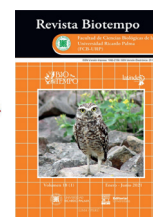


Biotempo (Lima) **latindex**
catálogo



<https://revistas.urp.edu.pe/index.php/Biotempo>

REVIEW ARTICLE/ ARTÍCULO DE REVISIÓN

GENETIC CONSERVATION IN *VULTUR GRYPHUS* (LINNEAUS, 1758)
(FALCONIFORMES: CATHARTIDAE)

GENÉTICA DE LA CONSERVACIÓN EN *VULTUR GRYPHUS* (LINNEAUS,
1758) (FALCONIFORMES: CATHARTIDAE)

Paola Olano¹; Edwin Quispe¹; Henry Vega¹; Rubí Trevejo¹ & David Chávez¹ & José Iannacone^{1,2,3,*}

¹ Grupo de Investigación en Sostenibilidad Ambiental (GISA), Escuela Universitaria de Posgrado (EUPG), Laboratorio de Ecología y Biodiversidad Animal (LEBA). Facultad de Ciencias Naturales y Matemática (FCCNM). Universidad Nacional Federico Villarreal (UNFV), Lima, Perú.

² Laboratorio de Parasitología. Facultad de Ciencias Biológicas. Escuela de Posgrado. Universidad Ricardo Palma. Lima, Perú.

³ Laboratorio de Ingeniería Ambiental. Carrera de Ingeniería Ambiental. Coastal Ecosystem of Peru Research Group (COE PERU). Universidad Científica del Sur (UCSUR), Lima, Perú.

* Corresponding author: joseiannacone@gmail.com

Paola Olano: <https://orcid.org/0000-0001-5729-8934>

Edwin Quispe: <https://orcid.org/0000-0002-1897-4001>

Henry Vega: <https://orcid.org/0000-0002-1237-2739>

Rubí Trevejo: <https://orcid.org/0000-0002-5731-230X>

David Chávez: <https://orcid.org/0000-0002-0063-8843>

José Iannacone: <https://orcid.org/0000-0003-3699-4732>

ABSTRACT

Vultur gryphus (Linnaeus, 1758) is distributed throughout the entire length of the Andes mountain ranges, however, habitat destruction, overpopulation, agriculture among other factors have fragmented its habitat, causing this to affect its population and placing it in the low category for the red book of Endangered species (EN); the fragmentation of its habitat does not allow the condor to find nesting places where it can increase its population, this brings the reduction of genetic variability, genetic diversity, mutation, among others. The objective is to recognize the effects of fragmentation in relation to the populations genetic variability and conservation of the Andean condor in Peru. An extensive search for information was carried out in Google search engine, ResearchGate, Scielo and Redalyc, of publications in English or Spanish between 1980 - 2020, in which different search terms were used such as: "Conservation condors", "Conservation strategies", "*Vultur gryphus*", "Habitat fragmentation", "Conservation of the Condor", etc. A total of 70 references were registered between the years 1931-2020, of which only 57 were initially accepted, and 13 were eliminated due to being duplicates. Of the 57 remaining references, the title, abstract and full text were analyzed, which led us to prioritize only 21 references in this work, while the remaining 36 were eliminated because they did not meet the inclusion criteria. Currently, the fragmentation in the conservation of habitat in *V. gryphus* at the South American level is the main cause for the reduction of genetic variability, genetic structure, and loss of genetic diversity.

Keywords: Conservation – Fragmentation – Genetics - *Vultur gryphus*

RESUMEN

Vultur gryphus (Linneaus, 1758) “cóndor andino” se distribuye por todo el largo de las cordilleras de los Andes; sin embargo, la destrucción de hábitat, la sobrepoblación, la agricultura, entre otros factores ha fragmentado su hábitat, haciendo que esto afecte su población y ubicándolo en el libro rojo del Perú bajo la categoría En Peligro (EN). La fragmentación de su hábitat no permite que el cóndor andino encuentre lugares de anidación y pueda aumentar su población, esto trae la reducción de la variabilidad genética, diversidad genética, mutación, entre otros. El objetivo de este trabajo fue evaluar el estado actual de la genética de la conservación en el cóndor andino. Se realizó una extensa revisión de información en Google buscador, ResearchGate, Scielo y Redalyc, de publicaciones en inglés o español entre los años 1980 – 2020, en los cuales se usaron diferentes términos de búsqueda como: “estrategias de conservación”, “*Vultur gryphus*”, “fragmentación de hábitat”, “Conservación del Cóndor”, etc. Se registró en total 70 referencias entre los años 1931-2020, de las cuales solo se aceptaron inicialmente 57, y se eliminaron 13 por estar duplicadas. De las 57 referencias restantes se analizó el título, resumen y texto completo, lo que nos llevó a priorizar solamente 21 referencias para realizar este trabajo, mientras que los 36 restantes fueron eliminados al no cumplir con los criterios de inclusión. Actualmente, la conservación del hábitat en *V. gryphus* es la principal causa para la reducción de la estructura genética, variabilidad genética y pérdida de diversidad genética.

Palabras clave: *Vultur gryphus* – Fragmentación – Genética - Conservación

INTRODUCCIÓN

Vultur gryphus (Linneaus, 1758) “cóndor andino” pertenece al orden Falconiformes y a la familia Cathartidae, es considerada un ave en categoría de Peligro (EN) según la lista roja de especies en peligro para el Perú, debido a la pérdida de hábitat, caza ilegal y envenenamiento de carcasas como medida para el control de depredadores del ganado y pueden causar el declive de las poblaciones de los cóndores (Rodríguez & Orozco, 2002; Márquez *et al.*, 2005; Piana, 2014; MINAM, 2018).

La distribución del cóndor andino abarca desde el nivel del mar hasta los niveles altos de las montañas, pero se encuentra principalmente entre los 1800 y 5200 msnm (Ferguson & Christie, 2001). Su distribución es discontinua en un país sudamericano como Colombia (Márquez *et al.*, 2005). Se les puede observar en los diversos nevados, páramos, zonas secas, bosques altoandinos, y también en mosaicos de hábitats naturales e intervenidos (Rodríguez & Orozco, 2002; Márquez *et al.*, 2005; Martínez, 2006; MAVDT & CORPOBOYACA, 2006). El Cóndor andino es característico de las zonas boscosas y, usan las áreas o sectores escarpados para refugiarse o anidar; así como también para tener más facilidad para lanzarse al vuelo y aterrizar (Márquez *et al.*, 2005; Arango *et al.*, 2016).

El cóndor andino sobrevuela una gran diversidad de hábitats, y presenta una baja tolerancia al cambio del paisaje debido a sus requerimientos o necesidades de vuelo, alimento y reproducción. Por su gran tamaño, este animal depende de las corrientes del viento que van en forma ascendente para que pueda planear (McGahan, 1973; Shepard & Lambertucci, 2013). Su dieta consiste principalmente de carroña de mamíferos de mediana y gran talla como tapires, venados, ganado y animales marinos muertos en las costas (Márquez *et al.*, 2005).

Casi todos los factores de amenaza para el cóndor son originados por el humano, por lo cual se sugiere que la alta tasa de mortalidad está relacionada con la frecuencia de contacto con el ser humano (Temple & Wallace, 1989; Lambertucci, 2007; Zuluaga & Ospina, 2020). Es una especie muy delicada debido a sus características de historia natural, como son su longevidad, baja tasa de reproducción, madurez sexual tardía, dependencia a una alta tasa de supervivencia, gregarismo en buitreras y durante la alimentación (Lambertucci *et al.*, 2009). Por ello, cualquier incremento en los factores que causan mortalidad en esta especie, puede generar serios problemas para la persistencia de sus poblaciones (Piana & Angulo, 2015).

La población de *V. gryphus* se ve afectada por la expansión de la frontera agrícola hacia los bosques altoandinos y páramos, a lo largo de su distribución; la disminución de su alimento, sea por la desaparición de grandes animales silvestres como los venados, entre otros, y ahora son dependientes de los cadáveres de los herbívoros exóticos, los cuales conforman el 98,5% de su dieta, hacen a estas aves vulnerables a los cambios en las actividades ganaderas (Lambertucci, 2010; Méndez *et al.* 2018). Se han registrado extinciones locales que amenazan interrumpir el flujo genético del cóndor andino (Nunura, 2019).

Los efectos negativos como la pérdida o el daño de hábitat son una de las principales amenazas o peligro para la conservación de *V. gryphus* en el presente y en el futuro cercano. Para el final del siglo XXI, en la región de los Andes Tropicales se predice por efecto del cambio climático un incremento de la temperatura de entre 3 y 5° C, lo cual podría afectar al cóndor andino (Buytaert *et al.*, 2014).

Actualmente se están desarrollando técnicas genéticas y moleculares para prevenir la extinción de especies, mantener su variación genética, proteger y restaurar las comunidades biológicas y sus funciones dentro de los ecosistemas. Estos estudios genéticos y moleculares está teniendo un rol cada vez más importante en la delimitación de las unidades biológicas a conservar en un número cada vez mayor de especies protegidas (Lambertucci *et al.*, 2014; Coates *et al.*, 2018; Holderegger *et al.*, 2019). Estas delimitaciones, a su vez, tienen un impacto en las decisiones de manejo con impactos significativos no solo en las especies o poblaciones bajo consideración, sino también en la sociedad humana que dependen de ellas o las impactan (Coates *et al.*, 2018; Holderegger *et al.*, 2019).

El campo de la genética molecular ha sido reconocido como clave en los esfuerzos de conservación de la biodiversidad. La genética de la conservación aplica los principios de la genética para preservar/conservar especies como unidades dinámicas que pueden hacer frente al cambio ambiental (Martín & Palumbi, 1993; Sorenson & Quinn, 1998). Se han utilizado muestras de ADN no invasivas para analizar el origen de una especie en relación a capturas ilegales incautadas, detección de hibridación, evaluación de las estructuras sociales, estimación del tamaño de la población e identificación de especies depredadoras en el ecosistema. También analiza las inadecuadas adaptaciones de las especies en peligro de la fauna silvestre en extinción que son mantenidas en cautividad cuando son reintroducidas al ámbito silvestre, trata de dar solución a los problemas de la endogamia y finalmente el alto costo de realizar

investigación fueron identificaron como algunos de los desafíos en el campo de la genética de la conservación (Haig, 1998; Coker, 2017).

La pérdida y la fragmentación del hábitat es reconocida ampliamente como una de las causas más importantes en la pérdida de biodiversidad y variabilidad genética (Sih *et al.*, 2000). Actualmente, la información acerca de los efectos que conlleva la pérdida de hábitat en relación con la riqueza y diversidad de especies se han basado mayormente en el paradigma de las metapoblaciones; mientras que los fragmentos de hábitat restantes disminuyen en tamaño y se dividen, lo que genera grandes posibilidades de extinción y presencia de tasas de recolonización en proporciones menores (Hanski, 1997).

En base a todo lo previamente señalado, se llegó a plantear la siguiente problemática ¿Qué relación hay entre la variabilidad genética con la fragmentación y conservación del hábitat de *V. gryphus*?

El objetivo del presente trabajo fue evaluar la relación entre la variabilidad genética con la fragmentación y conservación del hábitat de *V. gryphus*.

MATERIALES Y MÉTODOS

Se registró información de diversas fuentes encontradas en internet en español en: (1) Google buscador: “Estrategias de conservación”, “*Vultur gryphus*”, “Libro rojo de aves”, “Conservación evolutiva”, “Lista de aves del Perú”, “Aves rapaces diurnas”, “Hábitat del cóndor andino”, “Vuelo del cóndor”, “Amenazas del cóndor andino”, “Categoría de amenaza de *Vultur gryphus*”, “Pérdida genética”, “Abundancia relativa del cóndor andino”, “Variabilidad genética en aves”, “Tamaño poblacional del cóndor andino”, “Cathartidae” y “Distribución de aves”; (2) ResearchGate: “Biología y conservación del cóndor andino”, “Conservación de *Vultur gryphus*”, “Aves de puna” y “fragmentación de hábitat”; (3) Scielo: “Conservación genética en el Perú”, y (4) Redalyc: “Fragmentación de hábitat”, y “Conservación del Cóndor”. Se realizó también una pesquisa en los mismos buscadores haciendo uso de las siguientes palabras en inglés en: (1) Google buscador: “Conservation condors” “Importance of genetic conservation”, “Population genetics of the Andean Condor”, “Genetic structure of *Vultur gryphus*” (2) ResearchGate: “Conservation genetics”, “Genetic variability”, “Population structure and genetic”.

Se registró en total 70 referencias entre los años 1931-2020, de las cuales solo se aceptaron inicialmente 57, y se

eliminaron 13 por estar duplicadas. De las 57 referencias restantes se analizó el título, resumen y texto completo, lo que nos llevó a priorizar solamente 21 referencias para realizar este trabajo (Fig. 1) mientras que los 36 restantes fueron eliminadas al no cumplir con los criterios de inclusión.

En esta investigación se incluyeron artículos científicos en español e inglés que fueran públicas desde los años 1931 - 2020, que tuvieran como objetivo de evaluar la genética

de la conservación en el cóndor andino *V. gryphus*. Se excluyeron aquellas publicaciones científicas de especies que no tuvieron relación con *V. gryphus*. Para corroborar que la información es apta para la revisión, se elaboró una base de datos usando el programa Excel, contando con los siguientes criterios: autor, año de publicación, lugar de estudio, y catalogación en tres categorías: estructura genética, variabilidad genética y pérdida de diversidad genética.

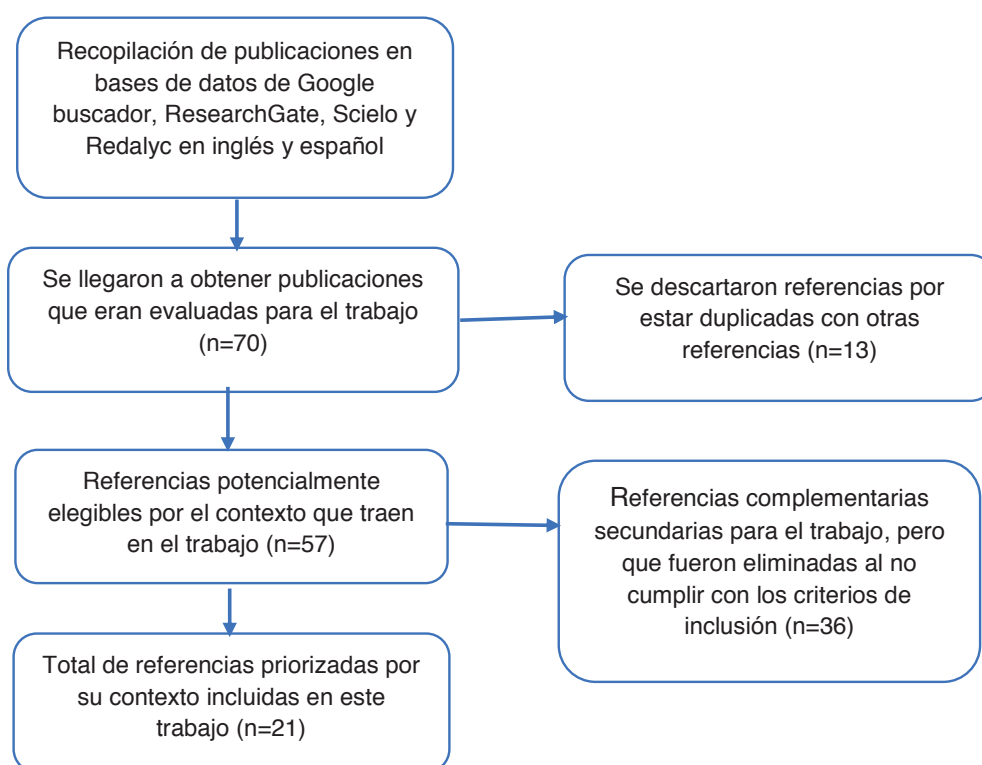


Figura 1. Diagrama de búsqueda de referencias bibliográficas para evaluar la genética de la conservación del hábitat de *Vultur gryphus*.

Aspecto éticos:

Los autores señalan que se cumplieron todos los aspectos éticos a nivel nacional e internacional.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Se recopilaron un total de 21 referencias, 20 de artículos científicos y una de un libro priorizado que describen de forma detallada aspectos de la genética de conservación en *V. gryphus* (Tabla 1). Las publicaciones científicas nos muestran que la genética ha entrado como una nueva

herramienta para poder salvar a las especies de la extinción y mejorar su conservación. De igual manera la fragmentación no solo afecta a un grupo de aves, si no a la mayoría de la fauna ornitológica, erosionando su variabilidad genética, y mutaciones, entre otros impactos (Tellería *et al.*, 2011).

En la Tabla 1, también se clasificó los registros incluidos según el año de publicación de cada referencia y como se observa los años 1994, 2009, 2015 y 2016 muestran las mayores publicaciones.

Tabla 1. Aspectos más relevantes de 21 publicaciones científicas sobre genética de la conservación del Cóndor andino *Vultur gryphus* entre los años 1931-2020.

Año	Autor	Lugar de estudio	Estructura genética	Variabilidad genética	Perdida de diversidad genética
1931	Wright	California, USA	-	Alta	Cambio evolutivo
1985	Morizot <i>et al.</i>	Puna	-	Media	Nivel considerable de la diversidad genética
1988	Emslie	Boston, USA	-	Baja	Riesgo de extinción
1994	Avise <i>et al.</i>	California, USA	-	Alta	Cambio evolutivo
1994	Wenink <i>et al.</i>	New York, USA	Dominio con un alto grado de variación en la Región control de la mitocondria	Nivel considerable	Nivel considerable de la diversidad genética
1999	Negro & Torres	Bogotá, Colombia	El grado de compartición de banda de huellas dactilares	Nivel considerable	Cambio evolutivo
2000	Ralls <i>et al.</i>	California, USA	ADN nuclear con microsatélites, estudio por primers	Nivel considerable	Cambio evolutivo
2002	Frankham <i>et al.</i>	Cambridge, Reino Unido	-	Genera la adaptación	Riesgo de extinción
2003	Hendrickson <i>et al.</i>	Santa Marta, Colombia	-	Baja	Riesgo de extinción
2006	Hull <i>et al.</i>	California, USA	El estudio por primers	Nivel considerable	Nivel considerable de la diversidad genética
2007	Adams & Villablanca	California, USA	El estudio por primers	Baja	Riesgo de extinción
2008	Le Gouar <i>et al.</i>	Boston, USA	marcadores de microsatélites	Presenta niveles aceptables	Niveles bajos de diversidad genética
2009	Arshad <i>et al.</i>	Heidelberg, Jerusalén, Multan, Outjo	Presenta baja	Nivel considerable	Nivel considerable de la diversidad genética
2009	Montenegro	Lima, Perú	-	Baja variabilidad genética	Riesgo de extinción
2011	Rheindt & Edwards	California, USA	-	Baja	Podría causar la extinción
2015	Ishtia <i>et al.</i>	Cambridge, Reino Unido	Heterocigocidad genética	Nivel considerable	Nivel considerable de la diversidad genética
2015	Nebel <i>et al.</i>	Bogotá, Colombia	-	Gran tamaño	Cambio evolutivo

(Continúa)

(Continúa)

2016	D'Elia <i>et al</i>	California, USA	526 pb en la Region control del mtDNA	Baja	Podría causar la extinción
2016	Silvestri	Perú	-	Baja	Riesgo de extinción
2018	Martin & Osinaga	Bogotá, Colombia	-	Baja	Riesgo de extinción
2020	Zuluaga & Ospina	Colombia		Baja	Riesgo de extinción

De acuerdo con la información recopilada se determinaron los siguientes componentes:

Estructura genética

Para el estudio del ADN nuclear con microsatélites, han sido usado “primers” diseñados previamente para el cóndor californiano, un pariente del cóndor andino y extender el uso de “primer” existentes de otras especies emparentadas (Hull *et al.*, 2006). El uso de los microsatélites fue ampliado de manera satisfactoria y en cada uno de los casos fueron polimórficos. Con este equipo de “primers” se generó información simple sobre la diversidad genética y la estructura (en este caso, distribución geográfica) de la variación genética. En la mitocondria, precisamente en la región control (RC) se localizan tres dominios muy variables. El dominio de nivel I tiene un alto grado de variación, por lo cual en su estudio puede revelar información relevante en los trabajos de genética poblacional (Wenink *et al.*, 1994).

Variabilidad genética

Para conocer el estado de conservación de una especie, se ha popularizado el uso del ADN mitocondrial (ADN_{mt}). Este permite evaluar las relaciones filogenéticas entre los organismos debido a su alta variabilidad (Awise *et al.*, 1994; Hendrickson *et al.*, 2003).

La evidencia de que las especies que no se encuentran en peligro inmediato de extinción presentan niveles bajos de variabilidad genética, tiene importante trascendencia en conservación de la biodiversidad. La mayoría de los estudios genéticos de la megafauna son realizados únicamente después de que las poblaciones han sido reducidas en su tamaño y en su abundancia. Los resultados con los cóndores andinos sugieren que los niveles bajos de variación genética. La viabilidad puede ser baja en animales grandes, incluso sin impactos reconocidos al tamaño de su población natural. Esto puede proporcionar un importante contexto para la interpretación de la variación genética en especies amenazadas como en el

cóndor californiano y el cóndor andino (Steadman & Miller, 1987).

Aunque las poblaciones del cóndor andino han estado disminuyendo durante el siglo pasado, no detectamos evidencia de cuellos de botella o diversidad genéticos reducida, especialmente en su distribución geográfica norteña, como se esperaba. De hecho, la diversidad genética de *V. gryphus* fue similar a la de otros buitres ampliamente distribuidos del género *Gyps* (Savigny, 1809) y *Neophron* (Savigny, 1809); con una heterocigocidad genética observada que oscilaba entre 0,47 y 0,68 (Le Gouar *et al.*, 2008; Arshad *et al.*, 2009; Agudo *et al.*, 2011; Ishtiaq *et al.*, 2015). Existe en algunos individuos la posibilidad de heredar la “condrodistrofia”, una forma de enanismo letal. En otras especies de aves se ha demostrado que esta condición es heredable a través de un gen con alelo recesivo (Ralls *et al.*, 2000).

El cóndor andino posee una baja variabilidad genética (Hendrickson *et al.*, 2003; Lambertucci, 2007). Esto indica que la especie podría presentar alteraciones genéticas no esperadas por endogamia, así como una pérdida de la frecuencia en los alelos, lo que ocasionaría una reducción en la viabilidad de ejemplares en futuras generaciones (Hendrickson *et al.*, 2003; Adams & Villablanca, 2007).

La baja variabilidad genética no es una característica universal de las rapaces y sobre todo de aquellas que tienen un rango de distribución geográfica amplia (D'Elia *et al.*, 2016). En contraste, los estudios donde se presenta una diversidad genética de gran tamaño han sido atribuidos a la longevidad que muestran las aves rapaces grandes y a la conservación de poblaciones que son geográficamente separadas, pero que siguen dentro del área o rango de distribución de dicha especie (Nebel *et al.*, 2015).

La familia Cathartidae estuvo ubicada originalmente en el orden falconiformes debido a que ocupan el mismo nicho ecológico que los buitres de la familia Accipitridae, y comparten algunos rasgos morfológicos con este orden;

sin embargo, estudios genéticos posteriores parecen indicar su filiación con el orden Ciconiiformes, al cual pertenecen aves como las cigüeñas y los ibis (Awise *et al.*, 1994).

La relación de los Catártidos con los Ciconiformes también parece ser confirmada por los registros fósiles (Emslie, 1988). Su historia paleontológica en el continente va primero asociada con los Teratórnidos, una familia de Ciconiiformes que está emparentada con los Catártidos, quienes posiblemente son sus descendientes de un ancestro común con los primeros (Campbell & Tonni, 1983).

Los Catártidos más antiguos del continente han sido encontrados en Norteamérica, e ingresaron muy probablemente a Sudamérica en el Gran Intercambio Biótico Americano (Emslie, 1988). Sin embargo, entre los más antiguos en denotar semejanza con los actuales cóndores están *Dryornis papeanus* (Eyton, 1852) de Argentina y *Pliogyps charon* (Becker, 1986) de la Florida (Emslie, 1988).

Con los cóndores actuales existieron otras especies de Catártidos que convivieron en relación simpátrica según el registro fósil, tales como *Breagyps clarki* Miller, 1938, *Geronogyps reliquus* Campbell, 1979, *Vultur fossilis* Moreno & Mercerat, 1891, *Vultur patruus* Lönnberg, 1902, entre los más registrados o documentados, siendo las dos últimas especies sinónimos tempranos de *V. gryphus* (Emslie, 1988). Estas especies se extinguieron juntamente con la megafauna de mamíferos herbívoros que constituían su alimento, y al no poder adaptarse al cambio climático decayeron hasta desaparecer (Tonni & Noriega, 1998).

Los individuos que tienen muchos parientes en una población tienen un promedio de parentesco alto, aquellos con pocos parientes tienen un promedio de parentesco bajo (Walters *et al.*, 2008).

Pérdida de diversidad genética

La fragmentación del hábitat puede generar que muchas poblaciones de aves queden fraccionadas en unidades más pequeñas, generalmente aisladas, y es de esperar que ocurran cambios en la diversidad genética al interior de estas, porque al presentar un reducido tamaño poblacional, junto con la dificultad del intercambio genético entre poblaciones aisladas, tiene implicancias a largo plazo, porque el cambio evolutivo en una población es proporcional a la cantidad de diversidad genética disponible (Villatoro & Sáenz, 2005; Tellería *et al.*, 2011).

La variación genética proporciona la materia prima para la adaptación a condiciones cambiantes, por lo tanto, es crítica para el cambio evolutivo continuo (Montenegro, 2009).

La pérdida de diversidad genética que les ocurre a los cóndores con la fragmentación del hábitat resulta de fenómenos como la reducción en el flujo genético, la depresión endogámica, la acumulación de mutaciones deletéreas, y la deriva genética, que por procesos estocásticos pueden eliminar con rapidez genotipos especialmente si las poblaciones son pequeñas. Todos estos factores contribuyen a aumentar el riesgo a la extinción (Frankham *et al.*, 2002).

Los microsatélites con su equipo de “primers” han generado información sobre la diversidad genética y la estructura de la variación genética. Estos son usados para el estudio del ADN nuclear.

Tras muchos años de preocupaciones y esfuerzos para que se protejan los paisajes, existe una clara conciencia sobre lo que ocasiona la fragmentación de hábitat, que es uno de los factores antropogénicos más devastadores sobre la biodiversidad genética. Estos estudios que se han realizado y han aportado a esta investigación bibliográfica han demostrado que el efecto de la fragmentación de hábitat en la estructura genética, variabilidad genética del *V. gryphus*, depende fuertemente del tamaño de la población remanente y como se mueven los genes en un paisaje fragmentando (flujo genético). Es un hecho que las poblaciones que permanecen en los fragmentos tienen un número de individuos mucho menor que el de la población original y constituyen muestras que no contienen la totalidad de la diversidad genética de la especie. Sólo un pequeño tamaño de población podría producir una baja variabilidad a través de procesos genéticos poblacionales convencionales, como la pérdida no selectiva de alelos por deriva genética aleatoria. La fragmentación del hábitat es un proceso ya universal e irreversible, y la comprensión de sus efectos genéticos nos permitirá en un futuro, poder diseñar estrategias de conservación de la biodiversidad. Es necesario realizar más estudios sobre genética de la conservación con un mayor de muestras del *V. gryphus*, en toda el área de distribución del cóndor andino (Plenge, 2010), para que se pueda determinar la variabilidad genética de esta especie.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Adams, M. & Villablanca, F. 2007. Consequence of a genetic Bottleneck in California Condors: A mitochondrial DNA perspective. Series in Ornithology: Condors in the 21st Century, 2: 35-55.
- Agudo, R.; Rico, C.; Hiraldo, F. & Donázar, J. 2011. Evidence of connectivity between continental and differentiated insular populations in a highly mobile species. Diversity and Distributions, 17: 1-12.
- Arango, S.; Arenas, D.; Zuluaga, S. & Sáenz, F. 2016. *Vultur gryphus*. Libro rojo de aves de Colombia. Volumen II: Ecosistemas abiertos, secos, insulares, acuáticos continentales, marinos, tierras altas del Darién y Sierra Nevada de Santa Marta y bosques húmedos del centro, norte y oriente del país. Ed. Pontificia Universidad Javeriana e Instituto Alexander von Humboldt.
- Arshad, M.; Pedall, M.; Gonzalez, J.; Wink, M.; Hatzofe, O.; Khan, A. & Osbrone, T. 2009. Genetic variation of four gyp's species (*Gyps bengalensis*, *G. africanus*, *G. indicus* and *G. fulvus*) based on microsatellite analysis. Journal of Raptor Research, 4: 227-236.
- Avise, J.; Nelson, W. & Sibley, C. 1994. DNA sequence support for a close phylogenetic relationship between some storks and New World Vultures. Proceedings of the National Academy of Sciences, 91: 73-77.
- Buytaert, W.; Sevink, J. & Cuesta, F. 2014. *Cambio climático: la nueva amenaza para los páramos andinos*. pp. 505-525. En: Cuesta, F.; Sevink, J.; LLambi, L. & Posner, J (Eds.). *Avances en investigación para la conservación de los páramos andinos*. CONDESAN.
- Campbell, K. & Tonni, E. 1983. Size and locomotion in teratorns. The Auk, 100: 390-403. .
- Coates, D.J.; Byrne, M. & Moritz, C. 2018. Genetic diversity and conservation units: dealing with the species-population continuum in the age of genomics. Frontiers in Ecology and Evolution, 6: 165.
- Coker, O.M. 2017. Importance of genetics in conservation of biodiversity. Nigerian Journal of Wildlife Management, 1 (Special Ed.): 11-18.
- D'Elia, J.; Haig, S.; Mullins, M. & Miller, M. 2016. Ancient DNA reveals substantial genetic diversity in the California Condor (*Gymnogyps californianus*) prior to a population bottleneck. The Condor, 118: 703-714.
- Emslie, S. 1988. The fossil history and phylogenetic relationship of Condors (Ciconiiformes: Vulturidae) in the New World. Journal of Vertebrate Paleontology, 8: 212-228.
- Ferguson-Lees, J. & Christies, D. 2001. *Raptors of the world*. Houghton Mifflin.
- Frankham, R.; Ballou, J. & Briscoe, D. 2002. Introduction to conservation genetics. Cambridge University Press.
- Haig, S.M. 1998. Molecular contributions to conservation. Ecology, 79: 413-425.
- Hanski, I. 1997. *Metapopulations dynamics: from concepts and observations to predictive models*. pp. 69-91. Hanski, I. & Gilpin, M. (eds.). *Metapopulation Biology. Ecology, Genetics, and Evolution*. Academic Press.
- Hendrickson, S.; Bleiweiss, R.; Matheus, J.; Silva de Matheus, L.; Jácome, NL. & Pavez, E. 2003. Low genetic variability in the geographically widespread Andean condor. The Condor, 10: 1-12.
- Holderegger, R.; Balkenhol, N.; Bolliger, J., Engler, J.O.; Gugerli, F.; Hockkirch, A.; Carten, N.; Segelbacher, G.; Widmer, A. & Zachos, F. 2019. Conservation genetics: Linking science with practice. Molecular Ecology, 28: 3848-3856.
- Hull, J; Tufts, D.; Topinka, J.; May, B. & Ernest, H. 2006. Development of 19 microsatellite loci for Swainson's Hawks (*Buteo swainsoni*) and other Buteos. Molecular Ecology Notes, 7: 346-349.
- Ibañez, L. & Iannacone, J. 2011. Bioecología y estado de conservación del Cóndor de Selva *Sarcoramphus papa* Linnaeus, 1758 (Cathartiformes: Cathartidae): Revisión a nivel de Sudamérica. Biotempo, 11: 17-35.

- Ishtiaq, F.; Prakash, V.; Green, R. & Jhonson, J. 2015. Management implications of genetic studies for ex situ populations of three critically endangered Asian *Gyps vultures*. *Animal Conservation*, 18: 259-270.
- Lambertucci, S. 2007. Biología y conservación del Cóndor Andino (*Vultur gryphus*) en Argentina. *Hornero*. 22: 149-158.
- Lambertucci, S.; Trejo, T.; Di Martino, S.; Sanchez, J.; Donazar, J.; & Hiraldo, F. 2009. Spatial and temporal patterns in the diet of the Andean condor: ecological replacement of native fauna by exotic species. *Animal Conservation*, 12: 338-345.
- Lambertucci, S. 2010. Size and spatio-temporal variations of the Andean Condor (*Vultur gryphus*) population in north-west Patagonia, Argentina: communal roosts and conservation. *Oryx*, 44: 441-447.
- Lambertucci, S.; Alarcón, A.; Hiraldo, A.; Sanchez-Zapata, J.; Blanco, G. & Donazar, J. 2014. Apex scavenger movements call for transboundary conservation policies. *Biological Conservation*, 170: 145-150.
- Le Gouar, P.; Rigal, F.; Boisselier-Dubayle, M.; Sarrazin, C.; Arthur, F.; Choisy, C. & Susic, G. 2008. Genetic variation in a network of natural and reintroduced populations of Griffon vulture (*Gyps fulvus*) in Europe. *Conservation Genetics*, 9: 349-359.
- Márquez, C.; Bechard, M.; Gast, F. & Vanegas, V. 2005. Aves rapaces diurnas de Colombia. Instituto de Investigación de Recursos Biológicos Alexander von Humboldt, Bogotá.
- Martín, A. & Palumbi, R. 1993. Body size, metabolic rate, generation time, and the molecular clock. *Proceeding of the National Academy of Science*, 90: 4087-4091.
- Martin, E. & Osinaga, O. 2018. Estado actual de conocimiento de las aves de la Puna argentina. *Serie conservación de la Naturaleza*, 24: 161-179.
- Martínez, L. 2006. Comportamiento y uso de hábitat del Cóndor Andino (*Vultur gryphus*) en el Parque Nacional Natural Chingaza. Trabajo de grado. Universidad de los Andes, Bogotá.
- MAVDT (Ministerio de Ambiente, Vivienda y Desarrollo Territorial) & CORPOBOYACA (Corporación Autónoma Regional de Boyacá). 2006. Programa Nacional para la Conservación del Cóndor Andino en Colombia. Plan de Acción 2006– 2016. Ministerio de Ambiente, Vivienda y Desarrollo Territorial, Bogotá.
- McGahan, J. 1973. Gliding flight of the Andean condor in nature. *Journal of Experimental Biology*, 58: 225–237.
- Méndez, D.; Marsden, S. & Lloyd, H. 2018. Assessing population size and structure for Andean Condor *Vultur gryphus* in Bolivia using a photographic 'capture-recapture' method. *International journal of avian science*, 16: 867-877.
- MINAM (Ministerio del Ambiente). 2018. *Listado de especies de Fauna Silvestre CITES-Perú*. Dirección General de Diversidad Biológica.
- Montenegro, O. 2009. La conservación biológica y su perspectiva evolutiva. *Acta Biológica Colombiana*, 14: 255-268.
- Morizot, D.; Grubs, S.; Hoffman, W. & Schimdt, E. 1985. Clinical variation at enzyme loci in Blad Eagles (*Haliaeetus leucocephalus*) from the western United States. *Biochemical Genetics*, 23: 337-345.
- Nebel, C.; Gamauf, A.; Haring, E.; Segelbacher, G.; Villers, A. & Zachos, A. 2015. Mitochondrial DNA analysis reveals Holarctic homogeneity and a distinct Mediterranean lineage in the Golden eagle (*Aquila chrysaetos*). *Biological Journal of the Linnean Society*, 116: 328-340.
- Negro, J. & Torres, J. 1999. Genetic variability and differentiation of two Bearded Vulture *Gypaetus barbatus* populations and implications for reintroduction projects. *Biological Conservation*, 87: 249-254.
- Nunura, B. 2019. *Población, Grupos etarios y proporción sexual del "cóndor andino" Vultur gryphus (Cathartidae), Zona reservada Illescas, Piura – Perú*. Tesis de grado, Universidad Nacional de Piura.

- Piana, R. 2014. Posibles impactos de la alimentación suplementaria y de las fiestas tradicionales en las poblaciones silvestres de Cóndor Andino (*Vultur gryphus*) en Perú y recomendaciones para su conservación. *Ornitología Neotropical*, 25: 37-46
- Piana, R. & Angulo, F. 2015. Identificación y estimación preliminar del número de individuos de Cóndor Andino (*Vultur gryphus*) en las Áreas Prioritarias para su Conservación en Perú. *Boletín UNOP (Unión de Ornitólogos del Perú)*, 10: 9-16.
- Plenge, M. 2010. *Lista de la Aves del Perú*. SERNANP.
- Ralls, K.; Ballou, J.; Rideout, B. & Frankham, R. 2000. Genetic management of chondrodystrophy in California Condors. *Animal Conservation*, 3: 145-153.
- Rheindt, F. & Edwards, S. 2011. Genetic introgression: An integral but neglected component of speciation in birds. *The Auk*, 128: 620-632.
- Rodríguez, J. & Orozco, R. 2002. *Vultur gryphus*. En: Renjifo, L.; Franco, A.; Amaya, J.; Kattan, G. & López, B. (Eds.). *Libro rojo de aves de Colombia. Serie libros rojos de especies amenazadas de Colombia*. Instituto de Investigación de Recursos Biológicos Alexander von Humboldt y Ministerio del Medio Ambiente.
- Shepard, L. & Lambertucci, S. 2013. From daily movements to population distributions: weather affects competitive ability in a guild of soaring birds. *Journal of the Royal Society Interface*, 10: 1-7.
- Sih, A.; Johnson, B. & Luikart, G. 2000. Habitat loss: ecological, evolutionary and genetic consequences. *Ecology and Evolution*, 15: 132-134.
- Silvestri, L. 2016. Conservación de la diversidad genética en el Perú: desafíos en la implementación del régimen de acceso a recursos genéticos y distribución de beneficios. *Revista peruana de biología*, 23: 73-79.
- Sorenson, M. & Quinn, W. 1998. Numts: A challenge for avian systematics and population biology. *Auk*, 115: 214-221.
- Steadman, D. & Miller, G. 1987. California Condor associated with spruce-jack pine woodland in the Late Pleistocene of New York (USA). *Quaternary Research*, 28: 415-426.
- Temple, S. & Wallace, M. 1989. Survivorship patterns in a population of Andean condor *Vultur gryphus*. pp. 247-251. En: Meyburg, B. & Chancellor, D. (Eds). *Raptors in the Modern World*. WWGBP.
- Tellería, J.; Díaz, J.; Pérez, J. & Santos, T. 2011. Fragmentación de hábitat y biodiversidad en las mesetas ibéricas: una perspectiva a largo plazo. *Ecosistemas*, 20: 79-90.
- Tonni, E. & Noriega, J. 1998. Los cóndores (Ciconiiformes, Vulturidae) de la Región Pampeana de la Argentina durante el Cenozoico tardío: distribución, interacciones y extinciones. *Ameghiniana*. *Revista Asociación Paleontológica Argentina*, 35: 141-150.
- Villatoro, F. & Sáenz, J. 2005. La fragmentación del hábitat: Impactos sobre la dinámica huésped-parásito de la avifauna en paisajes agropecuarios de Esparza, Costa Rica. *Zeledonia*, *Boletín de la Asociación Ornitológica de Costa Rica*, 5: 3-9.
- Walters, J.; Derrickson, S.; Fry, D.; Haig, S.; Marzluff, J. & Wunderle, J. 2008. Status of the California Condor and efforts to achieve its recovery. *The Auk*, 127: 969-1001.
- Wenink, P.; Baker, A. & Tilanus, M. 1994. Mitochondrial control-region in two shorebird species, the turnstone and dunlin, and their utility in population genetic studies. *Molecular Biology and Evolution*, 11: 22-31.
- Wright, S. 1931. Evolution in mendelian populations. *Genetics*, 16: 97-159.
- Zuluaga, S. & Ospina, O. 2020. Reducción poblacional del cóndor andino (*Vultur gryphus*) en los Andes Centrales de Colombia: un llamado urgente para evitar su extinción local. *Ornitología Colombiana*, 18: eA04.

Received December 25, 2020.

Accepted February 15, 2021.