífica.

Con respecto al grupo de los poliplacóforos, la distancia mínima intraespecífica fue de 0.0 %, la distancia media intraespecífica fue de 0.42 % y la distancia máxima intraespecífica fue 0.83 % para *T. chilensis*. Con respecto a las distancias interespecíficas estas estuvieron entre 20.77 % y 23.13 % corroborando la delimitación de tres especies distintas (Tabla 16).

Tabla 16. Distancias genéticas K2P de la clase Polyplacophora, obtenidos para PTP, bPTP y GMYC MOTUs. Los valores están expresados en porcentajes.

PTP, bPTP y GMYC MOTUs	Mean Intra.	Max. Intra.	NN	Min. Inter.
<i>Acanthopleura echinata</i>	0.21	0.42	<i>Tonicia chilensis</i>	23.13
<i>Chiton cumingsii</i>	0.11	0	<i>Tonicia chilensis</i>	20.77
<i>Tonicia chilensis</i>	0.42	0.83	<i>Acanthopleura echinata</i>	23.13

(--) No se registra distancia intraespecífica por ser secuencia única

La Figura 21 muestra el análisis del *barcode gap* para las especies de la clase Polyplacophora incluidas en el estudio. Los puntos situados

por encima de la línea diagonal indican que las distancias entre especies superan las variaciones dentro de cada una, evidenciando una clara separación genética. Este patrón confirma la delimitación de especies realizadas con los modelos PTP, bPTP, GMYC, ABGD y BIN.

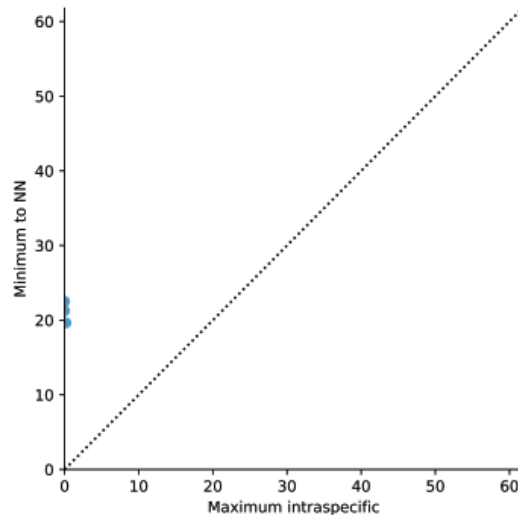


Figura 21. *Barcode gap* encontrado entre las especies pertenecientes a la clase Polyplacophora. Los puntos por encima de la línea puntuada muestran que la distancia mínima interespecífica es mayor que la máxima intraespecífica.

4.1.7. GENERACIÓN DEL CATÁLOGO DE ESPECIES IDENTIFICADAS, MEDIANTE FICHAS DESCRIPTIVAS

Se generó un catálogo de especies de la fauna submareal de la isla Santa, que incluye el código de barras asignado por el Bold System (Anexo 1).

4.2. DISCUSIÓN

El análisis de Coordenadas Principales (PCoA) basado en la disimilitud de Bray–Curtis mostró una separación clara entre los grupos correspondientes a los dos muestreos, lo que evidencia una variación temporal significativa en la composición de especies (Figura 11). Esta tendencia fue confirmada estadísticamente mediante el análisis PERMANOVA (Tabla 5), donde el factor Muestreo presentó diferencias significativas ($p < 0.05$). Dicho resultado sugiere que la comunidad bentónica submareal experimenta un recambio de especies a lo largo del tiempo, probablemente influenciado por fluctuaciones estacionales, procesos de reclutamiento o variaciones en la productividad primaria.

La dinámica temporal observada concuerda con estudios realizados en ambientes costeros del Pacífico suroriental, donde los patrones de surgencia y los cambios en las masas de agua modulan la disponibilidad de recursos y, por tanto, la estructura de las comunidades biológicas (Riascos *et al.*, 2016, p.71).

Por otro lado, el análisis entre estaciones de muestreo no encontró diferencias significativas ($p > 0.05$), lo que indica que el tipo de organismos presentes es similar entre las estaciones analizadas. Esta homogeneidad espacial sugiere que las condiciones físicas y biológicas en el entorno inmediato de la isla son relativamente uniformes, permitiendo una distribución continua de las especies en el área submareal. Además, la conectividad entre microhábitats podría favorecer la dispersión larval y el intercambio genético entre poblaciones, generando una estructura comunitaria estable a escala local (Peluso *et al.*, 2024).

Altamirano y Yáñez (2016) señalaron que la supervivencia y el bienestar económico de la humanidad dependen de la diversidad biológica, dado que esta provee bienes y servicios a través de ecosistemas funcionalmente estables (p. 7). Esta afirmación respalda la importancia del Código de Barras de ADN como herramienta eficaz para la investigación orientada a la conservación de la biodiversidad. Además de su valor técnico–científico,

esta metodología contribuye a la socialización del conocimiento, al acceso abierto y a la democratización del bioconocimiento, y se ha incorporado como recurso pericial en la detección de delitos ambientales.

Maxwell *et al.* (2020) destacaron que la identificación de especies animales es esencial para conceptualizar la biodiversidad global y, a partir de ello, establecer estrategias de uso sostenible y protección según su estado de conservación (p. 22). En este contexto, uno de los objetivos del presente estudio fue identificar y catalogar molecularmente organismos de la fauna submareal de la isla Santa.

Padial y De la Riva (2007) sostuvieron que el Código de Barras de ADN no reemplaza a la taxonomía basada en características morfológicas, sino que la complementa, constituyéndose en una herramienta que refuerza la correcta identificación de las especies (p. 67). En el mismo sentido, Goldstein y DeSalle (2011) afirmaron que esta técnica debe estar respaldada por una identificación taxonómica tradicional (p. 143) (ver Tabla 4). Los resultados del estudio confirman la eficacia del Código de Barras de ADN cuando se emplea en combinación con la taxonomía clásica, hallazgo coincidente con los reportados por González (2019, p. 57), Rodríguez (2021, p. 85) e Ingar (2022, p. 98), quienes identificaron invertebrados marinos, incluyendo bivalvos, cefalópodos, gasterópodos, poliplacóforos y crustáceos, mediante esta técnica molecular.

Al comparar las especies registradas en este estudio con las reportadas por Hooker (2011, p. 28) para la isla Santa se identificaron tres especies de moluscos bivalvos no reportadas previamente: *Glycymeris ovata*, *Semele corrugata* y *Pteria sterna*. Blaxter (2004) señaló que el número de especies descritas en estudios de biodiversidad representa solo una fracción del número total estimado de taxones existentes (p. 669). Cabe destacar que, en el ámbito de la RNSIIPG, las investigaciones sobre diversidad acuática se han centrado principalmente en recursos pesqueros. En este contexto, el presente trabajo constituye el segundo reporte de especies para la isla Santa y el primero en aplicar técnicas de identificación molecular.

En el caso de los gasterópodos, la identificación combinada (taxonómica y molecular) permitió registrar especies distintas a las reportadas por Hooker (2011, p. 28), lo que evidencia una actualización significativa del inventario de la isla Santa. Mientras Hooker identificó *Crucibullum quiriquinae*, *Stramonita chocolata*, *Stramonita delessertiana* y *Solenosteira gatessi*, en el presente estudio se registraron, mediante Código de Barras de ADN, las especies *Crucibullum scutellatum*, *Stramonita biserialis* y *Solenosteira fusiformis*. Estos resultados confirman el valor añadido que aportan los análisis moleculares, los cuales, como señaló Sánchez (2016), complementan eficazmente la identificación morfológica al incorporar información genética que facilita la caracterización precisa de la biodiversidad (p. 15). De forma concordante, Robainas-Barcia y García-Machado (2012) destacaron que el Código de Barras de ADN permite la asignación de individuos con alta precisión a diferentes taxones, abarcando grupos tan diversos como aves, moluscos, peces, insectos, crustáceos y primates (p. 4).

De los 163 organismos identificados inicialmente mediante taxonomía tradicional, únicamente 105 pudieron ser analizados e identificados molecularmente, cifra coherente con estudios similares en biodiversidad marina, donde la calidad del ADN y otros factores técnicos limitan el éxito de la secuenciación. Las secuencias consenso obtenidas fueron comparadas en las bases de datos NCBI y BOLD Systems, clasificándose los organismos en bivalvos (20), gasterópodos (46), poliplacóforos (18), cnidarios (8), equinodermos (5), poríferos (5), artrópodos (2) y cefalópodos (1) (Tablas del 5 al 12).

Para la delimitación de especies, se adoptaron los criterios de Hebert *et al.* (2003, p. 318) y Lanteri (2007, p. 18), quienes establecen que una divergencia genética intraespecífica superior al 3% puede indicar la presencia de especies diferentes. En este estudio, los valores observados de divergencia fueron inferiores a dicho umbral (Fig. 15), lo que permitió establecer con alta confianza la existencia de 20 especies distintas, aportando un registro molecular sólido que refuerza la línea base para la gestión y conservación de la biodiversidad submareal de la isla Santa.

La comparación de las secuencias en ambas bases de datos reveló que el 83 % alcanzó un porcentaje de identidad superior al 99 % en BOLD Systems, mientras que únicamente el 38 % logró ese nivel en NCBI. Esta diferencia se debe a que BOLD Systems es el principal repositorio especializado en secuencias de Código de Barras de ADN basadas en el gen COI, lo que le otorga una mayor robustez y confiabilidad para este tipo de estudios (Meiklejohn *et al.*, 2019, p. 2). Este resultado subraya la importancia de priorizar BOLD Systems como base de referencia en la identificación molecular de especies animales, utilizando NCBI como un recurso complementario. Idealmente, todas las secuencias de códigos de barras depositadas en bases de datos deberían provenir de organismos identificados por expertos taxónomos. No obstante, es posible encontrar errores derivados de identificaciones incorrectas del material original, técnicas de aislamiento deficientes, registros duplicados por sinonimias no resueltas o fallos en la amplificación por PCR.

En este estudio, por ejemplo, los ejemplares PeMar_I0572 a PeMar_I0577 (Tabla 6) fueron identificados por NCBI como *Marsupina nana*, mientras que BOLD Systems los reportó como *Crossata ventricosa* o *Bursa ventricosa*, consideradas sinónimos taxonómicos, con un ID de hasta 100 %. Asimismo, el ejemplar PeMar_I0619, identificado morfológicamente como *Glycymeris ovata*, fue clasificado en NCBI como *Glycymeris yessoensis*, mientras que BOLD Systems confirmó la identificación original con un ID del 99.82 %. Estos casos reflejan la necesidad de verificar las identificaciones moleculares mediante una estrategia de validación cruzada que incluya la comparación entre diferentes bases de datos y la corroboración con la taxonomía tradicional. Como señalaron Ortega *et al.* (2013) las técnicas moleculares son herramientas clave para contrastar y validar datos morfológicos a partir de información genética obtenida mediante marcadores moleculares (p. 26).

Con respecto a los poliplacóforos, se detectó una inconsistencia en la identificación molecular del género *Tonicia*, mientras que NCBI reportó la especie como *Tonicia lineolata* con un ID máximo de 99.84%, BoldSystem la identificó como *Tonicia chilensis* con un ID de 100%. Este tipo de

discrepancias, como advirtieron Sundberg *et al.*, (2016), pone en cuestión la correcta identidad taxonómica de algunas secuencias en repositorios de referencia como NCBI y BoldSystem (p. 15). Estos hallazgos refuerzan la necesidad de un control riguroso en la designación taxonómica de los organismos antes de su inclusión en bases de datos moleculares, evitando así errores que puedan generar confusión y controversia en estudios posteriores. La verificación cruzada y la revisión por especialistas taxonómicos resultan esenciales para asegurar la fiabilidad de los datos.

En la identificación taxonómica y molecular de los artrópodos reportados en este estudio, las secuencias consenso comparadas en ambas bases de datos no alcanzaron un porcentaje de similitud superior al 90 %. Según Pejovic *et al.* (2016), para que una identificación molecular se considere fiable, es necesario un porcentaje mínimo de identidad del 99 % en cualquiera de las bases de datos consultadas (p. 10).

Goldstein y DeSalle (2011) describieron diversas metodologías para analizar datos en proyectos de Código de Barras de ADN, entre ellas la identificación basada en distancia o divergencia genética (p. 142). Esta se determina por el porcentaje de sitios nucleotídicos que difieren entre una secuencia desconocida y aquellas presentes en la base de datos de referencia, aplicando la corrección del modelo de sustitución nucleotídica Kimura de 2 parámetros (K2P) (Kimura, 1980). En el presente estudio, las distancias genéticas K2P se utilizaron para realizar el análisis de barcode gap (Fig. 19, 20 y 21), el cual evidenció una separación clara entre la distancia mínima al vecino más cercano y el valor máximo intraespecífico en las clases Bivalvia, Gasteropoda y Polyplacophora.

Asimismo, los cálculos de distancia intraespecífica e interespecífica (Tablas 14, 15 y 16) permitieron corroborar la existencia de cinco MOTUS para el grupo de bivalvos, siete para gasterópodos y tres para poliplacóforos. Estos resultados son consistentes con lo propuesto por los defensores del Código de Barras de ADN, quienes establecen valores estimativos del 1–2 % de divergencia en el ADNmt para variación intraespecífica y valores mayores para diferenciar especies (Hebert *et al.*, 2004; Lanteri, 2007).

En el presente estudio los cnidarios, equinodermos, artrópodos, y cefalópodos estuvieron representados por una sola especie, por lo que se realizó un análisis que involucró a todos los organismos recolectados delimitándose un total de 19 MOTUS (Figura 17) con una divergencia de 0.86 %. Esta delimitación estuvo sólidamente respaldada por la aplicación de los modelos PTP, bPTP y GMYC y los algoritmos de agrupación de especies ABGD y BIN (Zhang *et al.*, 2013 p. 2870), cuyos resultados fueron consistentes entre sí, lo que refuerza la efectividad del gen COI en la identificación de las especies analizadas. En este sentido, Elias *et al.* (2007) señalaron que la identificación molecular se sustenta en la posición que ocupa una secuencia desconocida dentro de una filogenia, en función de su cercanía evolutiva con otras secuencias pertenecientes a un mismo grupo monofilético.

Asimismo, Blaxter (2004) señaló que el uso de MOTUs no solo permite la identificación rápida y precisa de la mayoría de los taxones, incluidos aquellos que no se habían registrado previamente, sino que también facilita la investigación de los patrones evolutivos de las especies (p. 670). Este enfoque, aplicado en el presente estudio, no solo amplía el inventario taxonómico de la isla Santa, sino que también aporta información valiosa para comprender la historia evolutiva y las relaciones filogenéticas de su fauna submareal.

Si bien el Código de Barras de ADN basado en la secuencia del gen mitocondrial COI ha demostrado ser una herramienta eficaz para la identificación de la mayoría de los grupos animales, aún persisten limitaciones en su aplicación a ciertos taxones, como Porifera (esponjas) y Cnidaria (Shearer *et al.*, 2002; Hebert *et al.*, 2003). En el caso del presente estudio, los ejemplares PEMAR_I1837, PEMAR_I1838, PEMAR_I1839, PEMAR_I1840 y PEMAR_I1841, identificados morfológicamente como *Pseudosuberites sp.*, registraron porcentajes de identidad inferiores al 97.08 % tanto en GenBank como en el BOLD Systems.

Shearer *et al.* (2002) señalaron que el gen COI presenta una tasa evolutiva relativamente lenta en estos grupos, lo cual se traduce en distancias genéticas muy reducidas entre especies filogenéticamente próximas, dificultando una identificación precisa a nivel específico.

En este estudio, el bajo porcentaje de identidad (menor a 99 %), reportado para los poríferos (Tabla 13) respalda la necesidad de incorporar genes complementarios que mejoren la resolución taxonómica. Entre las alternativas metodológicas recomendadas se incluyen la secuenciación de fragmentos más extensos del gen COI y la utilización del marcador nuclear Internal Transcribed Spacer (ITS), los cuales podrían aumentar la confiabilidad en la delimitación molecular de especies en futuros análisis filogenéticos y de biodiversidad marina, tal como lo realizaron Bertolino *et al.* (2023) en la identificación del Género *Cladocroce*.

Uso del Catálogo de especies identificadas mediante ADN Barcode en el Fortalecimiento del Plan de Manejo como Reserva Natural

La identificación molecular, mediante el uso de Códigos de Barras de ADN, permitió elaborar un catálogo ilustrado de la fauna submareal de la isla Santa (Áncash, Perú), que incluye especies de bivalvos, crustáceos y gasterópodos escasamente documentadas en la zona. Más allá de su valor descriptivo, este catálogo constituye una herramienta estratégica para el diseño e implementación de estrategias de conservación basadas en evidencia científica, contribuyendo a reducir vacíos de información y a fortalecer la planificación de la Reserva Nacional Sistema de Islas, Islotes y Puntas Guaneras (RNSIIPG).

En este contexto, se reconocen dos enfoques fundamentales para la conservación de la biodiversidad: (1) la protección de especies o poblaciones específicas y (2) la protección de los hábitats en los que estas se desarrollan (Esquivel, 2016, p. 110; Primack & Vidal, 2019, p. 45). La integración efectiva de ambos enfoques requiere información taxonómica actualizada y confiable, especialmente en ecosistemas marinos con vacíos significativos de conocimiento. El catálogo ilustrado obtenido en este estudio aporta datos

moleculares y morfológicos que fortalecen simultáneamente las acciones de conservación centradas en especies y las estrategias de manejo orientadas a la protección de hábitats críticos.

Las estrategias contemporáneas de manejo de recursos naturales reconocen la urgencia de contar con inventarios biológicos acelerados como base para una gestión ecosistémica sostenible (National Park Service, 2005, p. 5) Sin embargo, en la planificación de áreas marinas protegidas persisten sesgos taxonómicos, dado que suelen priorizar especies emblemáticas o megafauna carismática, excluyendo comunidades subacuáticas clave como bancos naturales de bivalvos, crustáceos, gasterópodos y monoplacóforos (SERNANP, 2018). Esta subrepresentación limita la efectividad de las medidas de conservación, en especial en ecosistemas submareales caracterizados por su alta diversidad y funcionalidad ecológica. La información generada en este estudio contribuye a reducir dicha brecha, proporcionando una base sólida para integrar estas comunidades en los planes de manejo y conservación.

De manera similar, Guerra-García *et al.* (2022, p. 1) advierten que la investigación sobre biodiversidad marina presenta un sesgo geográfico, concentrándose principalmente en ecosistemas intermareales y submareales costeros de fácil acceso. Amplias áreas marinas, en especial aquellas alejadas de la costa o con condiciones de muestreo complejas, permanecen insuficientemente exploradas. Esta brecha de conocimiento limita la capacidad de las reservas naturales para contar con inventarios representativos de su biodiversidad.

En este sentido, la caracterización molecular de especies realizada en zonas como la isla Santa no solo amplía el registro taxonómico regional, sino que también fortalece las bases científicas para la toma de decisiones en conservación y gestión adaptativa. Además, la metodología aplicada en este estudio puede ser replicada en otras áreas con similar falta de información, contribuyendo a reducir los sesgos geográficos en la investigación marina.

La planificación de las Áreas Naturales Protegidas (ANP) en el Perú se organiza en distintos niveles jerárquicos de gestión establecidos por normativa nacional, que incluyen: (1) el Plan Director del Sistema Nacional Rede ANP, (2) el Plan Maestro específico de cada ANP, (3) el Plan Operativo Anual y (4) los Planes Específicos para usos o ecosistemas particulares (INRENA, 2015, p. 6). Cada uno de estos instrumentos cumple una función diferenciada dentro del ciclo de planificación estratégica y operativa.

En el caso de la Reserva Nacional Sistema de Islas, Islotes y Puntas Guaneras (RNSIIPG), el único documento vigente es el Plan Maestro 2016–2020 (SERNANP, 2016), que establece lineamientos generales de conservación e identifica tres ecosistemas prioritarios: insular, intermareal y submareal. Sin embargo, este documento carece de planes específicos para la gestión diferenciada del ecosistema submareal, a pesar de su alta relevancia ecológica y económica. Este vacío de planificación limita la efectividad de las estrategias de conservación y resalta la necesidad de integrar los hallazgos de este estudio como insumo técnico-científico para fortalecer el manejo de este ecosistema.

Frente a la ausencia de planes específicos para el ecosistema submareal en la RNSIIPG, se proponen las siguientes acciones estratégicas, orientadas a fortalecer y actualizar su Plan de Manejo bajo un enfoque ecosistémico, participativo y adaptativo:

1° Evaluar y monitorear la biodiversidad: identificar especies clave y hábitats sensibles, comprender sus interacciones ecológicas e implementar un sistema de monitoreo continuo que registre cambios en la biodiversidad a lo largo del tiempo (Jiang *et al.*, 2024, p13, generando insumos para la toma de decisiones de manejo (Arkema *et al.*, 2024, p. 990)

2° Zonificar ecológicamente y promover el uso sostenible: delimitar con precisión zonas núcleo, de amortiguamiento (buffer) y de uso múltiple, conciliando la conservación con actividades humanas sostenibles como la

pesca artesanal y el ecoturismo, garantizando así la preservación de los servicios ecosistémicos (Grorud – Colvert *et al.*, 2021, p. 3).

3° Fomentar la participación comunitaria y la educación ambiental: involucrar activamente a las comunidades costeras en el diseño, implementación y seguimiento del plan, complementado con programas de educación ambiental marina adaptados al contexto local (Jian *et al.*, 2024, p.12)

4° Restaurar hábitats y poblaciones vulnerables: incorporar medidas de restauración en áreas degradadas y para especies en riesgo, priorizando zonas de alto valor ecológico (Arkema *et al.*, 2024, p. 999)

5° Impulsar la gobernanza colaborativa: articular esfuerzos entre SERNANP, universidades, organizaciones pesqueras, municipios y otros actores para generar plataformas de gobernanza multiescalas orientadas a la gestión integrada de la reserva (Fidler *et al.* 2022, p.7).

6° Revisar y adaptar el plan de manera continua: concebir el plan de manejo como un instrumento dinámico, sujeto a evaluaciones periódicas y ajustes según nuevas evidencias científicas, cambios socioambientales y aprendizajes institucionales (Bryce y Hunter, 2024, p.12)

En síntesis, la mejora de un plan de manejo para una reserva marina requiere la integración de acciones interrelacionadas abordadas de forma sistemática y adaptativa. Entre las más relevantes se incluyen: el monitoreo continuo de la biodiversidad, la zonificación ecológica basada en evidencia, la participación activa de las comunidades locales, la implementación de programas de restauración, la articulación institucional y la revisión periódica de las estrategias aplicadas.

Estas medidas no solo fortalecen la conservación de los recursos marinos, sino que también aseguran su uso sostenible a largo plazo. En este marco, disponer de información científica robusta y actualizada, como la generada mediante inventarios moleculares, es un insumo esencial para la toma de decisiones informadas en la gestión de Áreas Naturales Protegidas. Al

respecto Giangrande (2003) menciona que un conocimiento básico de la biodiversidad general, en términos de riqueza de especies de un AMP propuesto, por ejemplo, es esencial, con un estudio detallado que proporcione las listas taxonómicas necesarias para la caracterización de los biotopos y un conjunto de datos de referencia para futuras comparaciones. El catálogo ilustrado elaborado en este estudio constituye un ejemplo concreto de esta clase de herramienta estratégica.

En este marco, la identificación molecular mediante códigos de barras de ADN de la fauna submareal de la isla Santa permitió la elaboración de un catálogo ilustrado de especies, que se constituye en una herramienta estratégica para fortalecer el Plan Maestro de la Reserva Nacional Sistema de Islas, Islotes y Puntas Guaneras (RNSIIPG).

Como destacan Altamirano y Yáñez (2016), la creación y mantenimiento de bibliotecas digitales de códigos de barras de ADN en zonas de alta sensibilidad ecológica aportan una base científica sólida para: (1) la identificación taxonómica precisa, (2) el monitoreo de fluctuaciones poblacionales y (3) el análisis de la distribución geográfica de las especies en distintas escalas espacio-temporales. Asimismo, estas bases de datos permiten evaluar el impacto de los factores antrópicos sobre la biodiversidad, contribuyendo al diseño de medidas de conservación más efectivas, adaptativas y contextualizadas.

La inclusión de catálogos taxonómicos actualizados en los planes de manejo de Áreas Naturales Protegidas (ANP) mejora de forma significativa la delimitación de zonas núcleo, corredores biológicos y áreas prioritarias para restauración. Sarquis *et al.* (2021) revalorizan la importancia de contar con inventarios completos y actualizados como base para realizar análisis de priorización espacial.

Asimismo, estos instrumentos facilitan el diseño de estrategias de adaptación frente al cambio climático, al identificar especies y ecosistemas más vulnerables a variaciones ambientales y permitir la implementación de acciones preventivas basadas en evidencia científica (Urban *et al.*, 2022, p.

3). El catálogo generado en el presente estudio cumple con estas funciones, aportando un insumo clave para la planificación espacial y la priorización de acciones de conservación en la RNSIIPG.

En el Perú, los catálogos de biodiversidad respaldan la Estrategia Nacional de Diversidad Biológica (ENDB) 2030 (MINAM, 2021, p. 146), que establece como prioridad la generación de información científica para la toma de decisiones en conservación. De igual forma, el Reglamento de la Ley de Áreas Naturales Protegidas (Decreto Supremo N.º 038-2021-MINAM) dispone que los planes de manejo incluyan inventarios biológicos actualizados a fin de asegurar una gestión adaptativa (SERNANP, 2022, p. 20).

El catálogo ilustrado generado por este estudio cumple con ambos lineamientos, aportando información taxonómica y molecular que no solo fortalece el conocimiento científico, sino que también responde a requerimientos normativos y de política pública para la gestión de la RNSIIPG.

En síntesis, la incorporación de herramientas moleculares en los inventarios biológicos fortalece no solo el conocimiento taxonómico, sino también la planificación adaptativa y participativa de las Áreas Naturales Protegidas. La integración de datos moleculares con la taxonomía tradicional proporciona herramientas más precisas y confiables para la toma de decisiones en conservación.

El presente estudio aporta evidencia científica directamente aplicable a la gestión integrada de la RNSIIPG, promoviendo una conservación basada en datos y alineada con las metas globales de sostenibilidad, incluidos los compromisos del Convenio sobre Diversidad Biológica y los Objetivos de Desarrollo Sostenible.

CAPÍTULO V

CONCLUSIONES Y RECOMENDACIONES

5.1. CONCLUSIONES

- El análisis molecular basado en el gen mitocondrial citocromo oxidasa subunidad I (COI) permitió delimitar y confirmar 19 Unidades Taxonómicas Operativas (MOTUs) correspondientes a invertebrados marinos de la fauna submareal de la isla Santa (Áncash, Perú), pertenecientes principalmente a los filos Mollusca, Crustacea, Echinodermata, Porifera, Cnidaria y Cephalopoda.
- Los modelos PTP, bPTP y GMYC mostraron alta congruencia en la delimitación de especies, reforzando la robustez de la aproximación molecular utilizada. Así mismo el análisis filogenético bayesiano confirmó la monofilia de los grupos y la consistencia evolutiva entre las especies analizadas. Estos resultados proveen la primera línea base genética de referencia para la isla Santa.
- Las distancias genéticas intraespecíficas oscilaron entre 0.19 % y 1.44 %, y las distancias interespecíficas se encontraron entre 12,63% y 22,17%, confirmando la existencia de un barcode gap bien definido, lo que respalda la eficacia del marcador COI como herramienta confiable para la identificación molecular de especies marinas. Asimismo, la filogenia bayesiana corroboró la agrupación monofilética de los MOTUs, consolidando la evidencia de divergencia evolutiva entre las especies analizadas.
- Entre los hallazgos más relevantes se destaca la identificación de especies no reportadas previamente para la isla Santa como *Glycymeris ovata*, *Semele corrugata*, *Pteria sterna* (Bivalvia), así como *Crucibullum scutellatum*, *Stramonita biserialis* y *Solenosteira fusiformis* (Gastropoda), lo que amplía el inventario taxonómico y genético de la región y constituye un aporte sustantivo al conocimiento de su biodiversidad marina.
- Finalmente, la elaboración del catálogo ilustrado de la fauna submareal de la isla Santa constituye el primer reporte de biodiversidad de especies de la zona realizado mediante identificación molecular, representando una

herramienta de alto valor científico y educativo que integra la información morfológica y genética de las especies registradas. Este producto contribuirá significativamente al fortalecimiento del Plan de Manejo de la RNSIIPG, promoviendo estrategias de monitoreo basadas en evidencia molecular y respaldando las metas nacionales e internacionales orientadas a la conservación de la biodiversidad marina.

5.2. RECOMENDACIONES

- Continuar y ampliar los muestreos biológicos en la isla Santa y zonas adyacentes, con el propósito de abarcar un mayor número de especies y grupos taxonómicos, especialmente aquellos de difícil identificación morfológica o con escasa representación en bases de datos moleculares. Un mayor número de muestreos permitirá incrementar la resolución taxonómica y consolidar una línea base genética más completa de la fauna submareal de la región.
- Incorporar periódicamente nuevas secuencias de ADN y metadatos asociados en repositorios como BOLD Systems, asegurando la validación taxonómica previa por expertos para evitar errores en las identificaciones.
- Para grupos con baja resolución mediante COI, como Porifera y Cnidaria, incluir genes adicionales como el ITS o fragmentos más largos de COI, con el fin de mejorar la resolución filogenética y la precisión en la identificación.
- Usar el catálogo ilustrado como insumo técnico en la zonificación ecológica, la priorización de áreas de conservación y el diseño de medidas de restauración y monitoreo del ecosistema submareal.
- Integrar los resultados del presente estudio en programas de educación y gestión ambiental, de modo que los catálogos ilustrados y la información genética generada sirvan como herramientas para la sensibilización social, la capacitación técnica y la promoción del turismo científico sostenible.
- Establecer alianzas entre universidades, institutos de investigación, SERNANP y organizaciones no gubernamentales para desarrollar proyectos conjuntos de monitoreo y conservación de la biodiversidad marina.

- Diseñar e implementar protocolos de seguimiento periódico que permitan evaluar cambios en la biodiversidad submareal y adaptar las estrategias de manejo según los resultados obtenidos.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Alitto, R., Borges, M., Dias de Oliveira, L., Seger, K. R., Lourenço, L. B., & otros. (2019). Species delimitation of *Ophiothrix* using bPTP v1. PLOS One. <https://10.17504/protocols.io.t2jegcn>
- Alamo, V., & Valdivieso Milla, V. (1997). Lista sistemática de moluscos marinos del Perú (200 p.). Instituto del Mar del Perú (IMARPE). <https://repositorio.imarpe.gob.pe/handle/20.500.12958/1436>
- Alcántara, M. R. (2007). Breve revisión de los marcadores moleculares. En L. Eguiarte, V. Souza, & X. Aguirre (Eds.), Ecología molecular (pp. 541–566). Secretaría de Medio Ambiente y Recursos Naturales; Instituto Nacional de Ecología; Universidad Nacional Autónoma de México; Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad.
- Alcamo, J., Ash, N. J., Butler, C. D., Callicott, J. B., Capistrano, D., Carpenter, S. R., Castilla, J. C., Chambers, R., Chopra, K., Cropper, A., Daily, G. C., Dasgupta, P., de Groot, R., Dietz, T., Duraiappah, A. K., Gadgil, M., Hamilton, K., Hassan, R., Lambin, E. F., ... Zurek, M. B. (2005). Ecosistemas y bienestar humano: Marco para la evaluación. Informe del Grupo de Trabajo sobre Marco Conceptual de la Evaluación de Ecosistemas del Milenio. World Resources Institute. <https://www.millenniumassessment.org/es/Framework.html>
- Aldea, C., & Valdovinos, C. (2005). Moluscos del intermareal rocoso del centro sur de Chile (36°–38° S): Taxonomía y clave de identificación. Gayana, 69(2), 364–396. <https://doi.org/10.4067/S0717-65382005000200014>
- 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. La Granja: Revista de Ciencias de la Vida, 23(1), 5–13. <https://doi.org/10.17163/lgr.n23.2016.01>
- Alves, M., Schneider, H., Sampaio, I., & Santos, S. (2015). DNA barcoding reveals high substitution rate and mislabeling in croaker fillets (Sciaenidae) marketed in Brazil: The case of “pescada branca” (*Cynoscion leiarchus*

- and *Plagioscion squamosissimus*). Food Research International, 70, 40–46. <https://doi.org/10.1016/j.foodres.2015.01.031>
- Anderson, M. (2017). Permutational Multivariate Analysis of Variance (PERMANOVA). In Wiley StatsRef: Statistics Reference Online (eds N. Balakrishnan, T. Colton, B. Everitt, W. Piegorisch, F. Ruggeri and J.L. Teugels). <https://doi.org/10.1002/9781118445112.stat07841>
- Antil, S., Abraham, J., Sripoorna, S., Maurya, S., Dagar, J., Makhija, S., Bhagat, P., Gupta, R., Sood, U., Lal, R., & Toteja, R. (2023). DNA barcoding, an effective tool for species identification: A review. Molecular Biology Reports, 50(1), 761–775. <https://doi.org/10.1007/s11033-022-08015-7>
- Arif, I. A., & Khan, H. A. (2009). Molecular markers for biodiversity analysis of wildlife animals: a brief review. Animal Biodiversity and Conservation, 32(1), 9–17. <https://doi.org/10.32800/abc.2009.32.0009>
- Arkema, K., Field, L., Nelson, L., Ban, N., Gunn, C., & Lester, S. E. (2024). Advancing the design and management of marine protected areas by quantifying the benefits of coastal ecosystems for communities. One Earth, 7(6), 989–1006. <https://doi.org/10.1016/j.oneear.2024.04.019>
- Aronson, J., Reninson, D., Rangel-Ch, J., Levy-Tacher, S., Ovalle, S., & Del Pozo, A. (2008). Restauración del capital natural: Sin reservas no hay bienes ni servicios. Ecosistemas, 16(3), 15–24.
- Atauri, J. A., & García Ventura, D. (2012). Planificación de la conservación del patrimonio natural en los espacios protegidos del Estado español [Documento de trabajo]. Fundación Interuniversitaria Fernando González Bernáldez / EUROPARC-España. Recuperado de <https://redeuroparc.org/wp-content/uploads/2022/03/Planes-de-conservacion.pdf>
- Awise, J. C. (2008). Molecular markers, natural history, and evolution (2.^a ed.). Sinauer Associates. <https://doi.org/10.1093/auk/121.4.1298>
- Ayala, Liliana, Sanchez-Scaglioni, Raúl, Amoros, Samuel, & Felipe, Luis. (2008). A breeding colony of Wedge-rumped Storm-Petrel, *Oceanodroma tethys*

- kelsalli* (Lowe 1925), on Santa Island-Peru. *Revista Peruana de Biología*, 15(1), 117-120. Recuperado en 16 de octubre de 2025, de http://www.scielo.org.pe/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1727-99332008000100019&lng=es&tlng
- Barcaccia, G., Lucchin, M., & Cassandro, M. (2016). DNA barcoding as a molecular tool to track down mislabeling and food piracy. *Diversity* 2016, 8(1)2. <https://doi.org/10.3390/d8010002>
- Bertolino, M., Cerrano, C., Bavestrello, G., Thung, D. C., Núñez-Pons, L., Rispo, F., Efremova, J., Mazzella, V., Makapedua, D. M., & Calcinai, B. (2023). New insight into the genus *Cladocroce* (Porifera, Demospongiae) based on morphological and molecular data, with the description of two new Species. *Journal of Marine Science and Engineering*, 11(6), 1240. <https://doi.org/10.3390/jmse11061240>
- Blaxter, M. (2004). The promise of a DNA taxonomy. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*, 359, 669–679. <https://doi.org/10.1098/rstb.2003.1447>
- Borges, L., Hollatz, C., Lobo, J., Cunha, A., Vilela, A., Calado, G., Coelho, R., Costa, A., Ferreira, M., Costa, M., & Costa, F. (2016). With a little help from DNA barcoding: Investigating the diversity of Gastropoda from the Portuguese coast. *Scientific Reports*, 6, 20226. <https://doi.org/10.1038/srep20226>
- Bouckaert, R., Heled, J., Kühnert, D., Vaughan, T., Wu, C., Xie, D., Suchard, M., Rambaut, A., & Drummond, A. J. (2014). BEAST 2: A software platform for Bayesian evolutionary analysis. *PLoS Computational Biology*, 10(4), e1003537. <https://doi.org/10.1371/journal.pcbi.1003537>
- Bray, J. & Curtis, J. (1957) An Ordination of the upland forest communities of Southern Wisconsin. *Ecological Monographs*, 27, 325-349. <http://dx.doi.org/10.2307/1942268>
- Bribiesca-Contreras, G., Solís-Marín, F., Laguarda-Figueras, A., & Zaldívar-Riveron, A. (2013). Identification of echinoderms (Echinodermata) from an

- anchialine cave in Cozumel Island, Mexico, using DNA barcodes. *Molecular Ecology Resources*, 13(6), 1137–1145.
<https://doi.org/10.1111/1755-0998.12098>
- Brock, R., Kenchington, E., & Martínez-Arroyo, A. (2012). Scientific guidelines for designing resilient marine protected area networks in a changing climate. Commission for Environmental Cooperation. Canadá. 95 pp.
<https://www.cec.org/files/documents/publications/10820-scientific-guidelines-designing-resilient-marine-protected-area-networks-in-changing-es.pdf>
- Brown, T. (2007). *Genomes* (3.^a ed.). Garland Science. 736 pp.
- Bryce, K., & Hunter, K. L. (2024). Enhancing climate change planning and adaptive management in marine protected areas through targets, thresholds, and social-ecological objectives. *Frontiers in Marine Science*, 11, 1339871. <https://doi.org/10.3389/fmars.2024.1339871>
- Bucklin, A., Steinke, D., & Blanco-Bercial, L. (2011). DNA barcoding of marine metazoan. *Annual Review of Marine Science*, 3, 471–508.
<https://doi.org/10.1146/annurev-marine-120308-080950>
- Burelo Ramos, C. M., Cabrera Martínez, L. I., Rosas Escobar, P., Escalante Pliego, P., Guadarrama Olivera, M. de los Á., & Jiménez Pérez, N. del C. (2011). Códigos de barras de ADN: una herramienta para la sistemática. *Kuxulkab'*, Revista de Divulgación de la División Académica de Ciencias Biológicas, Universidad Juárez Autónoma de Tabasco, 18(35), 61–64.
<https://doi.org/10.19136/kuxulkab.a18n35.260>
- Carr, C., Hardy, S., Brown, T., Macdonald, T., & Hebert, P. (2011). A tri-oceanic perspective: DNA barcoding reveals geographic structure and cryptic diversity in Canadian polychaetes. *PLoS ONE*, 6(7), e22232.
<https://doi.org/10.1371/journal.pone.0022232>
- Castillo-Cerón, J., & Goyenechea, E. (2007). Conceptos básicos en sistemática filogenética: Los deuterostomados como ejemplo. En A. Contreras-Ramos, C. Cuevas, I. Goyenechea, & U. Iturbe (Eds.), *La sistemática*,

base del conocimiento de la biodiversidad (p. 158). Universidad Autónoma del Estado de Hidalgo.

- Chazdon, R., Brancalion, P., Lamb, D., Laestadius, L., Calmon, M., & Kumar, C. (2017). A policy-driven knowledge agenda for global forest and landscape restoration. *Conservation Letters*, 10(1), 125–132. <https://doi.org/10.1111/conl.12220>
- Chen, D., & Sun, S. (2013). Analysis of diversity of COI gene and system generation of nine species of chitons. *Wuhan University Journal of Natural Sciences*, 18(2), 171–177. <https://doi.org/10.1007/s11859-013-0910-3>
- CMAP. (2000). Áreas protegidas: Beneficios más allá de las fronteras. UICN. Disponible en: https://redeuroparc.org/wp-content/uploads/2022/02/durban_actas_durban.pdf
- Consejo Nacional de Ciencia, Tecnología e Innovación Tecnológica. (2016). Programa Nacional Transversal de Ciencia, Tecnología e Innovación Tecnológica de Valorización de la Biodiversidad 2015–2021 (2.^a ed.). CONCYTEC. <https://www.concytec.gob.pe>
- Congreso de la República del Perú. (1993). Constitución Política del Perú [Constitución]. Diario Oficial El Peruano, 30 de diciembre de 1993.
- Congreso de la República del Perú. (2011, 9 de diciembre). Ley N.º 29811, que establece la moratoria al ingreso y producción de organismos vivos modificados al territorio nacional por un período de 10 años. Diario Oficial El Peruano. <https://busquedas.elperuano.pe>
- Congreso de la República del Perú. (1997, 25 de julio). Ley N.º 26839, Ley sobre la conservación y aprovechamiento sostenible de la diversidad biológica. Diario Oficial El Peruano. <https://busquedas.elperuano.pe>
- Cortés O., & Casanova, L. (2009). Marcadores moleculares de ADN. En Recursos zoogenéticos: Conservación, Caracterización y gestión de su biodiversidad. L. Tibaduiza & H. Jiménez (Comp.), (pp. 75–102). Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria (AGROSAVIA). <https://doi.org/10.21930/agrosavia.analisis.7405033>

- Convención sobre Diversidad Biológica. (1992). Convenio de las Naciones Unidas sobre Diversidad Biológica. <https://www.cbd.int/convention/text/>
- Crawford, A., Alonso, R., Jaramillo, C., Sucre, S., & Ibáñez, R. (2011). DNA barcoding identifies a third invasive species of *Eleutherodactylus* (Anura: Eleutherodactylidae) in Panama City, Panama. *Zootaxa*, 2890(1), 65–67. <https://doi.10.11646/zootaxa.2890.1.6>
- Dai, L., Zheng, X., Kong, L. & Li, Q. (2012). DNA Barcoding analysis of *Coleoidea* (Mollusca: Cephalopoda) from Chinese waters. *Molecular Ecology Resources*, 12:437-447. <https://doi:10.1111/j.1755-0998.2012.03118.x>
- Darriba, D., Taboada, G., Doallo, R. & Posada, D. (2012). JModelTest 2: more models, new heuristics and parallel computing. *Nature Methods*, 9(8): 772. <https://doi:10.1038/nmeth.2109>
- Daza, L. & Montenegro, S. (2018). Uso del gen citocromo oxidasa I (COI) y código de barras en estudios de genética y biología molecular para la identificación de especies animales. Universidad Nacional Abierta y a Distancia. Colombia. Disponible en: <https://repository.unad.edu.co/handle/10596/21038>
- De Groot, R., Wilson, W. & Boumans, R. (2002) A typology for the description, classification and valuation of ecosystem functions, goods and services. *Ecological Economics* 41:393-408 [https://doi:10.1016/S0921-8009\(02\)00089-7](https://doi:10.1016/S0921-8009(02)00089-7)
- De Queiroz, K. (2007). Species concepts and species delimitation. *Systematic Biology*, 56(6), 879–886. <https://doi:10.1080/10635150701701083>
- Delgado, D. (2011), Acceso a recursos genéticos en áreas naturales protegidas. Sociedad Peruana de Derecho Ambiental. Lima – Perú. 45 p.
- Diputación Foral De Biskaia. (2015). Estrategia para la Biodiversidad en Bizkaia. Departamento de Medio Ambiente. España. 130 p. Disponible en: <http://www.un.org/es/comun/docs/?symbol=A/RES/70/1> [Consulta: 17 de agosto de 2021]

- Elias, M., Hill, R., Willmott, K., Dasmahapatra, K., Brower, A., Mallet, J., & Jiggins, C. D. (2007). Limited performance of DNA barcoding in a diverse community of tropical butterflies. *Proceedings. Biological sciences*, 274(1627), 2881–2889. <https://doi.org/10.1098/rspb.2007.1035>
- Esquivel, L. (2006). Responsabilidad y sostenibilidad ecológica, una ética para la vida. Tesis Doctoral. Universidad Autónoma de Barcelona. Facultad de Filosofía y Letras. 307 p.
- FAO. (2010). La situación de los recursos zoogenéticos mundiales para la alimentación y la agricultura, editado por Barbara Rischkowsky y Dafydd Pilling. Roma. Disponible en <http://www.fao.org/docrep/011/a1250s/a1250s00.htm>
- Feng, Y., Li, Q., Kong, L. & Zheng, X. (2011). DNA barcoding and phylogenetic analysis of *Pectinidae* (Mollusca: Bivalvia) based on mitochondrial COI and 16S rRNA genes. *Mol. Biol. Rep* 38:291-299. <http://dor.org/10.1007/s11033-010-0107-1>
- Fidler, R., Ahmadi, G., Amkieltiela, C., Estradivari, L., Handayani, C., Mahajan, L., Mascia, B., Pakiding, F., Brown, D., Campbell, S., Claborn, K., De Nardo, M., Fox, H., Gill, D., Hidayat, N., Jakub, & R., Harborne, R. (2022). Participation, not penalties: Community involvement and equitable governance contribute to more effective multiuse protected areas. *Science Advances*, 8(18), eabl8929. <https://doi.org/10.1126/sciadv.abl8929>
- Fisher, B. & Smith, M. (2008). A revision of Malagasy species of *Anochetus mayr* and *Odontomachus latreille* (Mymenoptera: Formicidae). *PLoS ONE*, 3(5): <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0001787>
- Fleisher, R., Kirchman, J., Dumbacher, J., Bevier, L., Dove, C., Rotzel, N., Edwards, S., Lammertink, M., Miglia, K. & Moore, W. (2006). Mid-Pleistocene divergence of Cuban and North American ivory-billed woodpeckers. *Biology Letters*, 2: 466-469. <https://doi.org/10.1098/rsbl.2006.0490>

- Folmer, O., Black, M., Hoeh, W., Lutz, R. & Vrijenhoek, R. (1994). DNA primers for amplification of mitochondrial cytochrome c oxidase subunit I from diverse metazoan invertebrates. *Molecular Marine Biology and Biotechnology*, 3(5):294-299. <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/7881515/>
- Freeland, J. (2005). *Molecular Ecology*. Chichester, Inglaterra: John Wiley & Sons. 402 pp.
- Freire, R., Fernández – Tajés, J., López – Piñón, M. & Méndez, J. (2007). Estrategias en el diagnóstico molecular para la identificación de especies comerciales de moluscos bivalvos. En P. Martínez & A. Figueras. (eds). *Genética y Genómica en acuicultura*. Publicaciones científicas y tecnológicas del observatorio español de Acuicultura. Pp 115 – 154.
- Fujisawa, T. & Barraclough, T. (2013). Delimiting species using single-locus data and the Generalized Mixed Yule Coalescent Approach: A revised method and evaluation on simulated data sets. *Systematic Biology* 62 (5): 707–724. <https://doi.org/10.1093/sysbio/syt033>
- Galtier, N., Nabholz, B., Glémin, S. & Hurst, G. (2009). Mitochondrial DNA as a marker of molecular diversity: a reappraisal. *Molecular Ecology* 18: 4541-4550. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2009.04380.x>
- Gann, G.D., McDonald, T., Walder, B., Aronson, J., Nelson, C., Jonson, J., Hallett, J., Eisenberg, C., Guariguata, M., Liu, J., Hua, F., Echeverría, C., Gonzales, E., Shaw, N., Decler, K. & Dixon, K. (2019). International principles and standards for the practice of ecological restoration. Second edition. *Restor Ecol*, 27: S1-S46. <https://doi.org/10.1111/rec.13035>
- García-Bastidas, N., Gutiérrez-Sánchez, P., & Marín-Montoya, M. (2013). Desarrollo de marcadores microsatélites y mitocondriales para estudios de variación genética de *Spongospora subterranea* f. sp. subterranea. *Bioagro*, 25(2), 91-100. Recuperado en 17 de octubre de 2025, de http://ve.scielo.org/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1316-33612013000200002&lng=es&tlnq=es.

- Gebhardt, K. y Kneibelsberger, T. (2015). Identification of cephalopod species from the North and Baltic Seas using morphological, COI and 18S rDNA sequences. *Hieroglyph Mar Res.* 69:259271 <https://doi.org/10.1007/s10152-145-0434-7>
- Geller, J., Meyer, C., Parker, M. & Hawk, H. (2013). Redesign of PCR primers for mitochondrial cytochrome C oxidase subunit I for marine invertebrates and application in all-taxa biotic surveys. *Molecular Ecology Resources*, 1-11. <https://doi.org/10.1111/1755-0998.12138>
- Giam, X. (2017). Global biodiversity loss from tropical deforestation, *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 114 (23) 5775-5777. <https://doi.org/10.1073/pnas.1706264114>
- Giangrande, A. (2003). Biodiversity, conservation, and the Taxonomic impediment. *Aquatic Conservation: Marine and Freshwater Ecosystems*, 13(5): 451–459. <https://doi.org/10.1002/aqc.584>
- Godoy, J. (2009). La genética, los marcadores moleculares y la conservación de especies. *Ecosistemas* 18(1): 23 – 33.
- Goldstein, P., & DeSalle, R. (2011). Integrating DNA barcode data and taxonomic practice: determination, discovery, and description. *Bioessays*, 33(2), 135-147. <https://doi.org/10.1002/bies.201000036>
- González, J. (2019). Identificación molecular de invertebrados marinos de interés comercial de la bahía El Ferrol, Chimbote, Perú, a través de la técnica de Código de Barras de ADN. Tesis para optar el título de Biólogo Acuicultor. Universidad Nacional del Santa. P. 109
- Gostel, M. & Kress, W. (2022). The expanding role of DNA Barcodes: indispensable tools for ecology, evolution, and conservation. *Diversity* 2022, 14, 213. <https://doi.org/10.3390/d14030213>
- Gorod, K., Sullivan, J., Roberts, C., Constant, V., Horta, B., Pike, E., Kingston, N., Laffoley, D., Sala, E., Claudet, J., Friedlander, A., Gill, D., Lester, S., Day, J., Gonçalves, E., Ahmadi, G., Rand, M., Villagomez, A., Ban, N., Lubchenco, J. (2021). The MPA Guide: A framework to achieve global

- goals for the ocean. *Science*, 373(6560), eabf0861.
<https://doi.org/10.1126/science.abf0861>
- Guerra-García, J., Moreira, J., Navarro-Barranco, C., Ros, M. & Veiga, P. (2022). Editorial: Biodiversity and distribution of benthic invertebrates - from taxonomy to ecological patterns and global processes. *Front. Mar. Sci.* 9:863981. <https://doi.org/10.3389/fmars.2022.863981>
- Guevara, R. & Sainoz, A. (2012). Especies crípticas: diferentes especies con una misma forma. *Rev. Ciencia y Desarrollo* 38:258. México DF. 10p
- Gómez-Baggethun, E., & de Groot, R. (2008). Capital natural y funciones de los ecosistemas: explorando las bases ecológicas de la economía: *Ecosistemas*, 16(3). Recuperado a partir de <https://www.revistaecosistemas.net/index.php/ecosistemas/article/view/88>
- Hamsher, S.; Evans, K.; Mann, D.; Poulickova, A. & Saunders, G. (2011). Barcoding Diatoms: Exploring alternatives to COI-5p. *Protist*, Vol. 162:405-422. P. <https://doi.org/10.1016/j.protis.2010.09.005>
- Hebert, P.; Cywinska, A.; Ball, S. & de Waard, R. (2003). Biological identifications through DNA barcodes. *Proc. R. Soc. Lond. B.* 270: 313-321. <https://doi.org/10.1098/rspb.2002.2218>
- Hebert, P., Stoeckle, M., Zemplak, T. & Francis, C. (2004). Identification of birds through DNA barcodes. *PLoS Biol*, 2(10):1657–1663. <https://doi.org/10.1371/journal.pbio.0020312>
- Hebert, P. & Gregory, R. (2005). The promise of DNA barcoding for taxonomy. *Syst. Biol.*, 54(5):852-859. <https://doi.org/10.1080/10635150500354886>
- Hernández-Sampieri, R., Mendoza Torres, C., & Torres, P. (2022). *Metodología de la investigación: Las rutas cuantitativa, cualitativa y mixta* (7.ª ed.). McGraw Hill Interamericana
- Herráez, A. (2012). *Biología Molecular e ingeniería genética: Conceptos, técnicas y aplicaciones en ciencias de la salud*. Edit Elsevier. 536 p

- Hoffmann, M., Hilton-Taylor, C., Angulo, A., Böhm, M., Brooks, T. & Butchart, S. (2010). The Impact of Conservation on the Status of the World's Vertebrates. *Science*. 330(6010):1503-1509. <https://doi.org/10.1126/science.1194442>
- Hooker, Y. (2011). Criterios para la zonificación de áreas marinas protegidas en el Perú. *Revista Áreas Marinas Protegidas–Perú*, 1, 1–28. Servicio Nacional de Áreas Naturales Protegidas por el Estado (SERNANP), Ministerio del Ambiente.
- Hooker, Y; Ubillús, O.; Heaton, J.; García, O. & García, M. (2011). Evaluación de objetos de conservación y zonificación de isla Santa, Ancash. Unidad Marino Costera, Servicio Nacional de Áreas Naturales Protegidas por el Estado (SERNAMP – MINAN), Perú. *Rev. areas mar. prot.*, Perú N° 3. <https://cdn.www.gob.pe/uploads/document/file/1932408/ENDB%20Per%C3%BA%20al%202030.pdf>
- IPBES (2019): Global assessment report on biodiversity and ecosystem services of the Intergovernmental Science-Policy Platform on Biodiversity and Ecosystem Services. E. S. Brondizio, J. Settele, S. Díaz, and H. T. Ngo (editors). IPBES secretariat, Bonn, Germany. 1148 pages. <https://doi.org/10.5281/zenodo.3831673>
- Jiang, X., Liu, F., Yu, J., Zhang, K., Zhang, Z. & Wang, Q. (2024). Global trends and prospects of community participation in marine protected areas: A Bibliometric Analysis. *Sustainability* 16, 7772. <https://doi.org/10.3390/su16177772>
- Jones, M., Ghoorah, A., & Blaxter, M. (2011). jMOTU and Taxonerator: Turning DNA barcode sequences into annotated operational taxonomic units. *PLoS One*, 6(4), e19259. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0019259>
- Kelly, R., Sarkar, I., Eernisse, D. & Desalle, R. (2007). DNA Barcoding using chitons (genus *Mopalia*). *Molecular Ecology Notes*, 7: 177–183. <https://doi.org/10.1111/j.1471-8286.2006.01641.x>

- Kimura, M. (1980). A simple method for estimating evolutionary rates of base substitutions through comparative studies of nucleotide sequences. *Journal of Molecular Evolution*, 16: 111-120. <https://doi.org/10.1007/BF01731581>
- Klug, W.; Cummings, M. y Spencer, C. (2006). *Conceptos de genética*. 8ta Edic. Edit. Pearson Prentice Hall. 884 p.
- Kumar, S., Stecher G. & Tamura, K. (2016). MEGA7: Molecular evolutionary genetics analysis version 7.0 for Bigger Batabases. *Molecular Biology and Evolution*, 33(7): 1870-1874. <https://doi.org/10.1093/molbev/msw054>
- Lanka, R.; Kotim S.; Sunkara, P. & Undamatla, J. (2014). DNA sequencing analysis software for sanger data-set: Comparisons of basic features useful for mutational studies. *Current Trends in Biotechnology and Pharmacy*. Vol 8(1)11-17. https://www.researchgate.net/publication/272352955_DNA_Sequencing_Analysis_Software_for_Sanger_Data-Sets_Comparisons_of_Basic_features_Useful_for_Mutational_Studies
- Lanteri, A., Fernández, L., & Gallardo, F. (2005). Sistemática biológica: Generalidades y conceptos básicos. En M. M. Cigliano, M. S. Fernández & A. A. Lanteri (Eds.), *Cladística: Métodos cuantitativos* (pp. 1–138). Sociedad Entomológica Argentina.
- Lanteri, A. (2007). Código de barras del ADN y sus posibles aplicaciones en el campo de la Entomología. *Rev. Soc. Entomol. Argent.* 66(3 – 4): 15 – 25 p. *Revista de la Sociedad Entomológica Argentina* [en línea]. 2007, 66(3-4), 15-25 [fecha de Consulta 17 de Agosto de 2025]. Disponible en: <https://www.redalyc.org/articulo.oa?id=322028491004>
- Lemey, P., Salemi, M., & Vandamme, A. (Eds.). (2009). *The phylogenetic handbook: A practical approach to phylogenetic analysis and hypothesis testing* (2nd ed.). Cambridge University Press.
- Ley N° 26839 (2017). Ley sobre la conservación y aprovechamiento sostenible de la diversidad biológica, Congreso de la República del Perú.

- Ley N° 29811 (2011). Ley que establece la moratoria al ingreso y producción de organismos vivos modificados al territorio nacional por un periodo de 10 años. Diario Oficial El Peruano. Perú.
- Li, Y., Zhang, H., Liu, J., & Chen, X. (2020). Applications of molecular markers in conserving endangered species. *Biodiversity Science*, 28(3), 367–379. <https://doi.org/10.17520/biods.2019414>
- Liu, D., Liu, L. Guo, G. Wang, W., Sun, Q., Parani, M. & Ma, J. (2012). BOLDMirror: a global mirror system of DNA Barcode data. *Molecular Ecology Resources*, 13(6):1-5. <https://doi.org/10.1111/1755-0998.12048>
- Lobo, J., Costa, P., Teixiera, M., Ferreira, M., Costa, M. & Costa, F. (2013). Enhanced primers for amplification of DNA barcodes from a broad range of marine metazoans. *BMC Ecology* 13:34 <https://doi.org/10.1186/1472-6785-13-34>
- Lodish, H., Berk, A., Zipursky, S., Matsudaria, P. Baltimore, D. & Damell, J. (2000). *Molecular Cell Biology* 4th edition. W.H. Freeman. New York – EEUU. 1092 p.
- Loyola, J. 2020. Utilización del Código de Barras de AND para la identificación de subproductos de pescado en la amazonía peruana. Tesis para optar el Título profesional de Biólogo. Universidad Nacional Agraria La Molina. Perú. 58 p.
- Mace, G. M. (2004). The role of taxonomy in species conservation. *Philosophical Transactions of the Royal Society of London. Series B: Biological Sciences*, 359(1444), 711–719. <https://doi.org/10.1098/rstb.2003.1454>
- Marín, A., Serna, J., Robles, C., Ramírez, B., Reyes-Flores, L., Zelada-Mázmela, E., Sotil, G. & Alfaro, R. (2018) A glimpse into the genetic diversity of the Peruvian seafood sector: Unveiling species substitution, mislabeling and trade of threatened species. *PLoS ONE* 13(11): e0206596. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0206596>
- Maturana, C., Moreno, R., Labra, F., González, C., Rozbaczylo, N., Carrasco, F. & Poulin, E. (2011). DNA Barcoding of marine polychaetes species of

southern Patagonian fjords. *Revista de Biología Marina y Oceanografía*, 46 (1): 35-42. <http://doi.org/10.4067/S0718-19572011000100005>

Maxwell, S., Cazalis, V., Dudley, N., Hoffmann, M., Rodrigues, A., Stolton, S., Visconti, P., Woodley, S., Kingston, N., Lewis, E., Maron, M., Strassburg, B., Wenger, A., Jonas, H., Venter, O. & James E. M. Watson. (2020). Area-based conservation in the twenty-first century. *Nature* 586, 217-227 <https://doi.org/10.1038/s41586-020-2773-z>

Meiklejohn, Ka., Damaso, N. & Robertson J. (2019). Assessment of BOLD and GenBank – Their accuracy and reliability for the identification of biological materials. *PLoS ONE* 14(6): e0217084 <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0217084>

Meyer, C. (2003). Molecular systematics of cowries (Gastropoda: Cypraeidae) and diversification patterns in the tropics, *Biological Journal of the Linnean Society*, 79(3) 401–459 <https://doi.org/10.1046/j.1095-8312.2003.00197.x>

Meyer, C. y Paulay. (2005). DNA Barcoding: Error Rates Based on Comprehensive Sampling. *PLoS Biol.* 3(12):e422. <https://doi.org/10.1371/journal.pbio.0030422>

Ministerio Del Ambiente. (2005). Ley General del Ambiente, Ley N° 28611. 75 p.

Ministerio Del Ambiente. (2009). Política Nacional del Ambiente 2009 – 2021. Documento para consulta. 49 p.

Ministerio Del Ambiente. (2014). Estrategia Nacional de Diversidad Biológica al 2021- Plan de Acción 2014 – 2018. Edit. Ministerio del Ambiente. 114 p.

Ministerio Del Ambiente. (2016). Áreas Naturales protegidas del Perú. Conservación para el desarrollo sostenible. Informe Sectorial. Edit. Ministerio del Ambiente. 2017 p.

Ministerio Del Ambiente. (2018) Perú, conectados con la naturaleza. Edit, Ministerio del Ambiente. 25 p.

Ministerio Del Ambiente. (2019). Sexto Informe Nacional sobre diversidad biológica: La biodiversidad en cifras. Edit. Ministerio del Ambiente. 27 p.

Ministerio Del Ambiente. (2021). Política Nacional Ambiental al 2030. Edit. Ministerio del Ambiente. 114 p.

Ministerio Del Ambiente (2021b). Estrategia Nacional de Diversidad Biológica al 2030.

Montenegro, S. (2018) Uso del gen Citocromo Oxidasa I (COI) y Código de barras en estudios de genética y biología molecular para la identificación de especies animales. Universidad Nacional Abierta y a Distancia. Colombia.

Montes, C. (2007). Del Desarrollo sostenible a los servicios de los ecosistemas. Ecosistemas 16(3)192 Recuperado a partir de <https://www.revistaecosistemas.net/index.php/ecosistemas/article/view/87>

Montes, C., & Sala, O. (2007). La Evaluación de los ecosistemas del milenio. Las relaciones entre el funcionamiento de los ecosistemas y el bienestar humano. Ecosistemas, 16(3), 134-144.

Moreno, C. (2001). Métodos para medir la biodiversidad. M&T – Manuales y Tesis SEA, vol 1. Zaragoza. 84 pp.

Naciones Unidas. (1992). Convenio sobre la Diversidad Biológica (Ley 165 de 1994). Río de Janeiro: Conferencia de las Naciones Unidas sobre Medio Ambiente y Desarrollo. <https://www.cbd.int/doc/legal/cbd-es.pdf>

Naciones Unidas (2015). Transformar nuestro mundo: la Agenda 2030 para el Desarrollo Sostenible, Resolución aprobada por la Asamblea General el 25 de septiembre de 2015. https://www.un.org/ga/search/view_doc.asp?symbol=A/RES/70/1&Lang=es

Naciones Unidas (2023). Informe de los Objetivos de Desarrollo Sostenible. <https://peru.un.org/es/245789-informe-de-los-objetivos-de-desarrollo-sostenible>

- Naciones Unidas. (1992). Convenio de la Naciones Unidas sobre Diversidad Biológica. 4 p.
- National Park Service. (2005). Biodiversity-Ecosystem Profile Assessment (B-EPA) in sustainable management of natural resources [PDF]. <https://npshistory.com/publications/nr-reports/nrtr-2005-015.pdf>
- Nei, M. (1972) Genetic distance between populations. American Naturalist, 106, 283-292. <https://www.jstor.org/stable/2459777>
- Nielsen, E., Hanson, J., Carvalho, S., Beger, M., Henriques, R., Kershaw, F., & von der Heyden, S. (2022). Molecular ecology meets systematic conservation planning. Trends in Ecology & Evolution. 38(2) 143 – 155. <https://doi.org/10.1016/j.tree.2022.09.006>
- Olivares-Paz, A.; Quinteiro, J. & Rey-Méndez, M. (2011). Filogenia molecular de las especies del subgénero Fisurella (Mollusca: Vetigastropoda de la costa chilena) Revista de Biología Marina y Oceanografía. 46(3) 339-348. <http://doi.org/10.4067/S0718-19572011000300005>
- Organización De Los Estados Americanos. (1940). Convención para la protección de la flora, de la fauna y de las bellezas escénicas naturales de los países de América. Recuperado de: <https://www.oas.org/juridico/spanish/tratados/c-8.html>
- Padial, J. & De la Riva, I. (2007). integrative taxonomists should use and produce DNA Barcodes. Syst Biol. 1586:67-68. <https://doi.org/10.11646/zootaxa.1586.1.7>
- Padilla, C.; Diez, J.; Martínez, G.; Bárcena, J. & García, C. (2017) Electroforesis de ácidos nucleicos en geles de agarose. Aislamiento y caracterización electroforética de DNA plasmídico. Departamento de Bioquímica y Biología Molecular. Universidad de Córdoba. España. 8p.
- Padilla-García, C.; Camacho – Sánchez, F. & Reyes-López, M. (2021). Environmental DNA metabarcoding: an approach for biodiversity monitoring. Revista Biotecnología y Ciencias Agropecuarias. 16(1): 136-149. <https://doi.org/10.29059/cienciauat.v16i1.1509>

- Page, R. D. M., & Holmes, E. C. (1998). Molecular evolution: A phylogenetic approach. Blackwell Science.
- Palacio-López, K. & Rodríguez-López, N. (2007). Phenotypic plasticity in *Lippia alba* (Verbenaceae) in response to water availability in two light environments. *Acta Biológica Colombiana*, 12, 187-198.
- Paredes, C., Cardoso, F., Santamaría, J., Esplana, J. & Llaja, L. (2016). Lista anotada de los bivalvos marinos del Perú. *Revista Peruana de Biología*, 23(2):127–150. <https://doi.org/10.15381/rpb.v23i2.12397>
- Paredes, C, Huamán, P., Ramírez, R., Vivar, R., Cardoso, F. & Vera, V. (1998). Diversidad de los moluscos en el Perú: Una sinopsis. En Halffter, G.(Eds), *La diversidad Biológica de Iberoamérica III* (pp. 85-102). México D.F., México: *Acta Zoológica Mexicana*, nueva serie.
- Paz, A.; Gonzalez, M. & Crawford, A. (2011). Códigos de barras de la vida: Introducción y perspectiva. *Acta Biológica Colombiana* [en línea]. 2011, 16(3), 161-175[fecha de Consulta 17 de Agosto de 2025]. Disponible en: <https://www.redalyc.org/articulo.oa?id=319027888011>
- Pejovic, I., Ardura, A., Miralles, L., Arias, A., Borrell, J.& Garcia-Vazquez, E. (2016). DNA barcoding for assessment of exotic molluscs associated with maritime ports in northern Iberia, *Marine Biology Research*, 12:2, 168-176, <https://doi.org/10.1080/17451000.2015.1112016>
- Peluso, L., Faúndez, J., Navarrete, S., Broitman, B., Aiken, C. & P. Saenz-Agudelo. (2024). Oceanographical-driven dispersal and environmental heterogeneity as drivers of spatial genetic variation in mollusks along the Chilean upwelling system. *Scientific Reports*. <https://doi.org/10.1038/s41598-024-72841-x>
- Peña, C. (2011). Métodos de inferencia filogenética. *Rev. Perú. Biol.* 18(2): 265 – 267. Facultad de Ciencias Biológicas UNMSM
- Pires, A. & Marinoni L. (2010). DNA barcoding and traditional taxonomy unified through integrative taxonomy: a view that challenges the debate

- questioning both methodologies. *Biota Neotrop*, 10 (2). 339- 346.
<https://doi.org/10.1590/S1676-06032010000200035>
- Piñeiro, S. (2015). Análise xenática do molusco bivalvo *Donax trunculus* mediante marcadores moleculares. Trabajo de fin de Grado. Universidade da Coruña. 89 p.
- Primack, R. & Vidal, O. (2019). Introducción a la biología de la conservación. Editorial Fondo de Cultura Económica, México. 613 p.
- Prosser, S.; Martínez – Arce, A. & Elías – Gutiérrez, M. (2013). A new set of primers for COI amplification from freshwater microcrustaceans. *Molecular Ecology Resources* 13(6) 1151-1155. <https://doi.org/10.1111/1755-0998.12132>
- Puillandre, N., Lambert, A., Brouillet, S. & Achaz, G. (2012), ABGD, Automatic Barcode Gap Discovery for primary species delimitation. *Molecular Ecology*, 21: 1864-1877 <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2011.05239.x>
- Páiz, L. & Huete, J. (2008). DNA Barcode, una alternativa para identificar especies del Complejo Midas Cichlidae en Nicaragua. *Encuentro 2008/AñoXL*, vol 81, 99 – 111
<https://doi.org/10.5377/encuentro.v0i81.3630>
- Rambaut, A., Drummond, A., Xie, D., Baele, G. & A Suchard, M. (2018). Posterior summarization in bayesian phylogenetics using Tracer 1.7. *Systematic biology*, 67:1-3. <https://doi.org/10.1093/sysbio/syy032>
- Ramirez, J.; Brindelli, J.; Carvalho, D.; Alfonso, P.; Venere P., Ortega, H.; Carrillo-Avila, M.; Rodriguez – Pulid, J.; & Galetti, P. (2017) Revealing hidden diversity of the underestimated neotropical Ichthyofauna: DNA barcoding in the recently describeb *Genus Megaleporinus* (Characiformes: Anostomidae). *Front. Genet.* 8:149. <https://doi.org/10.3389/fgene.2017.00149>
- Ramirez, J.; Rosas-Puchuri, U.; Cañedo, R.; Alfaro-Shigueto, J.; Zelada – Mázmela, E.; Siccha-Ramirez, R. & Velez- Zuazo, X. (2020). DNA

- Barcoding in the Southeast Pacific marine realm: Low coverage and geographic representation despite high diversity. *PLoS ONE* 15(12): e0244323. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0244323>
- Ramirez, J.L., Valdivia, P., Rosas-Puchuri, U. & Valdivia, N. (2023). SPdel: A pipeline to compare and visualize species delimitation methods for single-locus datasets. *Molecular Ecology Resources*, 23, 1959–1965. <https://doi.org/10.1111/1755-0998.13864>
- Ramirez, R.; Paredes, C. & Arenas, J. (2003). Moluscos del Perú. *Rev Biol. Trop.* 51 (Suppl 3):225 – 284.
- Ratnasingham, S. & Hebert, P. (2013). A DNA-Based registry for all animal species: The Barcode Index Number (BIN) System. *PLoS ONE* 8(7): e66213. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0066213>
- Raupach, M., Barco, A., Steinke, D., Beermann, J., Laakmann, S., Mohrbeck, I., Neumann, H., Kihara, T., Pointner, K., Radulovici, A., Segelken-Voigt, A., Wesse, C. & Knebelsberger, T. (2015). The application of DNA barcodes for the identification of marine crustaceans from the North Sea and Adjacent Regions. *PLoS ONE*, 10(9), 1-23. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0139421>.
- Rehman, A., Jafar, S., Ashraf, N. & Mahar, J. (2015). DNA barcoding controlling illegal wildlife trade. *Journal of Bioresource Manage*, 2(2):19-22. <https://doi.org/10.35691/JBM.5102.0017>
- Riascos, J. M., Uribe, R. A., Donayre, S., Flores, D., Galindo, O., Quispe, C., & González, J. (2016). Human footprints on benthic communities in marine reserves: a study case in the most productive upwelling system worldwide. *Marine Ecology Progress Series*, 557, 65-75. <https://doi.org/10.3354/meps11857>
- Rimieri, P. (2017) La diversidad genética y la variabilidad genética: dos conceptos diferentes asociados al germoplasma y al mejoramiento genético vegetal. *Journal of basic and applied genetics*, 28(2), 7-13.

https://sag.org.ar/ibag/wp-content/uploads/2020/01/V.XXVIII_2017_Issue2_22122017.pdf

- Robainas-Barcía, A. & García-Machado, E. (2012). Código de barras de ADN. Una alternativa para documentar la diversidad biológica. *Revista Cubana de Ciencias Biológicas*, 1(1) 2307-695
- Rodriguez, K. (2021). Identificación molecular de especies de bivalvos, cefalópodos y poliplacóforos mediante el código de barras de ADN, para la conservación de la biodiversidad del litoral peruano. Tesis para optar el grado de Maestro en Ciencias en Gestión Ambiental. Universidad Nacional del Santa. P. 189.
- Rodríguez Tapia, L., & Ruíz Sandoval Valverde, D. (2023). El concepto de capital natural en los modelos de crecimiento exógeno. *Análisis Económico*, 16(33), 109–128. Recuperado a partir de <https://analisiseconomico.azc.uam.mx/index.php/rae/article/view/927>
- Rojas, F., Murillo, O., Araya, E., Aguilar, G. & Rocha, O. (2007). Validación y adaptación de la técnica de microsatélites para el análisis genético de *Vochysia guatemalensis* Donn. Sm. *Foresta Veracruzana*, 9 (1): 1-8. Disponible en: <https://www.redalyc.org/articulo.oa?id=49790101>
- Romero, P. & R. Ramírez. (2012) Divergencia intraespecífica y código de barras de ADN en *Systrophia helicycloides* (gastropoda, Scolodontidae). *Rev. peru biol.* [online]. 2011, (18)2 201-208. <https://doi.org/10.15381/rpb.v18i2.229>
- Rosales, Y., & Moreno, V. (2016). Aplicación de código de barras de ADN para la identificación molecular de *Atrina maura* “Concha Pala” de los manglares de Tumbes, Perú. *Manglar: Revista de Investigación Científica*, 12(1), 47–54.
- Roskov, Y.; Ower, G.; Orrell, T.; Nicolson, D.; Bailly, N.; Kirk P.M., Bourgoin, T.; DeWalt R.E.; Decock, W.; Nieukerken, E. van, Zarucchi J., & Penev L., eds. (2019). *Species 2000 & ITIS Catalogue of Life, 2019 Annual*

Checklist. Recurso Digital www.catalogueoflife.org/annual-checklist/2019.
[Species 2000: Naturalis, Leiden, the Netherlands](http://www.catalogueoflife.org/annual-checklist/2019).

Runil, F. (2014). Caracterización genético – poblacional y variabilidad morfológica de *Pimmaxodes chilensis* (Decápoda: Pinnotheridae) en la Costa oriental del Pacífico Sur. Tesis para optar el Título de Biólogo Marino. Universidad Austral de Chile. 115 p.

Saitou, N. & Nei, M. (1987). The neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees. *Molecular Biology and Evolution*, 4(4), 406–425.
<https://doi.org/10.1093/OXFORDJOURNALS.MOLBEV.A040454>

Salazar, A.; Sandoval, A. & Armendáriz, J. (2013) *Biología molecular. Fundamentos y aplicaciones en las ciencias de la salud*. Edit. McGraw Hill Interamericana. Mexico. 338 P

Sanahuja, J. & Tezanos, S. (2017). Del milenio a la sostenibilidad: retos y perspectivas de la Agenda 2030 para el Desarrollo Sostenible. *Polít. Soc. (Madr.)* 54(2) 2017: 533-555 <http://doi.org/10.5209/POSO.51926>

Sarquis, J.; Giraudo, A.; Reales, F. & S. Dardanillo. (2021) Inventario y áreas complementarias para la conservación de las aves de la provincia de Entre Ríos, Argentina. *Revista Mexicana de Biodiversidad* 92 (2021): e9237452
<https://doi.org/10.22201/ib.20078706e.2021.92.3745>

Saunders G. W. (2009). Routine DNA barcoding of *Canadian Gracilariales* (Rhodophyta) reveals the invasive species *Gracilaria vermiculophylla* in British Columbia. *Molecular ecology resources*, 9(1) 140–150.
<https://doi.org/10.1111/j.1755-0998.2009.02639.x>

SERFOR (2018) Servicio Nacional Forestal y de Fauna Silvestre. Libro Rojo de la Fauna Silvestre amenazada del Perú. Perú: Sistema Nacional de Información Ambiental. Disponible en:
<https://sinia.minam.gob.pe/documentos/libro-rojo-fauna-silvestre-amenazada-peru>

- SERNANP (2016). Plan Maestro de la Reserva Nacional Sistema de Islas, Islotes y Puntas Guaneras 2016- 2020. <https://www.sernanp.gob.pe>
- SERNANP (2020b). Listado del Áreas Naturales Protegidas de Administración Nacional con Categoría Definitiva. Disponible en: <https://www.gob.pe/institucion/sernanp/informes-publicaciones/2560580-listado-oficial-de-las-areas-naturales-protegidas>
- SERNANP (2009). Plan Director de las Áreas Naturales Protegidas (Estrategia Nacional. Aprobado por Decreto Supremo n° 016-2009-MINAM). Lima – Perú.
- SERNANP (2020a) Sistema de Islas, Islotes y Puntas guaneras.
- SERNANP (2021). Reglamento de la Ley de Áreas Naturales Protegidas (DS 038-2021-MINAM). https://www.sernanp.gob.pe/documents/10181/272324/DS_038-2021-MINAM.pdf
- Shanee, S.; Shanee, N.; Monteferri, B.; Allgas, N.; Alarcon, A. & Horwich, R.H. (2017). Protected area coverage of threatened vertebrates and ecoregions in Peru: Comparison of communal, private and state reserves, Journal of Environmental Management, Volume 202, Part 1, Pages 12-20, ISSN 0301-4797 <https://doi.org/10.1016/j.jenvman.2017.07.023>
- Shearer, T. L., Van Oppen, M. J., Romano, S. L., & Wörheide, G. (2002). Slow mitochondrial DNA sequence evolution in the Anthozoa (Cnidaria). Molecular ecology, 11(12), 2475–2487. <https://doi.org/10.1046/j.1365-294x.2002.01652.x>
- Singh, J. S. (2002). The biodiversity crisis: A multifaceted review. Current Science, 82(6), 638–647. <http://www.jstor.org/stable/24106689>
- Sociedad Peruana De Derecho Ambiental. 2015. Manual explicativo de la Ley 26834, Ley de Áreas Naturales Protegidas. 16 P.

- Sundberg, P., Kvist, S. & Strand, M. 2016. Evaluating the utility of single-locus DNA barcoding for the identification of ribbon worms (phylum Nemertea). PLoS ONE, 11(5):1–17. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0155541>
- Sáez, A. (2009). Genes y especies. Ecosistemas 18(1): 3 – 9
- Sánchez, S. (2016). Lós Códigos de Barra de ADN como herramienta en la identificación de las especies del Género *Micropholis* (Griseb) Pierre (Sapotaceae). Tesis para optar el grado de Maestro en Manejo, uso y conservación del bosque. Universidad Distrital Francisco de Caldas. Colombia. 54 p.
- Taggart, J.B., Hynes, R.A., Prodöuhl, P.A. & Ferguson, A. (1992), A simplified protocol for routine total DNA isolation from salmonid fishes. Journal of Fish Biology, 40: 963-965. <https://doi.org/10.1111/j.1095-8649.1992.tb02641.x>
- Tarazona, Juan, Gutiérrez, Dimitri, Paredes, Carlos, & Indacochea, Aldo. (2003). Overview and challenges of marine biodiversity research in Peru. Gayana (Concepción), 67(2), 206-231. <https://doi.org/10.4067/S0717-65382003000200009>
- Teare, J. M., Islam, R., Flanagan, R., Gallagher, S., Davies, M. G., & Grabau, C. (1997). Measurement of nucleic acid concentrations using the DyNA Quant and the GeneQuant. BioTechniques, 22(6), 1170–1174. <https://doi.org/10.2144/97226pf02>
- Thompson, J. D., Higgins, D. G., & Gibson, T. J. (1994). CLUSTAL W: improving the sensitivity of progressive multiple sequence alignment through sequence weighting, position-specific gap penalties and weight matrix choice. Nucleic acids research, 22(22), 4673–4680. <https://doi.org/10.1093/nar/22.22.4673>
- Trivedi, Subrata & Aloufi, Abdulhadi & Ansari, Abid & Ghosh, Sankar. (2015). Role of DNA barcoding in marine biodiversity assessment and conservation: An update. Saudi Journal of Biological Sciences. 22. <https://doi.org/10.1016/j.sjbs.2015.01.001>

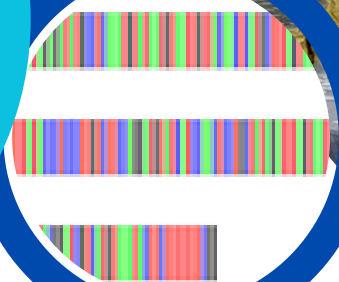
- Urban, M. C., Bocedi, G., Hendry, A. P., Mihoub, J. B., Pe'er, G., Singer, A., & Travis, J. M. (2016). Improving the forecast for biodiversity under climate change. *Science* 353, aad8466. <https://doi.org/10.1126/science.aad8466>.
- Vargas, S., Schuster, A., Sacher, K., Büttner, G., Schätzle, S., Lächli, B., Hall, K., Hooper, J., Erpenbeck, D. y Wörheide, G. (2012) Barcoding sponges: An overview based on comprehensive sampling. *PLoS ONE*, 7(7): 1-7. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0039345>
- Vasquez, E. (2007) Filogeografía y vertebrados. *Ecología molecular*. Secretaria de Medio Ambiente y Recursos Naturales. Instituto Nacional de Ecología. Universidad Nacional Autónoma de México. Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad. Mexico. 441-461. p
- Vera, S., Jiménez, P. y Franco, L. (2012). Uso de herramientas bioinformáticas en la evaluación de secuencias "DNA barcode" para la identificación a nivel de especie. *Revista Facultad de Ciencias Básicas*, 8(2):196-209. Disponible en: <https://revistas.unimilitar.edu.com>
- Von May, R.; Catenazzi, A.; Angulo, A.; Venegas, P.; & Aguilar, C. (2013). Investigación y conservación de la biodiversidad en Perú: importancia del uso de técnicas modernas y procedimientos administrativos eficientes. *Rev. Perú. Biol.* 18(3): 351-358
- Ward, R., Holmes, B. y O'Hara, T. (2008). DNA Barcoding discriminates echinoderm species. *Molecular Ecology Resources*, 8:1202-1211 <https://doi.org/10.1111/j.1755-0998.2008.02332.x>
- Zambrano, M. (2017). Reserva Nacional Sistema Islas, Islotes y Puntas guaneras: Biodiversidad e importancia de su conservación. En https://sinia.minam.gob.pe/sites/default/files/sial-sialtrujillo/archivos/public/docs/la_rnsiipg_ecodialogos.pdf
- Zenteno, G. (2019). Aplicación del código de barras de AND en la identificación de insectos fitófagos asociados al cultivo de quinua (*Chenopodium quinoa* Wild) en Perú. Tesis para optar el título profesional de Biólogo con mención en zoología. 170 P.

- Zhang, J., Kapli, P., Pavlidis, P. y Stamatakis, A. (2013). A General Species Delimitation Method with Applications to Phylogenetic Placements. *Bioinformatics*, 29 (22): 2869-2876. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btt499>
- Zuccarello, G. y Lokhorst, G. (2005). Molecular phylogeny of the genus *Tribonema* (Xanthophyceae) using rbcL gene sequence data: Monophyly of morphologically simple algal species. *Phycologia*, 44(4): 384-392. [https://doi.org/10.2216/0031-8884\(2005\)44\[384:MPOTGT\]2.0.CO;2](https://doi.org/10.2216/0031-8884(2005)44[384:MPOTGT]2.0.CO;2)

ANEXO 1

- Catálogo ilustrado de la fauna submareal de la Isla Santa.

Isla Santa *Ancash* *Perú*



Catálogo ilustrado de la fauna submareal identificada con ADN Barcode

Blga. Carmen Yzásiga Barrera

INDICE

Nombre científico	nombre común	Pag.
• Presentación		 i
• <i>Pinnixa transversalis</i>		 1
• <i>Glycymeris ovata</i>	Mejillón	 2
• <i>Semele (Semele) corrugata</i>	Almeja	 3
• <i>Semele solida</i>	Almeja	 4
• <i>Pteria sterna</i>	Concha perla, concha perlera, viuda	 5
• <i>Argopecten purpuratus</i>	Concha de abanico, viera	 6
• <i>Octopus mimus</i>	Pulpo	 7
• <i>Arbacia spatuligera</i>	Erizo pata larga	 8
• <i>Anthopleura elegantissima</i>	Anémona	 9
• <i>Sinum cymba</i>	Caracol, abalón, orejón, babosa	 10
• <i>Crucibulum scutellatum</i>	Pique, señorita	 11
• <i>Stramonita biserialis</i>	Caracol, dye shell	 12
• <i>Thaisella chocolata</i>	Caracol común, caracol plomo	 13
• <i>Crossata ventricosa</i>	Caracol rosado	 14
• <i>Solenosteira fusiformis</i>	Buccinio, Whelk	 15
• <i>Tegula atra</i>	Caracol turbante, caracol negro	 16
• <i>Acanthopleura echinata</i>	Barquillo, barbudo, Chiton	 17
• <i>Tonicia chilensis</i>	Barquillo, Chiton	 18
• <i>Chiton cumingsi</i>	Barquillo, Chiton	 19

PRESENTACIÓN

El presente catálogo ilustrado de la fauna submareal de la Isla Santa, presenta los resultados de la identificación taxonómica y molecular de organismo recolectados en cinco estaciones establecidas en los sustratos más representativos de la Isla Santa. La identificación de las especies se realizó mediante la técnica de Código de Barras de ADN (ADN barcoding), lo que permitió una determinación precisa y confiable de la diversidad biológica presente.

El trabajo se enmarca en los lineamientos de la Política Nacional del Ambiente, y constituye un aporte significativo al conocimiento y documentación de la biodiversidad marina, particularmente en zonas naturales protegidas. Las especies identificadas han sido incorporadas en catálogos digitales de libre acceso, destinados a fortalecer la investigación científica y la gestión ambiental, tanto a nivel nacional como internacional. Se espera que esta información contribuya directamente al fortalecimiento del Plan de Manejo de la Isla Santa como Zona de Reserva, proporcionando una base sólida para la conservación y el uso sostenible de sus ecosistemas.

Blga. Carmen Gabriela Yzásiga Barrera

Pinnixa transversalis

(H. Milne Edwards & Lucas, 1842)



TAXONOMÍA

Phylum : Arthropoda
Clase : Malacostraca
Orden : Decapoda
Familia : Pinnotheridae
Género : *Pinnixa*
Especie : *Pinnixa transversalis*

Bibliografía

- Baeza J.A. 1999. Indicadores de monogamia en el cangrejo comensal *Pinnixa transversalis* (Milne Edwards & Lucas) (Decapoda: Brachyura: Pinnotheridae): distribución poblacional, asociación macho - hembra y dimorfismo sexual. Revista de Biología Marina y Oceanografía. 34(2): 303-313.
- Moscoso V. 2012. Catálogo de crustáceos decápodos y estomatópodos del Perú. Bol. Inst. Mar Perú. 27(1,2): 209pp.
- Moscoso V. 2013. Clave para identificación de crustáceos decápodos y estomatópodos del Perú. Bol Inst Mar Perú. 28(1,2): 135pp.
- Rathbun M.J. 1910. The stalk-eyed crustacea of Peru and the adjacent coast. Proceedings of the United States National Museum. 38: 531-620.
- Rathbun M.J. 1918. Grapsoids crabs of America. Bulletin of the United States National Museum. 97: 1-146.
- WoRMS Editorial Board (2018). World Register of Marine Species. Checklist dataset <https://doi.org/10.14284/170> accessed via GBIF.org on 2018-11-19. Doi: 10.14284/170.

DESCRIPCIÓN Y DIAGNOSIS DE LA ESPECIE

Caparazón más ancho que largo, con una cresta notoria se extiende transversalmente a casi todo lo ancho del caparazón al nivel cardíaco, posteriormente a esta cresta, el caparazón se dobla abruptamente hacia abajo. Frente pequeña y truncada. El segundo segmento del tercer maxilípodo corto y grueso. Abdomen del macho angosto en toda su longitud. Una línea de pelos entre el segundo y tercer segmento abdominal.

BIOLOGÍA DE LA ESPECIE

El macho se encuentra asociado con las hembras en un mismo hospedador, independientemente de la presencia o ausencia de huevos en el abdomen de las hembras o del estado de desarrollo de la masa ovífera.

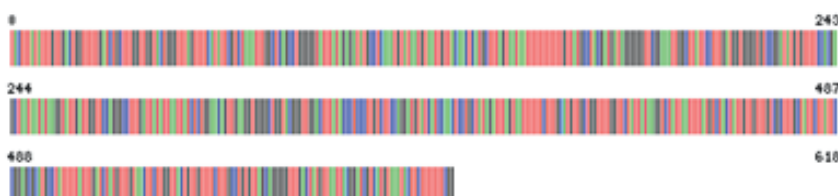
HÁBITAT

Submareal. Habita en tubos del anélido *Chaetopterus* y en galerías de *Callichirus seilacheri*.

DISTRIBUCIÓN

Panamá a Coquimbo, Chile e Islas Galápagos, Ecuador.

CÓDIGO DE BARRAS DE ADN



Glycymeris ovata

(Broderip, 1832)

Mejillón, keyhole limpet



TAXONOMÍA

Phylum	: Mollusca
Clase	: Bivalvia
Orden	: Arcida
Familia	: Glycymerididae
Género	: Glycymeris
Especie	: <i>Glycymeris ovata</i>

Bibliografía

- Álamo, V. y V. Valdivieso. 1987. Lista sistemática de moluscos marinos del Perú. Bol. Inst. Mar. Perú- Callao. Volumen Extraordinario. pp 205.
- IMARPE. 2016. Guía ilustrada para reconocimiento de especies de moluscos bivalvos con valor comercial. Serie de Divulgación Científica. 2016 - Vol 2 - N°1
- Paredes, C., Cardoso, F., Santamaría, J., Esplana, J., & Llaja, L. (2016). Lista anotada de los bivalvos marinos del Perú. Revista Peruana de Biología, 23(2), 127-150.
- Uribe, R, Rubio J., Carbajal P. y Berrú P. 2013. Invertebrados Marinos bentónicos del Litoral de la Región Ancash, Perú. Bol Inst Mar Perú, 28 / Nros 1 y 2 / enero - diciembre 2013.

DESCRIPCIÓN Y DIAGNOSIS DE LA ESPECIE

Valvas circulares o subovadas muy gruesas con periostraco piloso. Ornamentación con estrías concéntricas y crenulaciones en el margen ventral. Los dientes son taxodontos a lo largo de la charnela. Al interior las cicatrices de los músculos aductores son desiguales y no hay presencia de seno paleal.

BIOLOGÍA DE LA ESPECIE

Son típicos filtradores en zonas protegidas y con alta hidrodinámica.

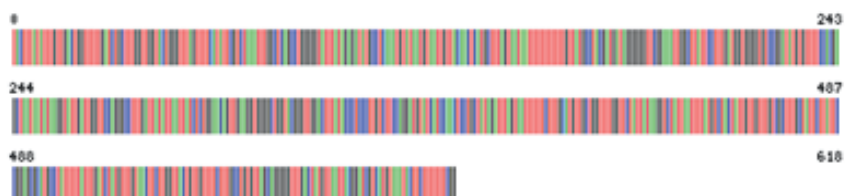
HÁBITAT

Del submareal areno fangoso, arenoso y arena con conchuela. Vive enterrada en fondos de arena gruesa con conchuela, desde la zona intermareal hasta 20 m de profundidad.

DISTRIBUCIÓN

De Bahía Tortugas. Ancash - Perú. También en Isla Santa, Bahía Samanco y Los Chimus. Otras localidades peruanas Sechura, Lobos de Tierra y Lobos de Afuera, Pacasmayo, Callao, Isla Chincha y Bahía Independencia. Fuera de Perú su distribución llega hasta Valdivia (Chile).

CÓDIGO DE BARRAS DE ADN



Semele (Semele) corrugata

(Sowerby I, 1833)

Almeja



TAXONOMÍA

Phylum	: Mollusca
Clase	: Bivalvia
Orden	: Cardiida
Familia	: Semelidae
Genero	: Semele
Especie	: <i>Semele corrugata</i>

Bibliografía

- Álamo, V ; Valdivieso, V.1987. Lista sistemática de moluscos marinos del Perú. Bol. Inst. Mar. Perú-Callao ; Vol. extraordinario: 205.
- Coan, E. 1988. Recent Eastern Pacific species of the bivalve genus Semele. The Veliger 31 (1-2): 1- 42.
- Keen AM. 1971 Sea Shell of tropical West America. Stanford: Stanford University Press.
- Ostos M, Ishiyama V, Quinte G & Aguilar P.2000. Biología reproductiva de Semele solida (Bivalvia: Semelidae) durante post El Niño 1998-99. Wiñay Yachay.4(1): 53-60
- Paredes, C.; Cardoso, F.; Santamaría, J.; Esplana, J. & Llaja, L. 2016. Lista anotada de los bivalvos marinos del Perú. Revista Peruana de Biología, 23(2): 127 – 150.
- WoRMS Editorial Board (2018). World Register of Marine Species. Available from <http://www.marinespecies.org> at VLIZ. Accessed 2018-07-10. doi: 10.14284/170.

DESCRIPCIÓN Y DIAGNOSIS DE LA ESPECIE

Concha grande y gruesa, de forma trigonal-ovalada, con periostraco grueso y marrón oscuro fácilmente removible. Presenta líneas concéntricas y un pliegue periostracal en el margen dorsal posterior de cada valva. Con charnela heterodonta, fuerte y bien desarrollada, con dientes laterales y cardinales en la valva izquierda, y dientes laterales pareados en la valva derecha.

BIOLOGÍA DE LA ESPECIE

Es un bivalvo gonocórico, sin dimorfismo sexual externo; esto último dificulta la determinación del sexo macroscópicamente. Vive enterrada en el sustrato.

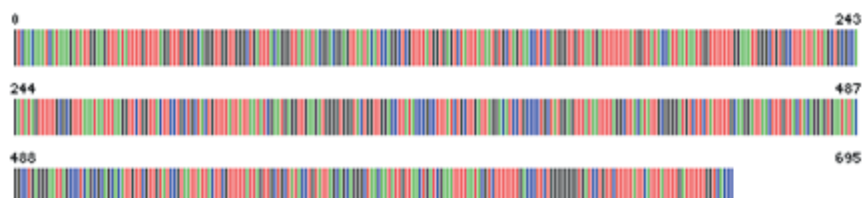
HÁBITAT

Intermareal y sublitoral hasta los 11 m de profundidad, en arena y grava.

DISTRIBUCIÓN

Desde Ecuador hasta el archipiélago de Chonos, en Chile. En el Perú, desde la bahía de Ancón hasta la bahía Independencia. Presencia en la isla Lobos de Tierra. Presencia en la bahía de Sechura.

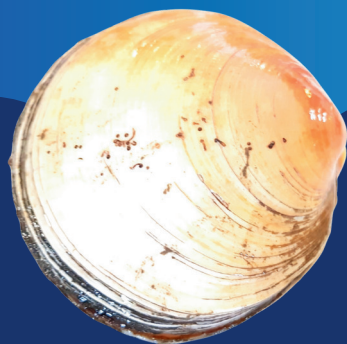
CÓDIGO DE BARRAS DE ADN



Semele solida

(Gray, 1828)

Almeja, concha blanca



TAXONOMÍA

Phylum : Mollusca
Clase : Bivalvia
Orden : Cardiida
Familia : Semelidae
Género : Semele
Especie : *Semele solida*

Bibliografía

- Álamo, V. y V. Valdivieso. 1987. Lista sistemática de moluscos marinos del Perú. Bol. Inst. Mar. Perú- Callao. Volumen Extraordinario. pp 205.
- IMARPE. 2016. Guía ilustrada para reconocimiento de especies de moluscos bivalvos con valor comercial. Serie de Divulgación Científica. 2016 - Vol 2 - N°1
- Paredes, C., Cardoso, F., Santamaría, J., Esplana, J., & Llaja, L. (2016). Lista anotada de los bivalvos marinos del Perú. Revista Peruana de Biología, 23(2), 127-150.
- Uribe, R, Rubio J., Carbajal P. y Berrú P. 2013. Invertebrados Marinos bentónicos del Litoral de la Región Ancash, Perú. Bol Inst Mar Perú, 28 / Nos 1 y 2 / Enero - Diciembre 2013.
- WoRMS Editorial Board (2017). World Register of Marine Species. Available from <http://www.marinespecies.org> at VLIZ. Accessed 2017-07-09. doi: 10.14284/170

DESCRIPCIÓN Y DIAGNOSIS DE LA ESPECIE

Valvas subcirculares u ovaladas, delgadas a sólidas ligeramente comprimidas, diferentes entre sí. Borde anterior redondeado, superficie blanca, con estrías concéntricas finas, internamente con coloración blanca un poco amarillenta, en el centro con seno paleal conspicuo. Condóforo con dos dientes laterales en cada valva.

BIOLOGÍA DE LA ESPECIE

Son filtradores que viven semienterrados exponiendo los sifones para su alimentación.

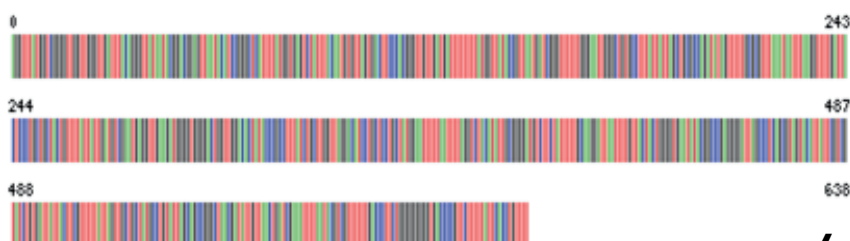
HÁBITAT

Submareal arenoso con conchuela.

DISTRIBUCIÓN

De Bahía Ferrol. Ancash – Perú. Isla Santa, Casma y Huarney. Otras localidades en Callao, Pucusana, Paracas, Islas Chincha, Bahía Independencia, Atico, Matarani e Ilo. Desde Chimbote (Perú) al Archipiélago de Chonos (Chile).

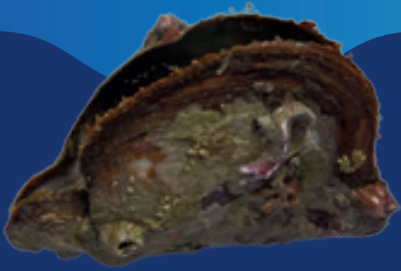
CÓDIGO DE BARRAS DE ADN



Pteria sterna

(Gould, 1851)

Concha perla, concha perlera, viuda



TAXONOMÍA

Phylum : Mollusca
Clase : Bivalvia
Orden : Pterida
Familia : Pteridae
Género : Pteria
Especie : *Pteria sterna*

Bibliografía

- Del Río-Portilla; Re-Arayo, A.D. & Voltolina, D. 1992. Growth of the pearl oyster *Pteria sterna* under different thermic and feeding conditions. Mar. Ecol. Prog. Ser., 89: 221-227.
- IMARPE. 2015. Guía de campo ilustrada para reconocimiento de especies de moluscos bivalvos con valor comercial.
- Paredes, C.; Cardoso, F.; Santamaría, J.; Esplana, J. & Llaja, L. 2016. Lista anotada de los bivalvos marinos del Perú. Revista Peruana de Biología, 23(2): 127 – 150

DESCRIPCIÓN Y DIAGNOSIS DE LA ESPECIE

Concha relativamente delgada, cubierto de espinas y escamas concéntricas. De coloración interna blanca a azul oscura iridiscente. Orejuela anterior más corta que la posterior. Ligamento largo y delgado.

BIOLOGÍA DE LA ESPECIE

Puede sobrevivir en aguas muy turbias, soportando temperaturas menores a 18 °C y mayores a 32 °C, y salinidades menores a 34.5 ups y mayores a 37 ups.

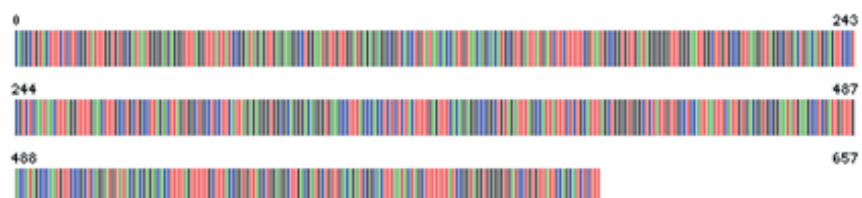
HÁBITAT

Del intermareal a 35m de profundidad, sobre sustrato rocoso, areno pedregosos con conchuela o adherido a estructuras sumergidas como los manglares.

DISTRIBUCIÓN

Golfo de California, México a Ancón, Lima, Perú e islas Galápagos, Ecuador

CÓDIGO DE BARRAS DE ADN



Argopecten purpuratus

(Lamarck, 1819)

Concha de abanico, viera



TAXONOMÍA

Phylum	: Mollusca
Clase	: Bivalvia
Orden	: Pectinida
Familia	: Pectinidae
Género	: Argopecten
Especie	: <i>Argopecten purpuratus</i>

Bibliografía

- Álamo, V. y V. Valdivieso. 1987. Lista sistemática de moluscos marinos del Perú. Bol. Inst. Mar. Perú- Callao. Volumen Extraordinario. pp 205.
- Carlos Paredes, Pedro Huamán, Rina Ramírez, Ronald Vivar, Franz Cardoso y Víctor Vera. (1998). Diversidad de los moluscos en el Perú: Una sinopsis. G. Halffter (comp.): La diversidad Biológica de Iberoamérica III. Volumen especial. Acta Zoológica Mexicana, nueva serie. Instituto de Ecología, AC, Xalapa, México, 85-102.
- IMARPE. 2016. Guía ilustrada para reconocimiento de especies de moluscos bivalvos con valor comercial. Serie de Divulgación Científica. 2016 - Vol 2 - N°1
- Paredes, C., Cardoso, F., Santamaría, J., Esplana, J., & Llaja, L. (2016). Lista anotada de los bivalvos marinos del Perú. Revista Peruana de Biología, 23(2), 127-150.

DESCRIPCIÓN Y DIAGNOSIS DE LA ESPECIE

Valvas grandes, convexas, gruesas y ligeramente aplanadas a los bordes. Con forma de abanico. Se observa costillas radiales profundamente marcadas hacia los bordes que son aserrados debido a su prolongación. Al interior de color blanco nacarado

BIOLOGÍA DE LA ESPECIE

Filtradores, hermafroditas funcionales con fecundación externa. La parte femenina de la gónada presenta una coloración anaranjada intensa, parte masculina es blanco cremoso. Sus principales depredadores son gasterópodos grandes, equinodermos y pulpos. Eventos El Niño afectan positivamente en el crecimiento de las poblaciones naturales.

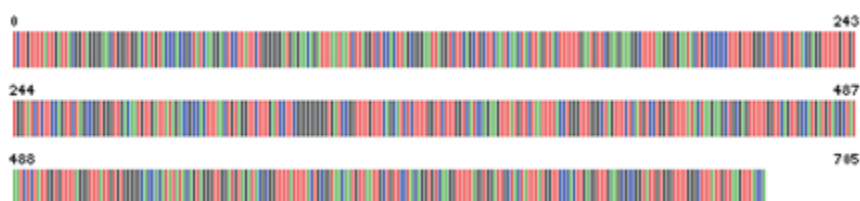
HÁBITAT

Viven enterrados en fondos areno fangosos en áreas protegidas.

DISTRIBUCIÓN

De Bahía Tortugas. Ancash – Perú. Islas Santa y Blanca, Agua Fría, Bahías Ferrol, Samanco, Los Chimus y Casma. Otras localidades desde Paita (Perú) hasta Coquimbo (Chile).

CÓDIGO DE BARRAS DE ADN



Octopus mimus

(Barnes, 1824)

Pulpo



TAXONOMÍA

Phylum	: Mollusca
Clase	: Cephalopoda
Orden	: Octopoda
Familia	: Octopodidae
Género	: Octopues
Especie	: <i>Octopus mimus</i>

Bibliografía

- Álamo, V. y V. Valdivieso. 1987. Lista sistemática de moluscos marinos del Perú. Bol. Inst. Mar. Perú- Callao. Volumen Extraordinario. pp 205.
- Cardoso, F., Villegas, P., & Estrella, C. (2004). Observaciones sobre la biología de *Octopus mimus* (Cephalopoda: Octopoda) en la costa peruana. Revis-ta Peruana de Biología, 11(1), 45-50.
- Ramírez, Ronald Vivar, Franz Cardoso y Víctor Vera. (1998). Diversidad de los moluscos en el Perú: Una sinop-sis. G. Halffter (comp.): La diversidad Biológica de Iberoamérica III. Volumen especial. Acta Zoológica Mexicana, nueva serie. Instituto de Ecología, AC, Xalapa, México, 85-102
- WoRMS Editorial Board (2017). World Register of Marine Species. Available from <http://www.marinespecies.org> at VLIZ. Accessed 2017-07-09. doi: 10.14284/170

DESCRIPCIÓN Y DIAGNOSIS DE LA ESPECIE

De tamaño relativamente grande y manto grueso, ovalado o redondeado posteriormente. Cabeza pequeña. Brazos moderadamente largos, unas cuatro veces la longitud del manto, los brazos laterales son los más largos. Ventosas de tamaño medio, con amplia separación entre ellas.

BIOLOGÍA DE LA ESPECIE

Se afirma que *O. mimus* es un depredador oportunista que utiliza como alimento presas de cinco grupos zoológicos peces, crustáceos, moluscos, equinodermos y poliquetos.

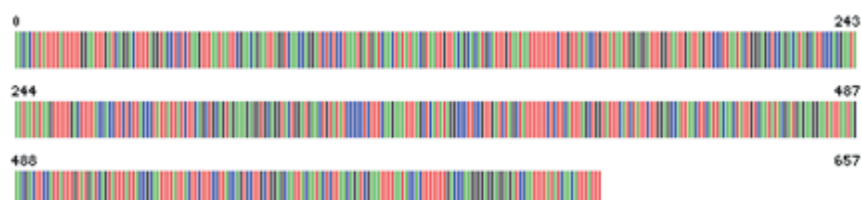
HÁBITAT

Infralitoral rocoso.

DISTRIBUCIÓN

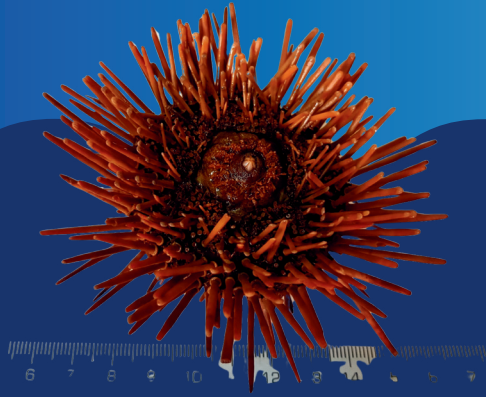
De Bahía Ferrol. Ancash – Perú. En el Pacífico sudeste desde el norte del Perú (Tumbes) a Chile central.

CÓDIGO DE BARRAS DE ADN



Arbacia spatuligera

(Valenciennes, 1846)
erizo, erizo patas largas



TAXONOMÍA

Phylum : Echinodermata
Clase : Echinoidea
Orden : Arbacioida
Familia : Arbaciidae
Género : Arbacia
Especie : *Arbacia spatuligera*

Bibliografía

- Alvarado, J. J., & Solís-Marín, F. A. (2013). Echinoderm research and diversity in Latin America. In Echinoderm Research and Diversity in Latin America (pp. 1-9). Springer Berlin Heidelberg.
- Clark, H. 1910. The Echinoderms of Peru. Bulletin of the Museum of Comparative Zoology at Harvard University. 52 (17):321-358.
- Hooker, Yuri, Solís-Marín, Francisco A., & Lleellish, Miguel. (2005). Equinodermos de las Islas Lobos de Afuera (Lambayeque, Perú). Revista Peruana de Biología, 12(1), 77-82. Recuperado en 04 de julio de 2018, de http://www.scielo.org.pe/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1727-99332005000100005&lng=es&tlng=es
- Uribe, R, Rubio J., Carbajal P. y Berrú P. 2013. Invertebrados Marinos bentónicos del Litoral de la Región Áncash, Perú. Bol Inst Mar Perú, 28 / Nos 1 y 2 / Enero - Diciembre 2013.
- WoRMS Editorial Board (2017). World Register of Marine Species. Available from <http://www.marinespecies.org> at VLIZ. Accessed 2017-07-09. doi: 10.14284/170

DESCRIPCIÓN Y DIAGNOSIS DE LA ESPECIE

Cuerpo globoso, pardo a marrón oscuro, achatado en la zona oral, con dos tipos de espinas, unas tubulares relativamente largas y romas, y otras gruesas, cilíndricas ubicadas en el área aboral. Las placas de la zona aboral y zonas desnudas adyacentes son finamente granuladas tomando un aspecto aterciopelado, de colores llamativos. Usualmente sin placa ocular (a veces una) en el periprocto. Ano verticalmente opuesto a la boca. Periprocto cubierto por cuatro placas de iguales proporciones.

BIOLOGÍA DE LA ESPECIE

Detritívoros y onmívoros. En fondos blandos se les observó compartiendo hábitat con *Tagelus dombeii*, *Diopatra rhizoicola*, *Prunum curtum* y *Toncia elegans*. En el intermareal bajo se les observó compartiendo hábitat con *Crepidatella dilatata*, y *Tegula spp.*

HÁBITAT

Intermareal bajo arenoso con conchuela y rocas. Submareal arenoso con macroalgas. Profundidad: 3-15 m.

DISTRIBUCIÓN

Puerto Huarmey, Antamina. Desde Guayaquil (Ecuador) al sur de Chile. Localidades en la Región Áncash: Isla Santa y Casma. Otras localidades en el Perú: Pacasmayo, Pucusana, Paracas, Bahía Independencia, Matarani, Ilo.

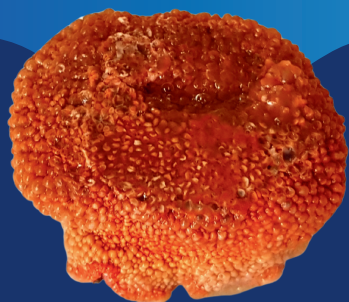
CÓDIGO DE BARRAS DE ADN



Anthopleura elegantissima

(Brandt, 1835)

Anémona



TAXONOMÍA

Phylum : Echinodermata
Clase : Echinoidea
Orden : Arbacioida
Familia : Arbaciidae
Género : Anthopleura
Especie : *Anthopleura elegantissima*

Bibliografía

- Sebens, K.B. 1980. The regulation of asexual reproduction and indeterminate body size in the sea anemone *Anthopleura elegantissima* (Brandt). *Biological Bulletin*. 158:370–382.
- WoRMS Editorial Board (2017). World Register of Marine Species. Available from <http://www.marinespecies.org> at VLIZ. Accessed 2017-07-09. doi: 10.14284/170

DESCRIPCIÓN Y DIAGNOSIS DE LA ESPECIE

Con pólipos que alcanzan hasta ocho cm de diámetro en el disco oral, con aproximadamente 100 tentáculos en tres o cuatro filas alrededor de los márgenes del disco. La mayoría son de color verde oliva a brillante (dependiendo de la especie de alga simbiote presente), con tentáculos con puntas rosadas. Los individuos que viven en microhábitats deficientes en radiación fotosintéticamente activa, como bajo muelles o en cuevas, carecen de simbiontes y presentan un color entre amarillo pálido y blanco.

BIOLOGÍA DE LA ESPECIE

Sedentaria. Presenta reproducción sexual y asexual. Forma colonias.

HÁBITAT

Sustrato rocoso, de la zona intermareal, más frecuente en aguas protegidas.

DISTRIBUCIÓN

Costas del Pacífico, desde California hasta Chile. Isla Santa.

CÓDIGO DE BARRAS DE ADN



Sinum cymba

(Menke, 1828)

Caracol, abalón, tapadera, orejón, abulón, babosa, perforado



TAXONOMÍA

Phylum : Mollusca
Clase : Gastropoda
Orden : Littorinimorpha
Familia : Naticidae
Género : *Sinum*
Especie : *Sinum cymba*

Bibliografía

- Álamo V. & V. Valdivieso. 1997. Lista sistemática de moluscos marinos del Perú. Instituto del Mar del Perú. Segunda edición. 183pp.
- Covarrubias A.A & M.S. Romero 2009. Anatomía del sistema reproductor femenino y masculino de *Sinum cymba* (Menke, 1828) (Gastropoda: Naticidae). Revista de Biología Marina y Oceanografía. 44(3): 673-683.
- Guzmán N., S. Saá & L. Ortlieb. 1998. Catálogo descriptivo de los moluscos litorales (Gastropoda y Pelecypoda) de la zona de Antofagasta, 23°S (Chile). Estud. Oceanol. 17: 17-86.
- Penagos F.E. 2013. Guía ilustrada, moluscos marinos gasterópodos y lamelibranquios de la costa de Chiapas, México. Universidad de Ciencias y Artes de Chiapas, México. Primera edición. 125pp.
- WoRMS Editorial Board (2018). World Register of Marine Species. Checklist dataset <https://doi.org/10.14284/170> accessed via GBIF.org on 2018-11-18. Doi: 10.14284/170.

DESCRIPCIÓN Y DIAGNOSIS DE LA ESPECIE

Concha globosa aplanada, gruesa, grande, de espira baja. La última vuelta ocupa casi la totalidad de la concha. La abertura es muy amplia, oval redondeada. Su escultura externa muestra finas y muy juntas costillas espirales, intersectadas por finísimas costillas axiales (escultura cancelada), lo que le da a la concha un aspecto de estrías ondeadas. Sutura poco profunda pero muy notoria, debido a la coloración blanquecina del borde superior de cada vuelta. El labio externo es delgado, mientras que el interno presenta un engrosamiento. El callo parietal es amplio, delgado y de un color blanquecino. La coloración externa en tonos café amarillento y el interior, de café oscuro. En ejemplares vivos la concha es poco visible por el gran tamaño del pie.

BIOLOGÍA DE LA ESPECIE

Detritívoro. Dioico.

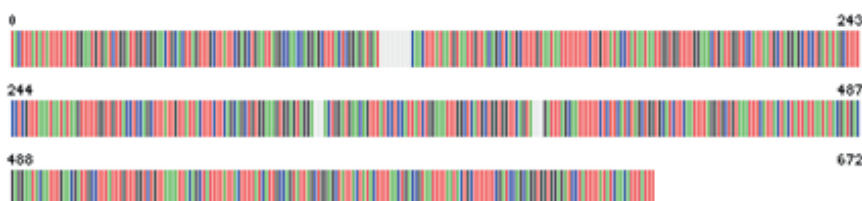
HÁBITAT

Submareal arenoso.

DISTRIBUCIÓN

Desde Ecuador a Chile

CÓDIGO DE BARRAS DE ADN



Crucibulum scutellatum

(Wood, 1828)

Pique, señorita

Cup and saucer limpet



TAXONOMÍA

Phylum : Mollusca
Clase : Gastropoda
Orden : Littorinimorpha
Familia : Calyptraeidae
Género : Crucibulum
Especie : *Crucibulum scutellatum*

Bibliografía

- Keen, A.M. 1971. The shells of tropical West America. 2th. ed. Stanford Univ. Press, California. 1064 pp.
- Paredes, C., & Cardoso, F. (2007). La Familia Calyptraeidae en el Perú (Gastropoda: Caenogastropoda). Revista Peruana de Biología, 13(3), 177-184.
- Peña, M. 1970. Zonas de distribución de los gasterópodos marinos del Perú. Anales Científicos de la Universidad Agraria 8(3/4): 153-170.
- WoRMS Editorial Board (2018). World Register of Marine Species. Available from <http://www.marinespecies.org> at VLIZ. Accessed 2018-07-10. doi: 10.14284/170.

DESCRIPCIÓN Y DIAGNOSIS DE LA ESPECIE

Concha de forma cónica con ápex subcentral. Con costillas radiales gruesas que se proyectan en el borde de la concha con espinas gruesas; el septo blanco, en forma de copa se fija al ápex por uno de sus lados; coloración pardo-rojiza.

BIOLOGÍA DE LA ESPECIE

Puede estar adherido a la valva de otros moluscos.

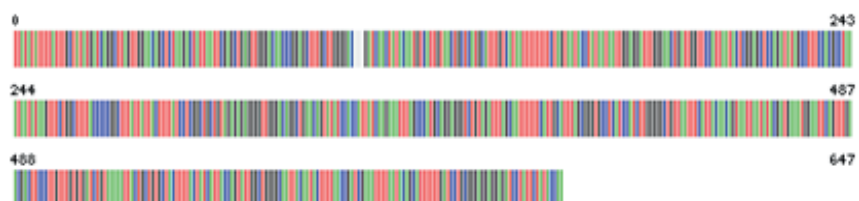
HÁBITAT

Infralitoral rocoso hasta los 27m de profundidad.

DISTRIBUCIÓN

Punta Piactla, México a Pimentel, Lambayeque, Perú.

CÓDIGO DE BARRAS DE ADN



Stramonita biserialis

(Blainville, 1832)
Caracol, dye shell



TAXONOMÍA

Phylum : Mollusca
Clase : Gastropoda
Orden : Neogastropoda
Familia : Muricidae
Género : Stramonita
Especie : *Stramonita biserialis*

Bibliografía

- Keen, A.M. 1971. The shells of tropical West America. 2th. ed. Stanford Univ. Press, California. 1064 pp.
- Paredes, C., & Cardoso, F. (2007). La Familia Calyptraeidae en el Perú (Gastropoda: Caenogastropoda). Revista Peruana de Biología, 13(3), 177-184.
- Peña, M. 1970. Zonas de distribución de los gasterópodos marinos del Perú. Anales Científicos de la Universidad Agraria 8(3/4): 153-170.
- WoRMS Editorial Board (2018). World Register of Marine Species. Available from <http://www.marinespecies.org> at VLIZ. Accessed 2018-07-10. doi: 10.14284/170.

DESCRIPCIÓN Y DIAGNOSIS DE LA ESPECIE

Concha sólida de color café oscuro con tonalidades naranja en la zona columelar y parte interna del labio externo. Vuelta corporal de gran tamaño y espira baja. Puede poseer nódulos o tubérculos redondeados. Costillas concéntricas delgadas.

BIOLOGÍA DE LA ESPECIE

Predadores.

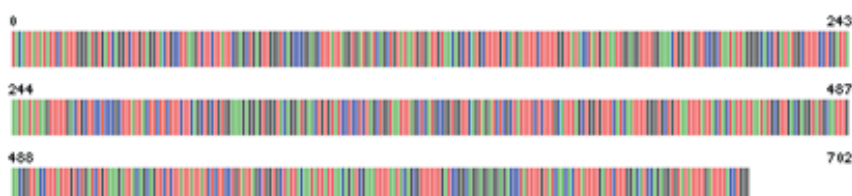
HÁBITAT

Intermareal inferior, fondo rocoso.

DISTRIBUCIÓN

Islas Cedro, Socorro, Revillagigedo, México; Islas Clipperton, del Coco, Costa Rica, Isla de Malpelo, Colombia; Puerto Pizarro, a Valparaíso, Chile.

CÓDIGO DE BARRAS DE ADN



Thaisella chocolata

(Duclos, 1832)

Caracol común, caracol plomo
Dye shell



TAXONOMÍA

Phylum : Mollusca
Clase : Gastropoda
Orden : Neogastropoda
Familia : Muricidae
Género : Thaisella
Especie : *Thaisella chocolata*

Bibliografía

- Arguelles J., Torres E., Condori W., C. R. (2016). Protocolo para muestreo Biológico y biométrico de gasterópodos marinos. Informe - Instituto del Mar del Perú, 43(4).
- Álamo, V., Valdivieso, V. (1997). Lista sistemática de moluscos marinos del Perú. Boletín del instituto del Mar (Perú- Callao). 183pp.
- Andrade, C., J. González, J. Oliva, V. Barros, A. Olguín, C. León, M. Romero, M. Cortes & C. Cortes. 1997. Estudio del ciclo vital del recurso locate (*Thais chocolata*), en las Regiones I a IV. Informe Final, Proyecto FIP 94-34: 90.
- Avendaño, M., M. Cantilláñez, A. Olivares & M. Oliva. 1998. Indicadores de agregación reproductiva de *Thais chocolate* (Duclos, 1832) (Gasteropoda, Thaididae) en Caleta Punta Arenas (21°38'S- 70°09'W). Invest. Mar., Valparaíso, 26:15-20.
- Quiroz-Ruiz, M. & E. Barriga-Rivera. 1998. Prospección del caracol *Thais chocolata* en el litoral de Moquegua y Tacna, Julio 1997. Informe Progresivo-Instituto del Mar del Perú, 90: 3-16.
- WoRMS Editorial Board (2018). World Register of Marine Species. Available from <http://www.marinespecies.org> at VLIZ. Accessed 2018-07-10. doi: 10.14284/170.

DESCRIPCIÓN Y DIAGNOSIS DE LA ESPECIE

Concha gruesa, de abertura ovada que ocupa los 2/3 de la longitud total, con espira corta. Las vueltas presentan tubérculos pronunciados en la parte superior. Opérculo de color marrón. Sutura notable.

BIOLOGÍA DE LA ESPECIE

Caracol carnívoro y carroñero, dioico y sin dimorfismo sexual externo.

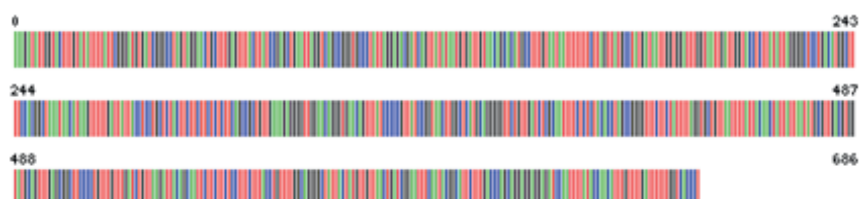
HÁBITAT

Mesolitoral e infralitoral rocoso o arenoso, incluyendo conchuela y arena gruesa, se distribuye hasta 20 m de profundidad.

DISTRIBUCIÓN

Ecuador hasta Valparaíso, Chile.

CÓDIGO DE BARRAS DE ADN



Crossata ventricosa

(Broderip, 1833)

Caracol rosado



TAXONOMÍA

Phylum	: Mollusca
Clase	: Gastropoda
Orden	: Littorinimorpha
Familia	: Bursidae
Género	: Crossata
Especie	: <i>Crossata ventricosa</i>

Bibliografía

- Arguelles J., Torres E., Condori W., C. R. (2016). Protocolo para muestreo Biológico y biométrico de gasterópodos marinos. Informe - Instituto del Mar del Perú, 43(4).
- Álamo, V., Valdivieso, V. (1997). Lista sistemática de moluscos marinos del Perú. Boletín del instituto del Mar (Perú- Callao). 183pp.
- Andrade, C., J. González, J. Oliva, V. Barros, A. Olguín, C. León, M. Romero, M. Cortes & C. Cortes. 1997. Estudio del ciclo vital del recurso locate (Thais chocolata), en las Regiones I a IV. Informe Final, Proyecto FIP 94-34: 90.
- Avendaño, M., M. Cantilláñez, A. Olivares & M. Oliva. 1998. Indicadores de agregación reproductiva de Thais chocolate (Duclos, 1832) (Gasteropoda, Thaididae) en Caleta Punta Arenas (21°38'S- 70°09'W). Invest. Mar., Valparaíso, 26:15-20.
- Quiroz-Ruiz, M. & E. Barriga-Rivera. 1998. Prospección del caracol Thais chocolata en el litoral de Moquegua y Tacna, Julio 1997. Informe Progresivo-Instituto del Mar del Perú, 90: 3-16.
- WoRMS Editorial Board (2018). World Register of Marine Species. Available from <http://www.marinespecies.org> at VLIZ. Accessed 2018-07-10. doi: 10.14284/170.

DESCRIPCIÓN Y DIAGNOSIS DE LA ESPECIE

Concha robusta de coloración rosácea, formada por cuatro a cinco anfractos, cada uno con un cordón de nódulos prominentes y puntiagudos, ubicados casi a la altura del hombro. Cada anfracto separado por suturas poco pronunciadas. Espira puntiaguda relativamente alta. Escultura externa formada por delgadas y ondeadas estrias espirales, mientras que las axiales son por lo general gruesas, elevadas y coinciden con los nódulos del hombro. El último anfracto es grande y se estrecha hacia el extremo inferior. Abertura ovalada y muestra el canal sifonal posterior bien desarrollado corto, ancho y profundo. Columela convexa con suaves pliegues que se hacen más notorios a la altura del canal sifonal. Labio externo grueso, cortante, crenulado y con una marcada hilera de dientecillos. Coloración interna blanco brillante.

BIOLOGÍA DE LA ESPECIE

Carnívoros, depredadores de bivalvos y pequeños moluscos. Suelen estar epifitados por algas costrosas, cirrípedos y pequeños poliplacóforos.

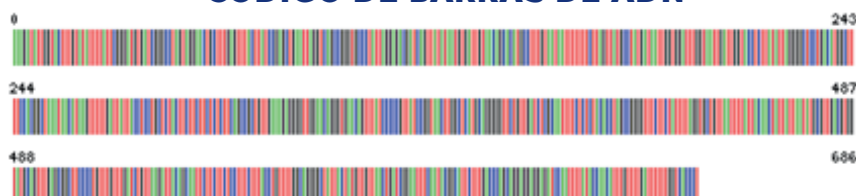
HÁBITAT

Submareal arenoso y rocoso hasta 15 m de profundidad.

DISTRIBUCIÓN

Desde Nicaragua a Antofagasta (Chile). En Áncash: Isla Santa, El Dorado, bahía Samanco, Los Chimus, bahía Tortugas. Otras localidades en Perú: Caleta La Cruz, Máncora, Punta Aguja, Colán, Islas Foca, Lobos de Tierra y Lobos de Afuera, Pimentel, Eten, Islas Macabí y Don Martín, Callao, Paracas, Bahía Independencia.

CÓDIGO DE BARRAS DE ADN



Solenosteira fusiformis

(Blainville, 1832)

Buccinio, Whelk



TAXONOMÍA

Phylum : Mollusca
Clase : Gastropoda
Orden : Neogastropoda
Familia : Pisanidae
Género : Solenosteira
Especie : *Solenosteira fusiformis*

Bibliografía

- Álamo, V. & Valdivieso V. 1997. Lista sistemática de moluscos marinos del Perú. Instituto del Mar del Perú. II edición. Pp. 1-183.
- Aldea, C. & Valdovinos, C. 2005. Moluscos del intermareal rocoso del centro-sur de Chile (36° - 38°s): taxonomía y clave de identificación. Gayana 69(2): 364-396.
- Camus, P.A.; Navarrete, A.H.; Sanhueza, A.G & Opazo, I.F. 2012. Trophic ecology of the chiton *Acanthopleura echinata* on Chilean rocky shores. Revista Chilena de Historia Natural, 85: 123-135.
- Otaiza, R.D & B Santelices. 1985. Vertical distribution of chitons (Mollusca: Polyplacophora) in the rocky intertidal zone of central Chile. Journal of Experimental Marine Biology and Ecology, 86: 229-240.
- Tobar-Villa, C.D; Ibáñez, C.M. 2013. *Acanthopleura echinata* (Barnes, 1824): (Barnes, 1824): antecedentes de la especie. Amici Molluscarum, 21(2): 23-28.
- WoRMS Editorial Board (2018). World Register of Marine Species. Available from <http://www.marinespecies.org> at VLIZ. Accessed 2018-07-10.

DESCRIPCIÓN Y DIAGNOSIS DE LA ESPECIE

Concha ovada, túrrida, ventricosa, blanca, cubierta con un grueso periostraco piloso. Vueltas convexas, cardinadas, con tubérculos elevados y comprimidos. Abertura ovada con el borde externo crenulado por la proyección de las costillas concéntricas. Opérculo alargado, columela blanca. Base estrecha y con ombligo. Canal anterior corto.

BIOLOGÍA DE LA ESPECIE

No determinado.

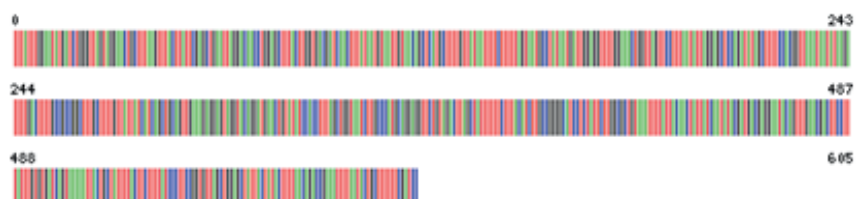
HÁBITAT

Submareal de 10 a 35m. Sustrato rocoso, arenoso, fangoso.

DISTRIBUCIÓN

Panamá a islas Chincha, Perú.

CÓDIGO DE BARRAS DE ADN



Tegula atra

(Lesson, 1830)

“Caracol turbante, caracol negro”
“Pearly top shell”



TAXONOMÍA

Phylum	: Mollusca
Clase	: Gastropoda
Orden	: Trochida
Familia	: Tegulidae
Género	: Tegula
Especie	: <i>Tegula atra</i>

Bibliografía

- Álamo, V. & Valdivieso V. 1997. Lista sistemática de moluscos marinos del Perú. Instituto del Mar del Perú. II edición. Pp. 1-183.
- Aldea, C. & Valdovinos, C. 2005. Moluscos del intermareal rocoso del centro-sur de Chile (36° - 38°s): taxonomía y clave de identificación. Gayana 69(2): 364-396.
- Camus, P.A; Navarrete, A.H.; Sanhueza, A.G & Opazo, I.F. 2012. Trophic ecology of the chiton *Acanthopleura echinata* on Chilean rocky shores. Revista Chilena de Historia Natural, 85: 123-135.
- Otaiza, R.D & B Santelices. 1985. Vertical distribution of chitons (Mollusca: Polyplacophora) in the rocky intertidal zone of central Chile. Journal of Experimental Marine Biology and Ecology, 86: 229-240.
- Tobar-Villa, C.D; Ibáñez, C.M. 2013. *Acanthopleura echinata* (Barnes, 1824): (Barnes, 1824): antecedentes de la especie. Amici Molluscarum, 21(2): 23-28.
- WoRMS Editorial Board (2018). World Register of Marine Species. Available from <http://www.marinespecies.org> at VLIZ. Accessed 2018-07-10.

DESCRIPCIÓN Y DIAGNOSIS DE LA ESPECIE

Concha de forma trocoide, gruesa, vuelta corporal ancha y aplanada. Escultura de muy finas estrías (casi imperceptibles), oblicuas, que siguen la dirección de la espira. El color en tonalidades de oscuros, pardo-violáceo a negro. Abertura oval, con el borde derecho expandido, oblicuo, cortante y de color negro. Internamente nacarado. El labio interno con un tubérculo en forma de diente y ombligo sin orificio. Opérculo córneo, de color café.

BIOLOGÍA DE LA ESPECIE

Hervívoro. Puede llegar a medir hasta los 69mm de diámetro.

HÁBITAT

En pozas de mareas, mediolitoral y sublitoral rocoso entre las algas e incrustados con un alga rosa calcárea del grupo de los lithothamnioides. Comparte hábitat con *T. Luctuosa*, *T. Tridentata* y *Diloma nigerrima*, *Prisogaster niger* en comunidades de *Lessonia nigrescens* y *L. trabeculata*.

DISTRIBUCIÓN

Pacasmayo, Perú al Estrecho de Magallanes y Patagonia.

CÓDIGO DE BARRAS DE ADN



Acanthopleura echinata

(Barnes, 1824)

Barquillo, barbudo, Chiton



TAXONOMÍA

Phylum : Mollusca
Clase : Polyplacophora
Orden : Chitonida
Familia : Chitonidae
Género : *Acanthopleura*
Especie : *Acanthopleura echinata*

Bibliografía

- Álamo, V. & Valdivieso V. 1997. Lista sistemática de moluscos marinos del Perú. Instituto del Mar del Perú. II edición. Pp. 1-183.
- Aldea, C. & Valdovinos, C. 2005. Moluscos del intermareal rocoso del centro-sur de Chile (36° - 38°s): taxonomía y clave de identificación. Gayana 69(2): 364-396.
- Camus, P.A.; Navarrete, A.H.; Sanhueza, A.G & Opazo, I.F. 2012. Trophic ecology of the chiton *Acanthopleura echinata* on Chilean rocky shores. Revista Chilena de Historia Natural, 85: 123-135.
- Otaiza, R.D & B Santelices. 1985. Vertical distribution of chitons (Mollusca: Polyplacophora) in the rocky intertidal zone of central Chile. Journal of Experimental Marine Biology and Ecology, 86: 229-240.
- Tobar-Villa, C.D; Ibáñez, C.M. 2013. *Acanthopleura echinata* (Barnes, 1824): (Barnes, 1824): antecedentes de la especie. Amici Molluscarum, 21(2): 23-28.
- WoRMS Editorial Board (2018). World Register of Marine Species. Available from <http://www.marinespecies.org> at VLIZ. Accessed 2018-07-10.

DESCRIPCIÓN Y DIAGNOSIS DE LA ESPECIE

Especie de mayor tamaño entre los chitones. Concha formada por ocho valvas, que comúnmente contienen epífitos. Cinturón cubierto por gruesas espinas calcáreas.

BIOLOGÍA DE LA ESPECIE

Especie herbívora.

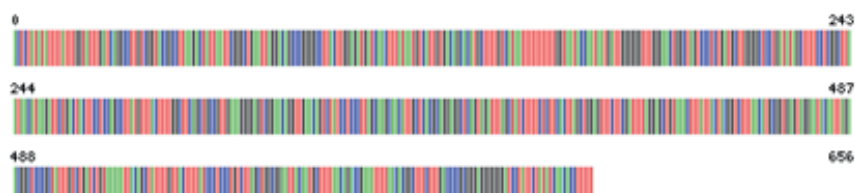
HÁBITAT

Del intermareal inferior en orillas expuestas, entre y bajo algas de los géneros *Lessonia* y *Macrocystis*

DISTRIBUCIÓN

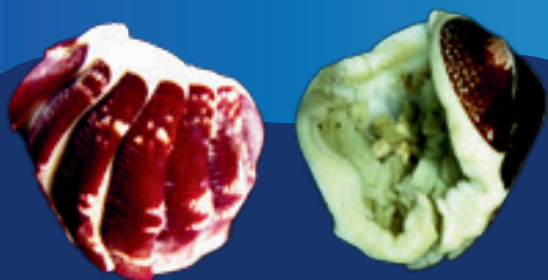
Paita, Perú al Estrecho de Magallanes, Chile e islas Galápagos, Ecuador.

CÓDIGO DE BARRAS DE ADN



Tonicia chilensis

(Frembly, 1827)
Barquillo, Chiton



TAXONOMÍA

Phylum	: Mollusca
Clase	: Polyplacophora
Orden	: Chitonida
Familia	: Chitonidae
Género	: Tonicia
Especie	: <i>Tonicia chilensis</i>

Bibliografía

- Aldea, C, & Valdovinos, C. (2005). Moluscos del Intermareal rocoso del centro sur de Chile (36° - 38°S): Taxonomía y clave de identificación. Gayana (Concepción), 69(2), 364-396.
- WoRMS Editorial Board (2017). World Register of Marine Species. Available from <http://www.marinespecies.org> at VLIZ. Accessed 2017-07-09. doi: 10.14284/170

DESCRIPCIÓN Y DIAGNOSIS DE LA ESPECIE

Placas oscuras, color café negruzco, con el área de la quilla más claro. Animal de tamaño mediano a grande, que llega a 43 mm. Concha alargada ovalada, no muy elevada, cresta dorsal redondeada, las pendientes laterales rectas. Color marrón oscuro a los lados, se vuelve castaño en el centro, delicadamente y peculiarmente moteado y veteado de blanco o beige. Áreas laterales apenas levantadas, pero separadas de las áreas centrales por una cresta diagonal obtusa que lleva una serie de tubérculos bajos; escultura con hileras subrayadas de gránulos pequeños, y mostrando una banda de ojos negros colocados irregularmente en la parte delantera. Área central de la segunda valva tiene en el medio, una quilla o un grupo de liras; las áreas centrales de las otras válvulas tienen una banda dorsal lisa y estrecha con varios surcos longitudinales a cada lado; y en los lados hay filas delicadas divergentes longitudinales de gránulos. Las valvas de los extremos radialmente subgranuladas y llenas de puntos dispuestos subradialmente.

BIOLOGÍA DE LA ESPECIE

Herbívoros ramoneadores. Estadíos larval y adulto bentónicos.

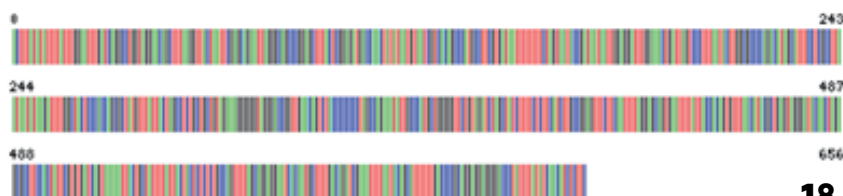
HÁBITAT

Intermareal rocoso inferior, rompiente y submareal. Profundidad: Hasta 15 m.

DISTRIBUCIÓN

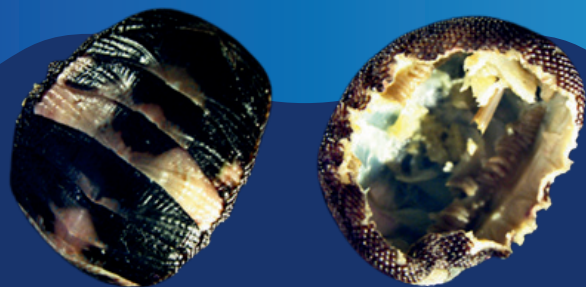
De Playa Asia, Cañete - Perú. Desde Perú hasta Chile.

CÓDIGO DE BARRAS DE ADN



Chiton cumingsi

(Frembly, 1827)
Barquillo, Chiton



TAXONOMÍA

Phylum : Mollusca
Clase : Polyplacophora
Orden : Chitonida
Familia : Chitonidae
Género : Chiton
Especie : *Chiton cumingsi*

Bibliografía

- Álamo, V., Valdivieso, V. 1997. Lista sistemática de moluscos marinos del Perú. Boletín del instituto del Mar (Perú- Callao). 183 pp.
- Araya J. F. y Araya M. E. 2015. The shallow-water chitons (Mollusca, Poly-placophora) of Caldera, Region of Atacama, northern.
- Chile. Zoosyst. Evol. 91 (1) 2015, 45–58.
- World Register of Marine Species at:
<http://www.marinespecies.org/aphia.php?p=taxdetails&id=386774> on 2018-07-12

DESCRIPCIÓN Y DIAGNOSIS DE LA ESPECIE

Forma ovada, con consistencia casi lisa. La parte superior es de color amarillento con bandas concéntricas marrones, formando un triángulo sobre las placas. La parte anterior de la placa (valva) número ocho se bifurca estrechamente y presenta una superficie con estrías. El borde es estrecho y granuloso dividido en dos partes, donde la superficie tiene pequeñas granulaciones. Respecto al tamaño del espécimen puede variar la coloración, el grosor de la concha, la altura de los compartimento de las valvas.

BIOLOGÍA DE LA ESPECIE

Comúnmente encontrado adherido a un sustrato duro, preferentemente rocoso, sin exposición al oleaje y de hábitos comunitarios.

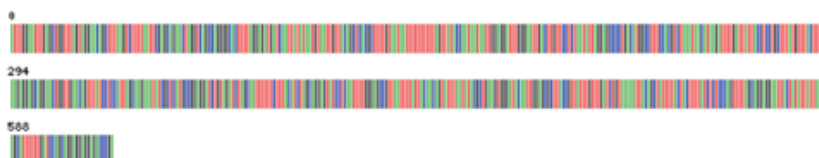
HÁBITAT

Intermareal, mesolitoral rocoso

DISTRIBUCIÓN

Paita, Perú a isla Chiloé, Chile

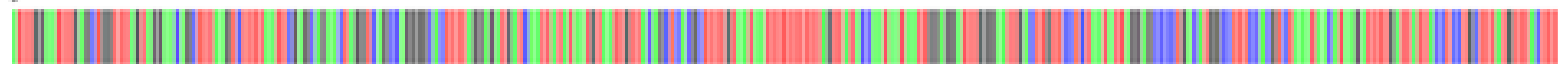
CÓDIGO DE BARRAS DE ADN



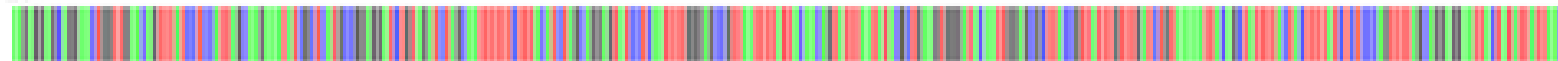


Casa del Guano - isla Santa

0



294



500

