

## Investigación y conservación de la biodiversidad en Perú: importancia del uso de técnicas modernas y procedimientos administrativos eficientes

### Research and conservation of biodiversity in Peru: importance of using modern techniques and efficient administrative processes

Rudolf von May<sup>1</sup>, Alessandro Catenazzi<sup>2</sup>, Ariadne Angulo<sup>3</sup>, Pablo J. Venegas<sup>4</sup> y César Aguilar<sup>3</sup>

1 Museum of Vertebrate Zoology, University of California, Berkeley, 3101 Valley Life Sciences Building, Berkeley, CA 94720-3160, USA.

E-mail: rvonmay@gmail.com

2 Department of Biology, San Francisco State University, Hensill Hall 754, San Francisco, CA 94132-1722, USA.

3 Departamento de Herpetología, Museo de Historia Natural, Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Av. Arenales 1256, Jesús María, Apdo. 14-0434, Lima 14, Perú.

4 División de Herpetología, Centro de Ornitología y Biodiversidad (CORBIDI), Santa Rita 105, Of. 202, Huertos de San Antonio, Surco, Lima, Perú.

#### Resumen

Este comentario resalta la importancia que el análisis de secuencias de ADN tiene en los estudios de biodiversidad y la necesidad de mejorar los procedimientos administrativos concernientes a las investigaciones de biodiversidad en el Perú. La rápida pérdida de la biodiversidad y recursos naturales del Perú justifican la urgencia de apoyar aquellas investigaciones que ayuden a identificar, describir y caracterizar a la biodiversidad en la brevedad posible, para que se puedan tomar las debidas medidas de conservación y mitigación. Enfatizamos la importancia del uso de técnicas modernas dentro del modelo de estudio de la taxonomía integradora, incluyendo el estudio de los procesos evolutivos asociados a áreas con mayor diversidad y endemismo y los efectos del cambio climático sobre la biodiversidad peruana. Asimismo, es esencial que las entidades gubernamentales encargadas de evaluar los planes, solicitudes y requisitos asociados a las investigaciones de la biodiversidad del Perú reconozcan y apoyen el enfoque de la taxonomía integradora. El uso de técnicas modernas dentro del modelo de la taxonomía integradora, junto a procedimientos administrativos eficientes, puede convertirse en la mejor herramienta para proteger la biodiversidad peruana.

**Palabras clave:** biodiversidad; especies crípticas; taxonomía integradora.

#### Abstract

This commentary focuses on the importance that DNA sequence analysis has in biodiversity studies and the need for improving administrative procedures regarding biodiversity research in Peru. Given the rapid loss of biodiversity and natural resources in many areas of Peru, research aimed at identifying, characterizing, and describing biodiversity is a priority for developing appropriate conservation and mitigation strategies. For current and future research on Peruvian biodiversity and conservation, we emphasize the importance of using an integrative taxonomy approach, including the study of evolutionary processes associated with areas of high biodiversity and endemism. Additionally, it is essential that governmental institutions responsible for reviewing permit applications and research plans, focusing on biodiversity research in Peru, recognize and support studies that incorporate an integrative taxonomy approach. The use of modern techniques in the integrative taxonomy model in conjunction with efficient administrative procedures will be the best method for protecting Peruvian biodiversity.

**Keywords:** biodiversity; cryptic species; integrative taxonomy.

Presentado: 13/09/2012  
Aceptado: 02/11/2012  
Publicado online: 15/01/2013

#### Introducción

La información proporcionada por el ADN tiene muchas aplicaciones en el mundo actual. En el Perú, el análisis de secuencias de ADN es una práctica rutinaria en pruebas de paternidad, medicina forense y en particular en la identificación de plagas (p.ej. variedades de la mosca de la fruta) y agentes patógenos (p.ej. virus, bacterias) que amenazan diversos recursos alimenticios (Querci et al. 1995, Armstrong y Ball 2005, Sirvas-Cornejo et al. 2011). El propósito del uso de esta técnica está en la identificación de individuos a nivel de especies y variedades, a partir de fragmentos de su ADN. En términos figurativos, esta técnica permite obtener datos equivalentes a una huella digital, o un código de barras, a nivel molecular –analogía que ha sido popularizada en diversos medios de comunicación y ha producido un conocimiento y aceptación en las personas de los beneficios del uso del ADN.

Otra aplicación importante del análisis de secuencias de ADN es el desarrollo del conocimiento sobre la biodiversidad. De los tres componentes de la biodiversidad, ecosistemas, especies y

genes, la diversidad genética es la que menos ha sido estudiada en el Perú a pesar de que proporciona información extremadamente útil. En este sentido, el análisis de ADN puede ayudar a determinar la existencia de especies potencialmente nuevas para la ciencia, en particular aquellas denominadas especies crípticas, es decir, aquellas que debido a su similitud morfológica con otras especies conocidas no han sido reconocidas como entidades taxonómicas diferentes (Bickford et al. 2007; ver Tabla 1 para definiciones de algunos términos usados en el presente comentario). El análisis de ADN también puede servir para detectar especies endémicas y variedades únicas, caracterizadas en su mayoría por tener una distribución geográfica restringida.

Nuestro objetivo principal en este comentario es enfatizar la importancia de utilizar técnicas modernas que faciliten el estudio de la biodiversidad dentro del modelo de estudio de la taxonomía integradora y discutir sobre la necesidad de mejorar los procedimientos administrativos involucrados en las investigaciones de biodiversidad. Asimismo, resaltamos la importancia de investigar los procesos evolutivos asociados a la existencia de áreas con mayor diversidad y endemismo en el Perú y los

**Tabla 1.** Glosario con algunos términos utilizados en el presente artículo; preparado en base a varias fuentes (Awise 2000, Bickford et al. 2007, Padial et al. 2010).

**ADN:** Ácido desoxirribonucleico; unidad básica del código genético.

**Alelo:** una, dos o más formas alternativas de un gen y que se originan a través de mutaciones.

**Alopátrico:** Se refiere a poblaciones o especies con rangos geográficos separados.

**Biota:** Diversidad de vida, incluyendo la flora, la fauna y demás organismos viviendo en una región.

**Clado:** Grupo monofilético de organismos; agrupación que incluye la forma ancestral y todos sus descendientes.

**Cladogénesis:** Proceso evolutivo que resulta en la separación (o división) de grupos de organismos en dos o más linajes través del tiempo.

**Especies crípticas:** Dos o más especies distintas que no son distinguibles morfológicamente; son especies “ocultas” debido a que llevan el mismo nombre científico—hasta el momento en que son identificadas como entidades diferentes.

**Especies hermanas o taxa hermanos:** Dos taxa que son derivados del mismo ancestro común inmediato y por lo tanto comparten muchas características. Asimismo, en inglés se utiliza el término Sibling species para referirse a especies crípticas que son hermanas—es decir dos especies que son recíprocamente los parientes más cercanos pero que, taxonómicamente, no han sido distinguidas una de la otra.

**Filogenia:** Se refiere a la historia de linajes de organismos conforme estos cambian a través del tiempo; la filogenia puede estar basada en cambios genéticos, morfológicos u otros aspectos biológicos de los taxa estudiados.

**Filogeografía:** Disciplina que estudia los patrones y procesos que determinan la distribución geográfica de organismos relacionados entre sí, con particular atención en aquellos que forman linajes compuestos por poblaciones (o genes) dentro de una especie o entre especies dentro de un género.

**Gen:** Unidad básica hereditaria, transmitida por un ancestro a sus descendientes; secuencia de nucleótidos heredados como una unidad; un gen puede tener una o más formas alternativas, denominadas alelos.

**Linaje genético:** Serie(s) de alelos presentes en una forma ancestral y sus descendientes.

**Linaje de especies:** Serie o secuencia formada por una o más poblaciones descendientes de una misma población ancestral.

**Monofilético (ver también Clado):** Se refiere al agrupamiento de organismos que comparten un ancestro común, es decir incluye la forma ancestral y todos sus descendientes.

**Parafilético:** Se refiere al agrupamiento de organismos que comparten un ancestro común, pero que no incluye a todos los descendientes.

**Parapátrico:** Se refiere a poblaciones o especies con rangos geográficos contiguos, no sobrepuestos entre sí.

**Simpátrico:** Se refiere a poblaciones o especies con el mismo rango geográfico o cuyos rangos están parcialmente, o completamente, sobrepuestos.

**Taxón (pl. Taxa):** Grupo formado por una o más poblaciones de organismos considerados como una entidad diferente a otras entidades dentro del mismo nivel de organización biológica (especie, género, familia, etc.); agrupamiento de organismos reconocido por los taxónomos como una unidad independiente.

**Taxonomía alfa:** Disciplina enfocada en la descripción y el nombramiento de especies.

efectos del cambio climático sobre la biota peruana. Aunque la mayoría de ejemplos presentados aquí son sobre anfibios, el grupo taxonómico en el cual enfocamos la mayor parte de nuestros estudios, los conceptos e ideas son aplicables a otros grupos de organismos.

Antes de continuar cabe mencionar que, a pesar de que muchos ciudadanos entienden los beneficios que el análisis de ADN puede traer, en algunos círculos aún persiste un concepto erróneo que necesita ser aclarado aquí: los fragmentos de ADN que se usan en la sistemática molecular no son usados para crear transgénicos ni encontrar la cura para enfermedades que luego son comercializadas en el extranjero. El desarrollo de transgénicos (organismos genéticamente modificados artificialmente en laboratorios) y la producción sintética de vacunas y antibióticos son típicamente realizados por ingenieros genéticos. Estos procesos implican la investigación de otros genes y su expresión (producción de proteínas y otros compuestos bioquímicos),

además del uso de infraestructura y niveles de financiamiento que son mucho mayores que los utilizados en investigaciones básicas de biodiversidad.

Hasta el año 2007 habían sido publicados más de 2000 artículos científicos documentando la existencia de especies crípticas de fauna (invertebrados y vertebrados) en todas las regiones del planeta, incluyendo el círculo polar antártico (Pfenninger & Schwenk 2007). El análisis global de Pfenninger y Schwenk (2007) resaltó un gran número de reportes de especies crípticas para todos los grupos de vertebrados (peces, anfibios, reptiles, aves y mamíferos). Por ejemplo, para mamíferos había más de 260 publicaciones identificando una o más especies crípticas, mientras que para anfibios había casi 100 publicaciones identificando una o más especies crípticas. No obstante, es importante notar que existe una gran variación en el número de especies crípticas tanto a nivel taxonómico como regional (Trontelj & Fišer 2009). En un análisis reciente, siguiendo la misma me-

metodología de Pfenninger y Schwenk (2007), se determinó que el número de publicaciones documentando especies crípticas de fauna ya era más del doble de las que existían hace cinco años (von May, no publicado). Sin embargo, aparte de algunas excepciones (p. ej. Brown et al. 2006, Cossíos et al. 2009, Twomey & Brown 2009, Krabbe & Cadena 2010, Rodríguez et al. 2011, Velasco y Simmons 2011, Funk et al. 2012, Padial et al. 2012) muy pocos estudios de este tipo han sido enfocados en la fauna peruana.

Es ampliamente reconocido que el conocimiento sobre la diversidad biológica en el Perú se ha incrementado de manera considerable durante la última década. Sin embargo, aún quedan muchos vacíos de información por lo cual es prioritario incrementar la exploración de áreas que contienen altos niveles de diversidad y endemismo (Rodríguez 1996, Rodríguez & Young 2000). Por ejemplo, tan sólo en los últimos siete años –entre el 2005 y el 2011– se ha descrito 115 especies nuevas de anfibios en el Perú (Rivera-Correa 2012). En un período de tiempo similar se ha descrito muchas especies nuevas de otros grupos de vertebrados, decenas de especies nuevas de plantas y muchas especies nuevas de invertebrados (R. von May, obs. pers.).

Este avance en el conocimiento de la biodiversidad peruana se debe principalmente al incremento en el número de investigaciones, el desarrollo de colaboraciones internacionales y a la aplicación de herramientas modernas como los sistemas de información geográfica, análisis de bioacústica, métodos de biología molecular y análisis filogenéticos (Rodríguez & Young 2000, Padial et al. 2009, Peña 2011). Es evidente que todavía falta describir y catalogar formalmente una gran parte de la diversidad en territorio peruano, así como desarrollar una base de datos de la biodiversidad del Perú.

#### Contribución de la taxonomía integradora en el estudio de la biodiversidad en el Perú

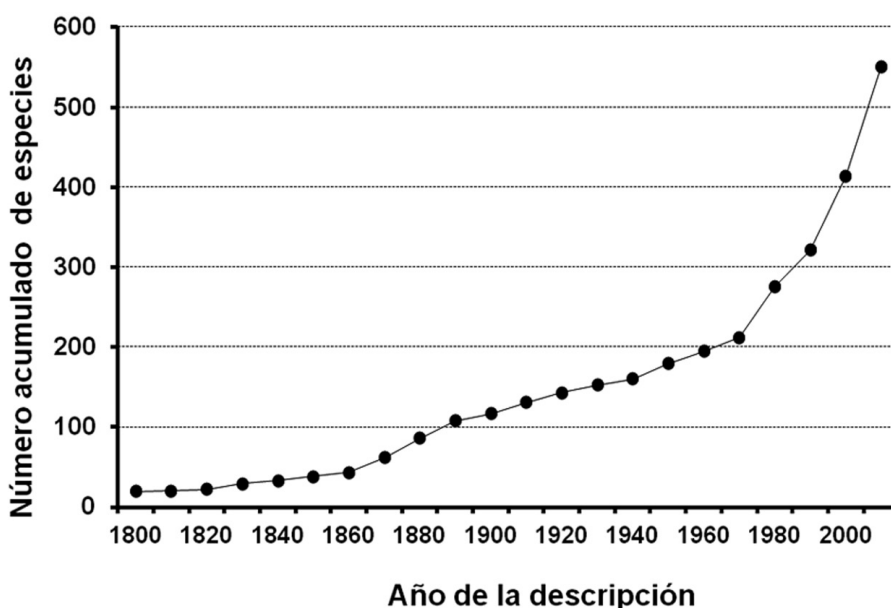
La taxonomía integradora es la combinación de varias disciplinas y el uso de diversos datos como la diversidad genética, morfometría y bioacústica, para describir, caracterizar y nombrar taxa (*integrative taxonomy*; Vieites et al. 2009, Padial et al. 2010,

Schlick-Steiner et al. 2010) y es una disciplina que ha permitido mejorar la identificación y descripción de nuevas especies para la ciencia.

Este enfoque integrador ha permitido el descubrimiento de especies crípticas, es decir, una o más especies genéticamente diferentes y previamente desconocidas dentro de lo que se reconocía como una sola especie de más amplia distribución en base a características morfológicas. Precisamente esta similitud morfológica entre especies crípticas es lo que ha dificultado su identificación y clasificación. Además del descubrimiento de especies crípticas, los datos generados mediante técnicas moleculares sirvieron para llevar a cabo análisis filogenéticos, determinar las relaciones evolutivas entre especies e identificar límites entre especies.

En el caso particular de los anfibios, el número de especies descritas continúa incrementándose gracias a la aplicación del enfoque integrador en taxonomía (v.g. Padial & De la Riva 2009, Padial et al. 2009, Angulo & Icochea 2010, Funk et al. 2012). Actualmente se conoce más de 550 especies de anfibios en el Perú, pero se estima que varios cientos más serán añadidos a la lista de especies del país (Catenazzi & von May, en prensa; Fig. 1).

Varias investigaciones recientes sobre la diversidad de anfibios en Sudamérica han utilizado métodos filogenéticos conjuntamente con métodos filogeográficos para delimitar especies usando caracteres moleculares. Un estudio pionero que utilizó métodos de filogenética molecular y filogeografía es el de Fouquet et al. (2007), quienes caracterizaron la diversidad críptica de varios grupos de especies en la Guyana Francesa y otras partes de la Amazonía. Dos estudios recientes (Jansen et al. 2011, Funk et al. 2012) llaman la atención porque presentan estimaciones de la diversidad críptica de varios grupos de anfibios en la región andino-amazónica y resaltan la proporción de diversidad que aún no ha sido formalmente descrita. El primer estudio, enfocado en varios géneros de ranas que viven en la Amazonía de Bolivia y países vecinos, encontró que alrededor del 50% de los linajes estudiados no podían ser identificados formalmente (Jansen et al. 2011). El segundo estudio, enfocado



**Figura 1.** Número de especies de anfibios conocidas en el Perú en relación a la década en la cual las descripciones fueron publicadas. La primera categoría (1800) incluye especies descritas entre 1758 y 1800. Durante la última década (entre el 2001 y el 2010, inclusive), 136 especies nuevas de anfibios fueron descritas (todas con descripciones publicadas). Datos actualizados hasta diciembre 2010. Modificado en base a Catenazzi y von May (en prensa).

en un análisis integrador de ranas de dos géneros independientes (*Engystomops* e *Hypsiboas*) distribuidas en la parte occidental de la Amazonía, principalmente Ecuador y Perú, estimó que la diversidad de ranas amazónicas es entre 150 y 350% mayor al número reconocido actualmente (Funk et al. 2012).

Por lo tanto, la aplicación de análisis filogenéticos y filogeográficos puede permitir resolver la situación taxonómica y relaciones evolutivas de muchas especies crípticas. En la descripción de especies nuevas, es típico encontrar que los autores resalten la necesidad de utilizar información basada en el análisis de pequeñas secuencias de ADN para delimitar especies, además de usar datos sobre morfometría, patrón de coloración y bioacústica (Angulo & Icochea 2010, Jansen et al. 2011, Lötters et al. 2011, Funk et al. 2012, Padial et al. 2012). En algunos casos este enfoque también ha permitido detectar especies crípticas de especies amenazadas, tal como es el caso de las “ranas arlequines” del género *Atelopus* (Lötters et al. 2011).

En este contexto, además de utilizar datos sobre la morfometría y canto de especies crípticas, incluyendo grupos de anfibios que en la actualidad podrían tener más especies crípticas que conocidas (Funk et al. 2012), los análisis de secuencias de ADN y la comparación con aquellas depositadas en bases de datos disponibles al público y de libre acceso (Barcode of Life Data System [http://www.barcodinglife.org] y GenBank [http://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucleotide]), nos permitirá resolver los límites entre especies con un grado de certeza mucho mayor. Este tipo de información todavía no existe para la mayoría de grupos de anfibios, a pesar de que estos grupos podrían contener muchas especies crípticas potencialmente amenazadas (von May et al. 2008, Angulo & Icochea 2010). Asimismo, una gran proporción de estas especies todavía se considera dentro de la categoría de No Evaluadas (NE), es decir que no ha sido categorizada ni por el gobierno peruano (INRENA 2004) ni por la Unión Internacional para la Conservación de la Naturaleza (IUCN 2012). En particular, ésta es la situación de muchas especies andinas y amazónicas descritas recientemente (p.ej. la mayoría de las 115 especies nuevas descritas para el Perú entre el 2005 y el 2011), incluyendo grupos con poca variación morfológica y que potencialmente podrían contener un elevado número de especies crípticas.

Otra razón innegable de preocupación es que cerca del 50% de las especies amenazadas o potencialmente amenazadas (es decir, aquellas en la categoría de Casi Amenazado o NT según la UICN) se encuentran fuera de Áreas Naturales Protegidas por el Estado (von May et al. 2008, Aguilar et al. 2010). Por lo tanto, es prioritario realizar evaluaciones de campo para determinar el estatus actual de sus poblaciones y estado de conservación de sus hábitats.

### **Contribución de la taxonomía integradora en el estudio de los procesos evolutivos y los efectos del cambio climático sobre la biodiversidad**

Un aspecto importante de las investigaciones actuales en biogeografía es la premisa de que éstas deben ir más allá de la descripción de patrones de distribución de especies, es decir los esfuerzos deben estar enfocados en identificar los procesos evolutivos que han generado la alta diversidad y endemismo en áreas tropicales (Moritz et al. 2000; Moritz 2002). Como estos procesos están asociados a las condiciones y cambios en el

ambiente físico, biótico y climático a largo plazo, es decir en un contexto histórico (Moritz et al. 2000, Antonelli et al. 2010), es imperante determinar si las áreas con mayor diversidad y endemismo han experimentado mayor estabilidad climática a largo plazo. Existen ejemplos notables de este tipo de investigaciones como las realizadas en Brasil (Carnaval & Moritz 2008, Carnaval et al. 2009 –aunque cabe recalcar que una buena parte de los análisis de genética molecular y bioinformática fueron realizados en Estados Unidos), las cuales tuvieron un enfoque integrador incluyendo datos sobre diversidad de especies, diversidad genética, distribución geográfica y modelaje de nichos ecológicos. Sin embargo, en el caso de los Andes y la Amazonía peruana, hasta ahora no se ha utilizado este enfoque para estudiar si las áreas con mayor diversidad y endemismo han experimentado mayor estabilidad climática en el pasado. La falta de investigaciones para solucionar esa pregunta es principalmente por la carencia de infraestructura, financiamiento y legislación actualizada, para el uso de métodos moleculares. Este tipo de investigaciones proporcionaría información única para identificar áreas vulnerables al cambio climático y tomar acciones preventivas de manejo, adaptación y mitigación efectivas (A.C. Carnaval & C. Moritz, com. pers.).

En este contexto, los estudios de biodiversidad actuales deben tomar en cuenta la biogeografía y fisiología de los organismos de estudio para mejorar las predicciones sobre su futura distribución en respuesta al cambio climático. El conocimiento de los procesos evolutivos que generan y mantienen la diversidad es clave para estas predicciones. En particular, existen dos modelos que podrían explicar la diversificación de muchos grupos taxonómicos en los Andes (Fig. 2). Dependiendo de la información obtenida a través de análisis filogenéticos, cada cadena montañosa podría tener especies relacionadas formando un clado o grupo monofilético (modelo parapátrico) o podría tener especies que pertenecen a diferentes clados (modelo alopátrico); en este último, especies pertenecientes a cada clado ocupan elevaciones similares. Estos dos modelos han sido apoyados por datos de varias investigaciones (para una sinopsis consultar Moritz et al. 2000; aunque el apoyo a uno u otro modelo varía según el grupo taxonómico y las escalas geográfica y temporal de cada estudio) y es importante reconocerlos porque generan predicciones muy diferentes en respuesta al calentamiento global. Si todas las especies viviendo en una cadena montañosa pertenecen al mismo clado y ocupan diferentes elevaciones, tal como predice el modelo parapátrico, la pérdida de especies en las partes más altas no resultaría en la extinción de clados completos (Fig. 2). En cambio, si todas las especies viviendo en la parte más alta de cada montaña pertenecen al mismo clado, tal como predice el modelo alopátrico, la pérdida de especies en las partes más altas resultaría en la extinción de clados completos (Fig. 2). En términos cualitativos, la pérdida de diversidad sería mayor en el segundo caso (extinción de un clado completo). Resultados tan distintos tendrían que guiar estrategias de mitigación distintas.

Por lo tanto, creemos que la aplicación de técnicas moleculares debe ser considerada como una oportunidad única para incrementar el conocimiento de la diversidad biológica en el Perú. Estas técnicas son equiparables a otras metodologías modernas que han sido adoptadas en el Perú desde hace varias décadas, tales como las investigaciones en bioacústica, el uso de sistemas de posicionamiento global (GPS) y sistemas de información



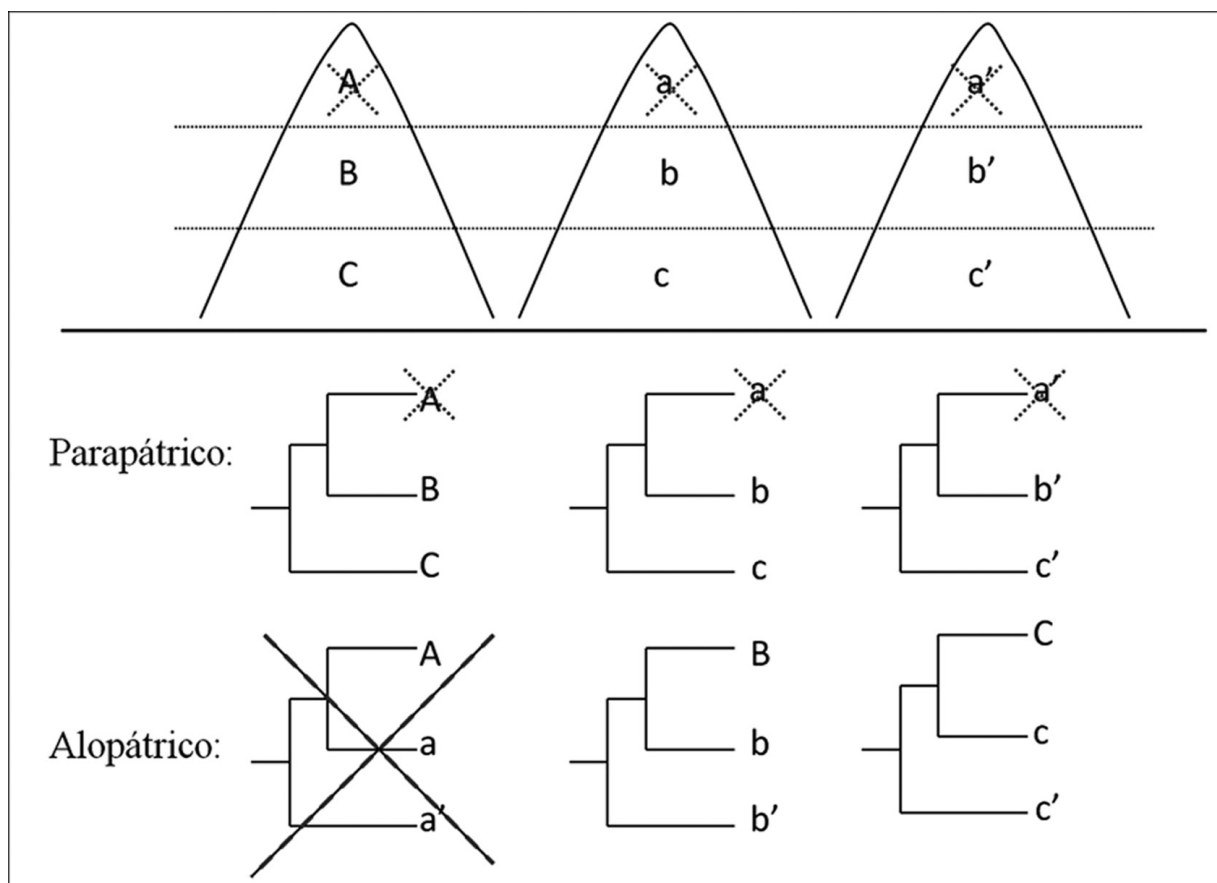
geográfica (SIG), el uso de fotos aéreas e imágenes satelitales. Todas ellas sirven para facilitar el mapeo de la biodiversidad y de áreas con recursos naturales únicos, incluyendo cuencas que proporcionan fuentes de agua limpia y bosques que brindan una multitud de servicios ambientales. Para incrementar la resolución en el conocimiento de la biodiversidad, el siguiente paso debe incorporar técnicas moleculares, análisis filogenéticos y modelaje de distribución de especies. Asimismo, esta tarea no sólo debe servir para catalogar la riqueza natural del país sino también para entender los procesos involucrados en la generación y mantenimiento de la biodiversidad y su posible respuesta a los efectos del cambio climático. Esto es de particular importancia en la elaboración de planes de adaptación y mitigación al cambio climático.

**Los procedimientos administrativos y el conocimiento de la biodiversidad en el Perú**

La escasez de infraestructura y tecnología adecuadas para realizar investigaciones de biodiversidad en el Perú, además de la necesidad de un mayor apoyo por parte de entidades gubernamentales, son los principales obstáculos que tienen que ser superados para seguir desarrollando el conocimiento de la biodiversidad peruana. La taxonomía integradora, por su propia naturaleza, requiere utilizar el material científico

colectado en campo, incluyendo especímenes y muestras de tejidos, coordenadas geográficas, datos ecológicos, fotos de los animales en vivo y de sus hábitats. Luego del trabajo de campo los especímenes colectados deben ser llevados a ambientes o laboratorios debidamente equipados para el procesamiento de las muestras. Subsecuentemente, el uso de diferentes líneas de evidencia (molecular, morfológica, bioacústica, modelos de distribución de especies) permite a los investigadores generar hipótesis robustas sobre los límites entre especies e identificar especies crípticas. Lamentablemente, son muy pocas las instituciones peruanas que cuentan con la tecnología adecuada para estudios de diversidad por lo que los análisis moleculares son realizados en laboratorios de otros países donde esa tecnología es más accesible y menos costosa.

Por otro lado, la colecta científica y la exportación de material biológico (incluyendo el contrato de acceso a recursos genéticos con fines científicos) requieren de autorizaciones oficiales emitidas por una entidad gubernamental. Sin embargo, los procedimientos administrativos necesarios para obtener las autorizaciones pertinentes han sido históricamente complejos, largos y costosos (tanto en términos de costo oficial como del costo extra-oficial, comprendido por el tiempo invertido tanto por los investigadores como por los funcionarios públicos).



**Figura 2.** Diagrama representando dos modelos de diversificación que pueden explicar la formación de especies en diferentes cadenas de montañas. En el modelo parapátrico, las especies en cada cadena montañosa tienen un ancestro común y forman parte del mismo clado o grupo monofilético. En el modelo alopátrico, las especies que ocupan cada cadena montañosa pertenecen a diferentes clados; en este caso existen tres clados: el primero incluye especies viviendo a elevaciones altas, el segundo incluye especies viviendo a elevaciones intermedias, el tercero incluye especies viviendo a elevaciones bajas. La "x" sobre las especies A, a y a' representa la extinción de esas especies por efectos del calentamiento global, según la predicción de varios estudios. Si eso sucediera, el impacto sobre la diversidad sería diferente dependiendo de las relaciones filogenéticas de los clados en cuestión (Modificado en base a Moritz et al. 2000).

Por lo tanto, la viabilidad de muchas investigaciones dependería de la mejora de los procedimientos administrativos involucrados y que comprendería su simplificación y optimización. Existe cierto avance en este aspecto debido a que varios especialistas en flora y fauna silvestre (p.ej., en la Dirección General Forestal y de Fauna Silvestre, DGFFS-MINAG) reconocen el valor de las investigaciones que incorporan el enfoque de la taxonomía integradora. Sin embargo, a nivel institucional, es importante que las entidades gubernamentales encargadas de evaluar los planes, solicitudes y requisitos asociados a las investigaciones de la biodiversidad del Perú también reconozcan y apoyen el enfoque de la taxonomía integradora para que haya un avance en los procedimientos administrativos.

El apoyo a investigaciones que incluyan el enfoque de la taxonomía integradora fortalecerá el desarrollo del conocimiento de la biodiversidad en el Perú. Este avance dependerá mucho de la posibilidad de que la taxonomía integradora (1) sea adoptada por la comunidad científica en general, y (2) sea reconocida por las entidades gubernamentales pertinentes. La rápida pérdida de la biodiversidad y recursos naturales del Perú justifican la urgencia de apoyar aquellas investigaciones que ayuden a identificar, describir y caracterizar a la biodiversidad en la brevedad posible, para que se puedan tomar las debidas medidas de conservación y manejo. Otros países, como Colombia y Brasil, también experimentan esta desconexión entre su realidad biológica y su realidad administrativa (Fernández 2011, Campos 2011), lo cual resulta preocupante a nivel de la región Latinoamericana.

El Perú es uno de los países signatarios del Convenio sobre la Diversidad Biológica. Como tal, el Perú, conjuntamente con otras naciones signatarias, se comprometen a cumplir con los objetivos y acuerdos asumidos en el texto del Convenio. En la reunión realizada por el CDB en octubre 2010 en Nagoya, Japón, los gobiernos signatarios acordaron el Plan Estratégico de la Diversidad Biológica 2011-2020 y las Metas de Aichi para abordar la pérdida de biodiversidad del planeta para las próximas dos décadas (CBD 2012). Las Metas de Aichi comprenden cinco objetivos estratégicos y veinte metas medibles. Vale la pena resaltar la relevancia de la taxonomía integradora en la Meta 12 (“Para 2020, se habrá evitado la extinción de especies amenazadas identificadas y se habrá mejorado y sostenido su estado de conservación, especialmente el de las especies en mayor disminución”) y Meta 19 (“Para 2020, se habrá avanzado en los conocimientos, la base científica y las tecnologías relativas a la diversidad biológica, sus valores y funcionamiento, su estado y tendencias, y las consecuencias de su pérdida, y tales conocimientos y tecnologías serán ampliamente compartidos, transferidos y aplicados”). En el caso de la Meta 12, la taxonomía integradora juega un papel fundamental en la identificación de especies plenas, y esto indudablemente tiene importantes consecuencias a nivel de la conservación, puesto que no se puede conservar eficientemente lo que no se conoce.

Considerando el número potencial de especies que aún queda por descubrir (Mora et al. 2011) y el rápido deterioro ambiental que se evidencia en todo el planeta, es muy probable que una proporción considerable de especies se encuentre bajo algún grado de amenaza. En el caso de la Meta 19, la taxonomía integradora combina diferentes fuentes de evidencia para evaluar la diversidad biológica, genera conocimiento sobre

esta diversidad y provee una base científica fundamental para determinar su estado de conservación. La taxonomía integradora es además amena a ser compartida y aplicada, siempre y cuando sus procedimientos sean facilitados. En resumen, la taxonomía integradora puede convertirse en una de las mejores herramientas para ayudar al Perú a cumplir con los acuerdos adquiridos en el CDB.

### Nota final

En vista de lo anteriormente expuesto, consideramos de suma importancia que en un país megadiverso como el Perú, los gobiernos reconozcan y apoyen las investigaciones que incorporen el enfoque de la taxonomía integradora incluyendo las diferentes líneas de evidencia discutidas aquí (así como algunas no mencionadas, p.ej. estudios de palinología y paleoecología; Urrego et al. 2005, 2011), y que los procedimientos administrativos sean simplificados y agilizados para optimizar el estudio de la biodiversidad del Perú.

Sugerimos que:

- Todas las investigaciones que generen datos moleculares deberían depositar su información en bases de datos de acceso libre, y quede a disposición de otros investigadores y pueda ser utilizada en estudios subsecuentes de la biodiversidad peruana.
- En todos los casos donde se apliquen nuevas metodologías, el registro de datos deberá seguir formatos estandarizados utilizados por la comunidad científica global. De esta forma se facilitará la tarea de preparar mapas actualizados de distribución de especies y de transferir esta información a la Dirección General Forestal y de Fauna Silvestre (DGFFS), Ministerio de Agricultura (MINAG), Servicio Nacional de Áreas Naturales Protegidas por el Estado (SENANP), Ministerio del Ambiente (MINAM) y otras instituciones y autoridades nacionales y regionales, para que queden a disposición para uso en los procedimientos de categorización de especies y desarrollo de estrategias de conservación de la biodiversidad.

### Agradecimientos

Agradecemos a Jennifer Jacobs y a Leonardo Romero por haber revisado las versiones preliminares de este manuscrito y por haber dado críticas editoriales constructivas. RvM agradece a National Science Foundation Postdoctoral Research Fellowship in Biology Program (DBI-1103087), National Geographic Society Committee for Research and Exploration (#9191-12) y American Philosophical Society por apoyar su investigación postdoctoral. Los autores declaran que no existe interés financiero, ni conflicto de intereses, asociado(s) a esta publicación. Las opiniones presentadas en esta publicación son de los autores y no de sus instituciones o la Asociación Peruana de Herpetología.

### Literatura citada

- Aguilar C., C. Ramírez, D. Rivera, K. Siu-Ting, J. Suárez, & C. Torres. 2010. Anfibios andinos del Perú fuera de Áreas Naturales Protegidas: amenazas y estado de conservación. *Revista Peruana de Biología* 17: 5–28.
- Angulo A. & J. Icochea. 2010. Cryptic species complexes, widespread species and conservation: lessons from Amazonian frogs of the *Leptodactylus marmoratus* group (Anura: Leptodactylidae). *Systematics and Biodiversity* 8: 357–370.

- Antonelli A., A. Quijada-Mascareñas, A.J. Crawford, J.M. Bates, P.M. Velazco & W. Wüster. 2010. Molecular studies and phylogeography of Amazonian tetrapods and their relation to geological and climatic models. In: C. Hoorn and F.P. Wesselingh, eds. *Amazonia, Landscape and Species Evolution: A Look into the Past*. Blackwell Publishing, Oxford, UK. Pp. 386–404.
- Armstrong K.F. & S.L. Ball. 2005. DNA barcodes for biosecurity: invasive species identification. *Philosophical Transactions of the Royal Society B* 360: 1813–1823.
- Avise J.C. 2000. *Phylogeography: the history and formation of species*. Harvard University Press. Cambridge, MS.
- Bickford D., D.J. Lohman, N.S. Sodhi, P.K.L. Ng, R. Meier, K. Winker, K.K. Ingram & I. Das. 2007. Cryptic species as a window on diversity and conservation. *Trends in Ecology and Evolution* 22(3): 148–155.
- Schlick-Steiner B.C., F.M. Steiner, B. Seifert, C. Stauffer, E. Christian, & R.H. Crozier. 2010. Integrative Taxonomy: A multisource approach to exploring biodiversity. *Annual Review of Entomology* 55: 421–438.
- Brown J.L., R. Schulte & K. Summers. 2006. A new species of *Dendrobates* (Anura: Dendrobatidae) from the Amazonian lowlands in Peru. *Zootaxa* 1152: 45–58.
- Campos A.P. 2011. (en línea). Autorização para estudo da biodiversidade. *Valor Econômico* 15/08/2011. <<http://www.valor.com.br/legislacao/977730/autorizacao-para-estudo-da-biodiversidade>>. Acceso 30/08/2012.
- Carnaval A.C. & C. Moritz. 2008. Historical climate modelling predicts patterns of current biodiversity in the Brazilian Atlantic forest. *Journal of Biogeography* 35: 1187–1201.
- Carnaval A.C., M.J. Hickerson, C.B.F. Haddad, M.T. Rodrigues & C. Moritz. 2009. Stability predicts genetic diversity in the Brazilian Atlantic Forest hotspot. *Science* 323: 785–789.
- Catenazzi A & von May R. (En prensa). Conservation status of amphibians in Peru. In: H. Heatwole, C. Barrios-Amorós & J. Wilkinson, eds. *Status of Conservation and Decline of Amphibians: Western Hemisphere*. Volume 9 in the series *Amphibian Biology*, H. Heatwole (ed.). Surrey Beatty and Sons, Pty. Ltd., Sydney, Australia.
- Convenio sobre la Diversidad Biológica (CBD), 2012. (en línea). <<http://www.cbd.int/>>. Acceso 30/03/2012.
- Cossíos D., M. Lucherini, M. Ruiz-García & B. Angers. 2009. Influence of ancient glacial periods on the Andean fauna: the case of the pampas cat (*Leopardus colocolo*). *BMC Evolutionary Biology* 9: 68.
- Fernández, F. 2011. (en línea) The greatest impediment to the study of biodiversity in Colombia. *Caldasia* 33(2): 5 pp. <<http://www.icn.unal.edu.co/>>. Acceso 30/03/2012.
- Fouquet A., A. Gilles, M. Vences, M. Marty, M. Blanc & N.J. Gemmell. 2007. Underestimation of species richness in Neotropical frogs revealed by mtDNA analyses. *PLoS ONE* 2, e1109. doi:10.1371/journal.pone.0001109.
- Funk W.C., M. Caminer & S.R. Ron. 2012. High levels of cryptic species diversity uncovered in Amazonian frogs. *Proceedings of the Royal Society, B*. doi: 10.1098/rspb.2011.1653.
- INRENA. 2004. Categorización de especies amenazadas de fauna Silvestre. Aprobado por Decreto Supremo N° 034-2004-AG. *El Peruano*, 22 Septiembre 2004, pp. 276853–276855.
- IUCN. 2012. (en línea). IUCN Red List of Threatened Species. <<http://www.redlist.org>>. Acceso 10/09/2012.
- Jansen M., R. Bloch, A. Schulze & M. Pfenninger. 2011. Integrative inventory of Bolivia's lowland anurans reveals hidden diversity. *Zoologica Scripta* 40(6): 567–583.
- Krabbe N. & C.D. Cadena. 2010. A taxonomic revision of the Paramo Tapaculo *Scytalopus canus* Chapman (Aves: Rhinocryptidae), with description of a new subspecies from Ecuador and Peru. *Zootaxa* 2354: 56–66.
- Lötters, S., A. van der Meijden, L.A. Coloma, R. Boistel, P. Cloetens, R. Ernst, E. Lehr & M. Veith. 2011. Assessing the molecular phylogeny of a near extinct group of vertebrates: the Neotropical harlequin frogs (*Bufo* spp., *Atelopus*). *Systematics and Biodiversity* 9(1): 45–57.
- Mora C., D.P. Tittensor, S. Adl, A.G.B. Simpson & B. Worm. 2011. How many species are there on earth and in the ocean? *PLoS Biology* 9(8): e1001127.
- Moritz C., J.L. Patton, C.J. Schneider & T.B. Smith. 2000. Diversification of rainforest faunas: an integrated molecular approach. *Annual Review of Ecology and Systematics* 31: 533–563.
- Moritz C. 2002. Strategies to protect biological diversity and the evolutionary processes that sustain it. *Systematic Biology* 51: 238–254.
- Padial J.M. & I. De la Riva. 2009. Integrative taxonomy reveals cryptic Amazonian species of *Pristimantis* (Anura: Strabomantidae). *Zoological Journal of the Linnean Society* 155: 97–122.
- Padial J.M., S. Castroviejo-Fisher, J. Köhler, C. Vila, J.C. Chaparro & I. de la Riva. 2009. Deciphering the products of evolution at the species level: the need for an integrative taxonomy. *Zoologica Scripta* 38(4): 431–447.
- Padial J.M., I. de la Riva, A. Miralles & M. Vences. 2010. The integrative future of taxonomy. *Frontiers in Zoology* 7: 16.
- Padial J.M., J.C. Chaparro, S. Castroviejo-Fisher, J.M. Guayasamin, E. Lehr, A.J. Delgado, M. Vaira, M. Teixeira, R. Aguayo & I. De la Riva. 2012. A revision of species diversity in the Neotropical genus *Oreobates* (Anura: Strabomantidae), with the description of three new species from the Amazonian slopes of the Andes. *American Museum Novitates* 3752: 1–55.
- Peña C. 2011. Métodos de inferencia filogenética. *Revista Peruana de Biología* 18(2): 265–267.
- Pfenninger M. & K. Schwenk. 2007. Cryptic animal species are homogeneously distributed among taxa and biogeographical regions. *BMC Evolutionary Biology* 7: 121.
- Querci M., R.A. Owens & C. Vargas. 1995. Detection of potato spindle tuber viroid in avocado growing in Peru. *Plant Disease* 79(2): 196–202.
- Rivera-Correa M. 2012. Colombian amphibians: cryptic diversity and cryptic taxonomy. *Froglog* 100: 36–37.
- Rodríguez L.O. (Ed.). 1996. *Diversidad Biológica del Perú: Zonas Prioritarias para su Conservación*. Proyecto de Cooperación Técnica Perú-Alemania. FANPE GTZ-INRENA. Lima. 191 pp.
- Rodríguez L.O. & K. R. Young. 2000. Biological Diversity of Peru: Determining Priority Areas for Conservation. *Ambio* 29(6): 329–337.
- Rodríguez M.S., H. Ortega & R. Covain. 2011. Intergeneric phylogenetic relationships in catfishes of the Loricariinae (Siluriformes: Loricariidae), with the description of *Fonchiiloricaria nanodon*: a new genus and species from Peru. *Journal of Fish Biology* 79: 875–895.
- Schlick-Steiner B.C., F.M. Steiner, B. Seifert, C. Stauffer, E. Christian & R.H. Crozier. 2010. Integrative Taxonomy: A Multisource Approach to Exploring Biodiversity. *Annual Review of Entomology* 55: 421–38.
- Sirvas-Cornejo S., C.C. Sánchez-Robinet & C. Peña-Domínguez. 2011. Diagnóstico e identificación rápidos por PCR de *Yersinia ruckeri* aislada de *Oncorhynchus mykiss* procedentes de Canta, Lima, Perú. *Revista Peruana de Biología* 18(3): 349–353.
- Trontelj P. & C. Fišer. 2009. Cryptic species diversity should not be trivialised. *Systematics and Biodiversity* 7(1): 1–3.
- Twomey E. & J.L. Brown. 2009. Another new species of *Ranitomeya* (Anura: Dendrobatidae) from Amazonian Colombia. *Zootaxa* 2302: 48–60.

- Urrego D.H., M.R. Silman & M.B. Bush. 2005. The Last Glacial Maximum: stability and change in a western Amazonian cloud forest. *Journal of Quaternary Science* 20: 693-701.
- Urrego D.H., M.R. Silman, A. Correa-Metrio & M.B. Bush. 2011. Pollen-vegetation relationships along steep climatic gradients in western Amazonia. *Journal of Vegetation Science* 22: 795-806.
- Velazco P.M. & N.B. Simmons. 2011. Systematics and Taxonomy of Great Striped-Faced Bats of the Genus *Vampyrodes* Thomas, 1900 (Chiroptera: Phyllostomidae). *American Museum Novitates* 3710: 1-35.
- Vieites D.R., K.C. Wollenberg, F. Andreone, J. Köhler, F. Glaw & M. Vences. 2009. Vast underestimation of Madagascar's biodiversity evidenced by an integrative amphibian inventory. *Proceedings of the National Academy of Sciences, USA* 106: 8267-8272.
- von May R., A. Catenazzi, A. Angulo, J.L. Brown, J. Carrillo, G. Chávez, J.H. Córdova, A. Curo, A. Delgado, M.A. Enciso, R. Gutiérrez, E. Lehr, J.L. Martínez, M. Medina-Müller, A. Miranda, D.R. Neira, J.A. Ochoa, A.J. Quiroz, D.A. Rodríguez, L.O. Rodríguez, A.W. Salas, T. Seimon, A. Seimon, K. Siu-Ting, J. Suárez, C. Torres & E. Twomey. 2008. Current state of conservation knowledge on threatened amphibian species in Peru. *Tropical Conservation Science* 1: 376-396.