

In situ

Parques Nacionales Naturales de Colombia

Volumen 6 · Número 1



PARQUES NACIONALES NATURALES DE COLOMBIA

■ **Monitoreo a la restauración ecológica** de bosques andinos, en el PNN Serranía de los Yariguíes

■ ***Crocsmia x crocosmiiflora***: acciones de **prevención, manejo y control** en el SF Isla de la Corota

■ **Aspectos reproductivos del chorlito piquigrueso** (*Charadrius wilsonia beldingi*) en el PNN Sanquianga



El ambiente
es de todos

Minambiente

In Situ

Volumen 6 · Número 1

www.parquesnacionales.gov.co/

Publicado por

Parques Nacionales Naturales de Colombia

Subdirección de Gestión y Manejo de Áreas Protegidas

Grupo de Comunicaciones y Educación Ambiental

Calle 74 # 11-81

Bogotá, Colombia

Director General Parques Nacionales Naturales de Colombia

Orlando Molano Pérez

Subdirectora de Gestión y Manejo de Áreas Protegidas

Edna Carolina Jarro Fajardo

Asesora de la Subdirección de Gestión y Manejo de Áreas Protegidas

Marta Cecilia Díaz Leguizamón

Coordinador Grupo de Comunicaciones y Educación Ambiental

Katríz Castellanos Caro

Editor

Irene Aconcha Abril. M.Sc.

Profesional de investigación y monitoreo, Subdirección de Gestión y Manejo. Parques Nacionales Naturales de Colombia.

Comité Científico-Editorial

Betsy Viviana Rodríguez Cabeza. M.Sc.

Profesional de investigación y monitoreo, Subdirección de Gestión y Manejo. Parques Nacionales Naturales de Colombia.

Angela Parra Romero. Esp.

Profesional de vida silvestre, Subdirección de Gestión y Manejo. Parques Nacionales Naturales de Colombia.

Luisa Fernanda Maldonado. M.Sc.

Profesional de recursos hidrobiológicos, Subdirección de Gestión y Manejo. Parques Nacionales Naturales de Colombia.

Tatiana Losada. M.Sc.

Profesional de investigación y monitoreo, Dirección Territorial Amazonia. Parques Nacionales Naturales de Colombia.

Laura Vélez Vanegas. BSc.

Profesional de investigación y monitoreo, Dirección Territorial Andes Occidentales. Parques Nacionales Naturales de Colombia.

Andrés Cuéllar Chacón. M.Sc.

Profesional de investigación y monitoreo, Dirección Territorial Pacífico. Parques Nacionales Naturales de Colombia.

Comité Científico

Diego Zarrate Charry. Ph. D.

Proyecto de Conservación de Aguas y Tierras Colombia.

Héctor Edwin Beltrán Gutiérrez. M.Sc.

Universidad Distrital Francisco José de Caldas.

Juan Carlos Benavidez Duque. Ph. D.

Pontificia Universidad Javeriana.

Juan Pablo López Ordoñez. M.Sc.

Conservación Internacional Colombia.

Paula Sierra Correa. Ph. D.

Instituto de Investigaciones Marinas y Costeras José Benito Vives de Andrés.

Sebastián García Restrepo. Ph. D (c).

Asociación Primatológica Colombiana.

Diseño y diagramación

Jorge Enrique Patiño Ospina

Nathalí Cedeño Gracia

Foto de portada

Quebrada Piquisiquí, sector Laguna Negra. Santuario de Flora y Fauna Galeras. Fotografía: Luis G. Lasso

Ejemplo citación de artículos

Polo- Osorio, J. M., Palma García, L. W., Cuesta, J.A., Vecino, S. M., Olivo-Gutiérrez, J., Cuesta, J. A., Becerra, D., Plaza-Cueto, J. P., Torres Caraballo, E., Scarpeta, A. M., Mosquera- Quejada, Y. H., Granados Vecino, A. M., Martínez-Viloria, H. M., Martínez Dallos, I. M., Ballesteros Garcés, E., Córdoba Borja, E. & Pertuz- Buendía, E. (2021). Caracterización del uso y aprovechamiento de recursos hidrobiológicos en el Santuario de Fauna Acandí, Playón y Playona y su zona de influencia (2016 – 2018). *In Situ*, 6(1), 58-73.

Correo electrónico

irene.aconcha@parquesnacionales.gov.co

In Situ es una revista de divulgación y promoción del conocimiento generado a partir del desarrollo de las actividades del manejo de áreas protegidas del Sistema Parques Nacionales Naturales de Colombia, con énfasis en Investigación y Monitoreo. Los manuscritos son el resultado de un trabajo realizado por los equipos de las áreas protegidas en alianza con diferentes actores estratégicos de carácter público y privado; a partir de avances en los procesos de las diferentes líneas temáticas que desde la entidad propenden por el manejo y gestión de las áreas protegidas en aras de buscar el cumplimiento a su misión institucional.

Nota editorial

En 2021, Parques Nacionales Naturales de Colombia asumió una nueva dirección, que representa una nueva mirada hacia la conservación del patrimonio natural y cultural de los colombianos, con un enfoque orientado a la recuperación de ecosistemas y sus servicios, alineadas con las metas del Gobierno Nacional. En este sentido, el desafío es mantener y optimizar las estrategias de conservación implementadas por las áreas protegidas con énfasis en restauración ecológica, ecoturismo, la declaratoria de nuevas áreas y el control de la deforestación, reconociendo la investigación y monitoreo como líneas temáticas transversales, que permiten evaluar y evidenciar la efectividad del manejo de las áreas protegidas.



La información divulgada en la Revista In Situ es solo una muestra del valioso trabajo que día a día desarrollan nuestros equipos de las áreas protegidas, territoriales y nivel central, generalmente en conjunto con aliados estratégicos e incluso comunidades locales. Los resultados de estos procesos son un insumo fundamental para la toma de decisiones y la orientación de acciones de manejo, no solamente en las áreas protegidas, sino en diferentes procesos de conservación regionales y nacionales.

En su sexta edición, la revista presenta los resultados de procesos de monitoreo desarrollados por áreas protegidas sobre sus Valores Objeto de Conservación y estrategias de manejo, como lo es el caso de monitoreo de avifauna en el Santuario de Flora y Fauna Galeras, y el monitoreo de efectividad de las acciones de restauración ecológica en los bosques andinos del Parque Nacional Natural Serranía de los Yariguíes.

Se destacan los resultados de investigaciones sobre la biodiversidad, que incluyen el conocimiento de aspectos reproductivos del Chorlito Piquigruoso en playas arenosas del Parque Nacional Natural Sanquianga; igualmente el conocimiento de la genética del Mono Aullador en el Santuario de Flora y Fauna Otún Quimbaya; el conocimiento de aspectos poblacionales de mamíferos y aves mediante el uso de herramienta de fototrampeo en el Santuario de Flora y Fauna Galeras; y la caracterización del uso y aprovechamiento de recursos hidrobiológicos en el Santuario de Fauna Acandí, Playón y Playona y su zona de influencia.

Asimismo, relacionado con las presiones que afectan a las áreas protegidas se presentan avances de prevención, manejo y control de la especie invasora *Crococsmia x crocosmiiflora* en el Santuario de Flora Isla de la Corota.

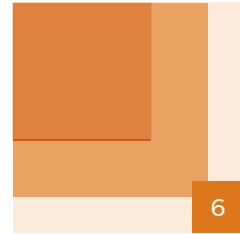
Finalmente, en cuanto a la implementación de estrategias de manejo, se muestran los avances y desafíos en la restauración coralina liderado por tres áreas protegidas del caribe colombiano: Parque Nacional Old Providence McBean Lagoon, Parque Nacional Corales del Rosario y San Bernardo y Parque Nacional Tayrona.

Esperamos que esta edición sea de su interés y disfrute, y seguiremos trabajando por divulgar los avances en el conocimiento de las áreas protegidas, en este caso, a partir de los esfuerzos que día a día realizan nuestros guardaparques.

Orlando Molano Pérez

*Director General de Parques
Nacionales Naturales de Colombia*

Contenido



SMART: Herramienta para la gestión de la información de monitoreo para la conservación de los Parques Nacionales Naturales de Colombia

6



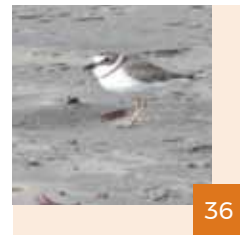
Avances, aprendizajes y retos en los procesos de restauración de corales en tres Parques Nacionales Naturales (PNN) del Caribe colombiano: PNN Tayrona, PNN Old Providence McBean Lagoon y PNN Los Corales del Rosario y de San Bernardo

8



Conservación a través de la genética: El caso del mono aullador rojo (*Alouatta seniculus*) en el Santuario de Fauna y Flora Otún Quimbaya de Colombia

26



Aspectos reproductivos del chorlito piquigrueso (*Charadrius wilsonia beldingi*) en el Parque Nacional Natural Sanquianga

36



Riqueza, abundancia y patrones de actividad de mamíferos y aves y sus aportes al manejo y conservación del Santuario de Flora y Fauna Galeras

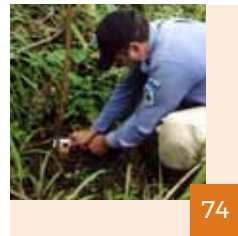
46

Caracterización del uso y aprovechamiento de recursos hidrobiológicos en el Santuario de Fauna Acandí, Playón y Playona y su zona de influencia (2016 - 2018)



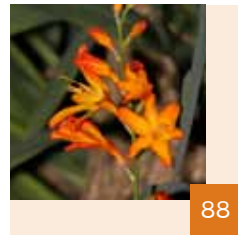
58

Monitoreo a la restauración ecológica de bosques andinos, en el Parque Nacional Natural Serranía de los Yariguíes



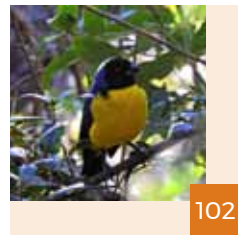
74

Crocasmia x crocosmiiflora: acciones de prevención, manejo y control en el Santuario de Flora Isla de la Corota



88

Monitoreo de aves en el Santuario de Flora y Fauna Galeras: una estrategia de conservación de sus ecosistemas



102



Foto: Edwin Laverde



Foto: Edwin Laverde

Conservación a través de la genética: El caso del mono aullador rojo (*Alouatta seniculus*) en el Santuario de Fauna y Flora Otún Quimbaya de Colombia

Iván Darío Soto Calderón

Biólogo MSc. PhD. Profesor Asociado, Instituto de Biología, Laboratorio de Genética Animal, Grupo Agrociencias, Biodiversidad y Territorio (GAMMA), Universidad de Antioquia.
ivan.soto@udea.edu.co

María Girleza Ramírez González

Bióloga, Profesional Universitaria, Santuario de Fauna y Flora Otún Quimbaya. Parques Nacionales Naturales de Colombia.
maria.ramirez@parquesnacionales.gov.co

Alejandra María Moreno Sierra

Bióloga, Estudiante de Maestría en Biología, Instituto de Biología, Laboratorio de Genética Animal, Grupo Agrociencias, Biodiversidad y Territorio (GAMMA), Universidad de Antioquia.
moreno.moreno@udea.edu.co

Néstor Roncancio Duque

MVZ MSc. Biología. Estudiante de Doctorado en Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Colombia, Sede Palmira.
nroncanciod@gmail.com

*Conservation Through Genetics: The Case of the Red Howler Monkey (*Alouatta seniculus*) in the Otún Quimbaya Fauna and Flora Sanctuary of Colombia*

RESUMEN

A pesar de la amplia distribución del mono aullador rojo en Colombia, sus poblaciones se encuentran afectadas por la cacería, el tráfico y la fragmentación de su hábitat. Mediante métodos no invasivos se estudió la diversidad y estructura genética actual de la especie en el Santuario de Fauna y Flora Otún Quimbaya y otras regiones en el centro y norte de Colombia. Se evaluó la variación genética de la región mitocondrial D-loop, se construyó una red de haplotipos (linajes mitocondriales) y un árbol filogenético de inferencia bayesiana. Se identificó una alta diversidad nucleotídica y haplotípica en el Santuario, así como evidencia de flujo genético entre los grupos sociales estudiados. La red de

haplotipos reveló un patrón compatible con un proceso histórico de expansión poblacional, mientras que el árbol recobró dos grupos de linajes (haplogrupos) bien diferenciados, aunque con distribuciones geográficas mezcladas y un posible efecto de los Andes orientales en la diferenciación intraespecífica. Esta información es el primer paso de un proceso dirigido a plantear acciones de manejo que apoyen las estrategias de conservación de la fauna en el área protegida y otras áreas de conservación.

Palabras clave: Diversidad genética, Filogenia, Genética de la conservación, Parques Nacionales Naturales.

ABSTRACT

Despite the wide distribution of the red howler monkey in Colombia, wild populations are affected by hunting, trafficking, and habitat fragmentation. The diversity and current genetic structure of the species were studied in Otún Quimbaya Fauna and Flora Sanctuary and other regions across northern-central Colombia using non-invasive methods. Genetic variation in the mitochondrial D-loop region evaluated and, a network of haplotypes (mitochondrial lineages) and a phylogenetic tree of Bayesian inference were constructed. A high nucleotide and haplotype diversity was identified in the Sanctuary in relation to the entire sample, as well as evidence of gene flow among social groups. The haplotype network revealed a pattern compatible with a historical process of population expansion. The phylogenetic tree identified two well-differentiated lineage groups (haplogroups), albeit with mixed geographic distributions compatible with high dispersion, and a possible effect of the eastern Andes cordillera on the intraspecific differentiation. This information is the first step in a process aimed to proposing management actions that support conservation strategies in the protected area and other protected areas..

Key words: Conservation genetics, Genetic diversity, Natural National Parks, Phylogeny.

Introducción

El mono aullador rojo (*Alouatta seniculus*) es uno de los primates de mayor talla en el neotrópico. Presenta una amplia distribución en Colombia, que abarca las tres cordilleras andinas, la región Caribe y las tierras bajas al oriente de los Andes, exceptuando la costa del Pacífico, el desierto de la península de la Guajira y el suroccidente de los Andes (Nariño). Presenta un amplio rango altitudinal, con reportes hasta los 3.200 m s.n.m (Defler, 2003; Hernández-Camacho et al., 1976). Factores como la cacería, el tráfico ilegal y la constante fragmentación del hábitat debido a la deforestación han afectado el tamaño y composición de sus poblaciones (Kattan & Valderrama, 2006).

En diferentes Parques Nacionales Naturales de Colombia se pueden encontrar poblaciones de este primate, como es el caso del Santuario de Fauna y Flora Otún Quimbaya (SFFOQ), ubicado en el Departamento de Risaralda. Su contexto geográfico local es la cuenca alta del río Otún, que constituye uno de los más grandes e importantes corredores de conectividad al permitir el flujo de especies de importancia regional y nacional. El SFFOQ ha priorizado al mono aullador rojo como uno de los Valores Objeto de Conservación (VOC), y en su programa de

monitoreo se ha reportado una densidad de 21 ind/km² (Ramírez-González et al., 2015). Sin embargo, resulta necesario entender la constitución de sus grupos sociales y su relación con otros grupos en un contexto geográfico más amplio.

La genética de la conservación es un área que ha tomado importancia en los estudios poblacionales, dada su capacidad para integrar datos genéticos al conocimiento y diagnóstico del estado de conservación de las poblaciones, tanto en su medio natural como en cautiverio. Estas características, hacen que los estudios poblacionales comiencen a integrar el conocimiento de la diversidad y estructura genética de las especies objeto de estudio, con el fin de generar planes de conservación más efectivos con base en las dinámicas poblacionales de los individuos. Este trabajo pretende explorar la diversidad genética a nivel mitocondrial de las poblaciones de mono aullador rojo encontradas en SFFOQ y su relación con otras poblaciones colombianas. Siendo este el primer estudio específico para poblaciones naturales de la especie, la información generada podrá ser utilizada en la futura formulación de planes de manejo y conservación en Colombia.

Métodos

Área de estudio y toma de muestras

El SFFOQ se encuentra ubicado en el flanco occidental de la Cordillera Central, en el municipio de Pereira, departamento de Risaralda. En los años 2016 y 2020, se realizaron recorridos aleatorios y se colectaron muestras de manera oportunistas de aproximadamente 0.1 kg de heces en letrinas de los monos aulladores, las cuales

fueron depositada en un buffer Longmire para su preservación (Longmire et al., 1997). En total se recolectaron 45 muestras fecales de 12 grupos sociales de monos aulladores, con un promedio de 3 a 4 individuos por grupo. Además, para los análisis se incluyeron muestras de individuos provenientes de otras zonas, las cuales se describen en la Tabla 1. En la Figura 1 se presenta la distribución geográfica de los lugares de muestreo.

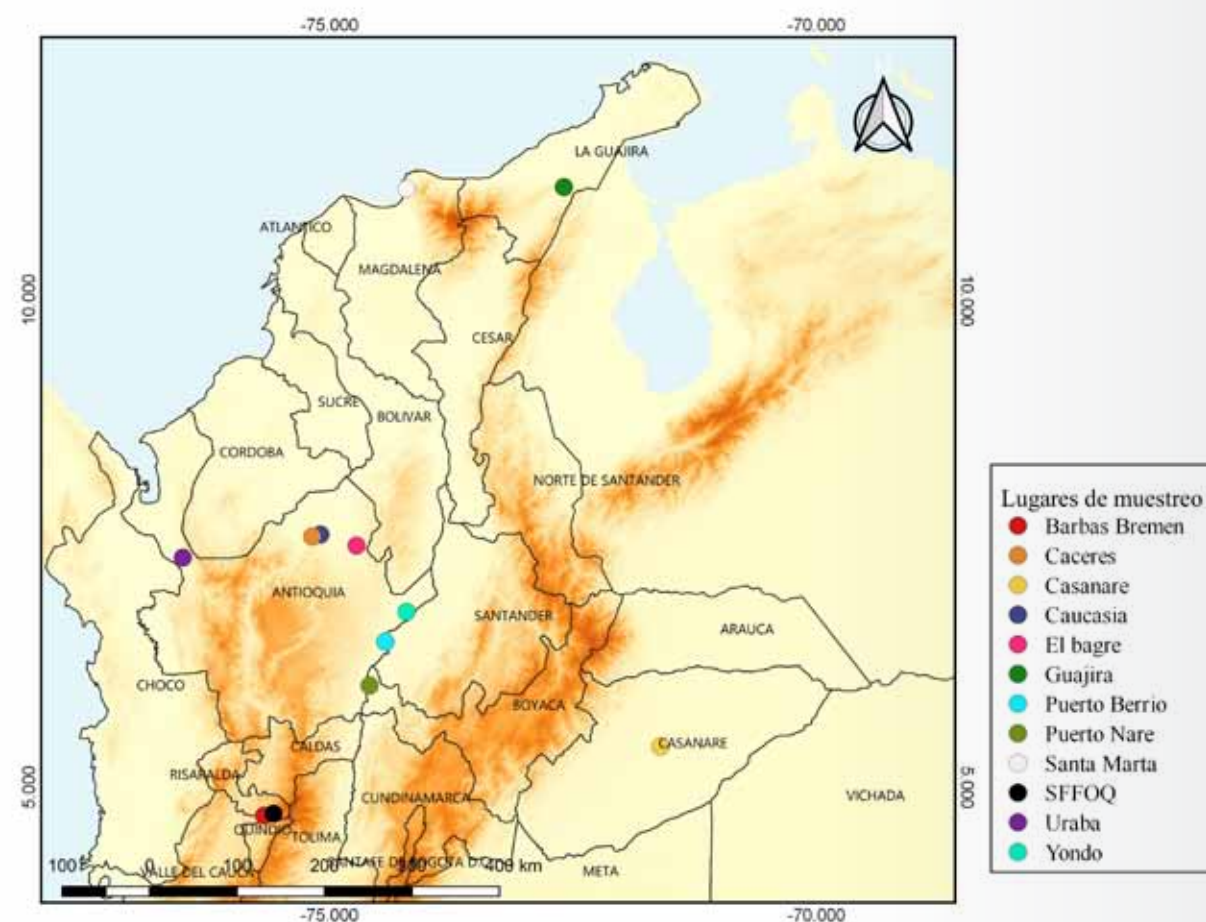
Tabla 1

Información de muestreos realizados de la especie *Alouatta seniculus*

Localidad	Código	Departamento	Número de muestras
Caucasia	CCH	Antioquia	15
El Bagre	BAG		3
Cáceres	ATA		7
Puerto Berrío	PTB		8
Puerto Nare	PNR		11
Yondó	YND		4
Urabá	URB		3
Trinidad	RNLP	Casanare	3
San Juan del Cesar	SGC	Guajira	1
Barbas Bremen	BBR	Risaralda	9
Santa Marta	STA	Magdalena	1

Figura 1

Municipios de procedencia de las muestras analizadas en este estudio



Amplificación y secuenciación

La extracción de ADN se realizó con el kit comercial QIAmp ADN Stool Mini Kit (Qiagen, Alemania), de acuerdo con el protocolo del fabricante, eluyendo en un volumen final de 200 µL. Se realizó la amplificación de 679 pb de la región hipervariable 1 del D-loop mitocondrial con los primers CR HowRai F - CTRCCRTCAACACCCAAAG (Boubli et al., 2012) y A sen R2 - TACTACGGCAATGCTGAGGAGTA estandarizados para *A. seniculus* por Tabares Vélez (2015). La amplificación de esta región se realizó en un volumen total de 15 µl con Buffer (1X), dNTP's (0.2 mM), MgCl₂ (2 mM), Taq polimerasa (0.5U), primers (0.2 µM cada uno) y 1-3 µl de ADN. El perfil térmico utilizado fue de 94°C por 5 minutos y 35 ciclos de 94°C por 30 segundos, 60°C por 45 segundos, 72°C por un minuto, y un paso final de 72°C por 10 minutos. Ambas cadenas de los productos de la PCR fueron secuenciadas mediante el método tradicional de Sanger a través de un proveedor comercial.

Análisis de datos

Las secuencias fueron editadas, ensambladas y alineadas con MAFFT (Multiple sequence alignment) en el software Geneious Prime (Prime, 2019), y revisadas en Mega X (Kumar et al., 2018).

Resultados y discusión

Se obtuvieron 83 secuencias del D-loop. Para los individuos del SFFOQ se recuperaron 17 secuencias correspondientes a siete grupos sociales: Grupo 1 (1), Grupo 3 (3), Grupo 4 (3), Grupo 6 (3), Grupo 7 (1), Grupo 8 (3) y Grupo 11 (3). Se encontraron 22 haplotipos con 33 sitios polimórficos, con diversidades haplotípica de 0.804 y nucleotídica de 0.00359. En SFFOQ específicamente, se obtuvieron tres haplotipos distintos con igual número de sitios polimórficos, y diversidades haplotípica de 0.669 y nucleotídica de 0.00239. Esto indica que el SFFOQ tiene una diversidad genética alta tomando como referente lo encontrado de manera global para la especie.

La red de haplotipos exhibe un patrón de "estrella" con un haplotipo modal (Hap_2) de amplia

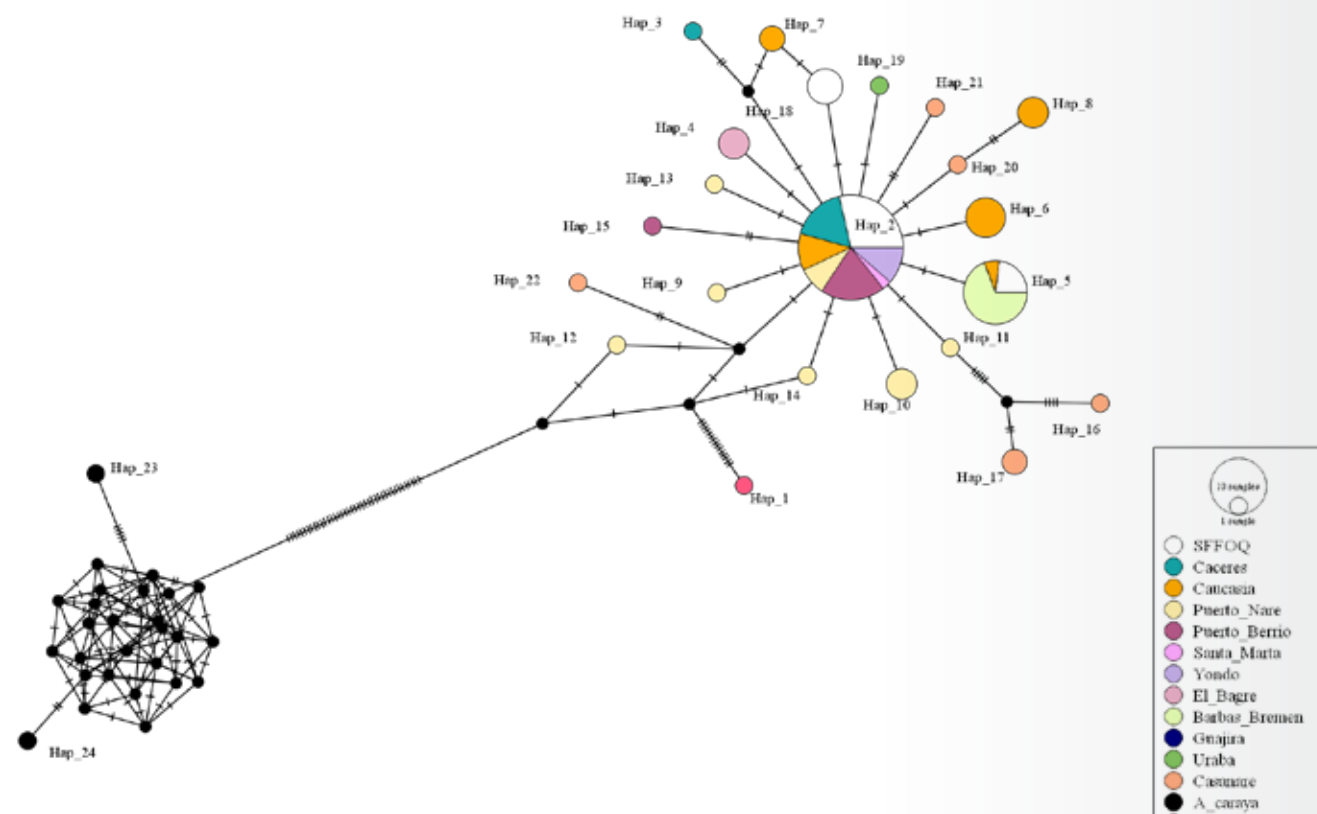
De las secuencias obtenidas, se identificaron los haplotipos (secuencias) únicos en DnaSP v.5. (Librado & Rozas, 2009) y se generaron redes de haplotipos en Popart v. 1.7., bajo el modelo de *Median Joining* para identificar la distribución geográfica y relación entre linajes, así como la similitud entre localidades (Leigh & Bryant, 2015).

Se identificó el modelo evolutivo que mejor se ajusta a los datos por medio del software J Modeltest (Posada, 2008), el cual dio como resultado un modelo de sustitución HKY + G. Se construyó un árbol filogenético de Inferencia Bayesiana en el software Beast v. 1.10.4 (Suchard et al., 2018), bajo el modelo de sustitución mencionado, con un reloj relajado no correlacionado y una distribución log normal. Se realizaron corridas de Cadenas de Markov Monte Carlo (MCMC), por cincuenta millones de generaciones muestreando cada 1000 pasos, descartando posteriormente el 10% de los árboles como *burn-in*. Como grupo externo fueron utilizadas dos secuencias de *Alouatta caraya* (KC757384 y AF531358), y se incluyó una secuencia de referencia de *Alouatta seniculus* (HQ644333), todas tomadas del GenBank. Con el fin de evaluar la convergencia de los datos se utilizó el programa Tracer v 1.7.1. Finalmente, los árboles resultantes fueron evaluados en TreeAnnotator con el fin de generar un árbol consenso, el cual fue editado en FigTree1.4.4 (Suchard et al., 2018).

distribución geográfica, lo cual es típico de un proceso reciente de expansión poblacional y diversificación (Slatkin & Hudson, 1991). En SFFOQ se identificaron tres haplotipos, incluyendo el modal, el segundo más frecuente (Hap_5) y Hap_18. Los monos aulladores de SFFOQ comparten el Hap_2 con Cáceres, Caucasia, Puerto Nare, Puerto Berrío, Santa Marta y Yondó; y Hap_5 con el DC Barbas Bremen y Caucasia en el Bajo Cauca Antioqueño. Hap_18 fue encontrado exclusivamente en el SFFOQ, pero también se encuentra relacionado con Caucasia. Esto refleja una estrecha relación entre localidades cercanas como SFFOQ y el DC Barbas Bremen, y una alta capacidad de dispersión de la especie en la parte centro-norte de Colombia. Alternativamente, la relación entre el SFFOQ y Caucasia, podría ser el resultado de traslocación

Figura 2

Red de haplotipos del D-loop mitocondrial en poblaciones colombianas del mono aullador rojo (*Alouatta seniculus*)



de individuos no documentada entre ambas regiones, pero no se puede descartar una conectividad histórica entre la cordillera Central y la cuenca del río Cauca donde se ubican dichas localidades. Futuros muestreos permitirán evidenciar si efectivamente existe alguna conexión histórica entre ambas regiones.

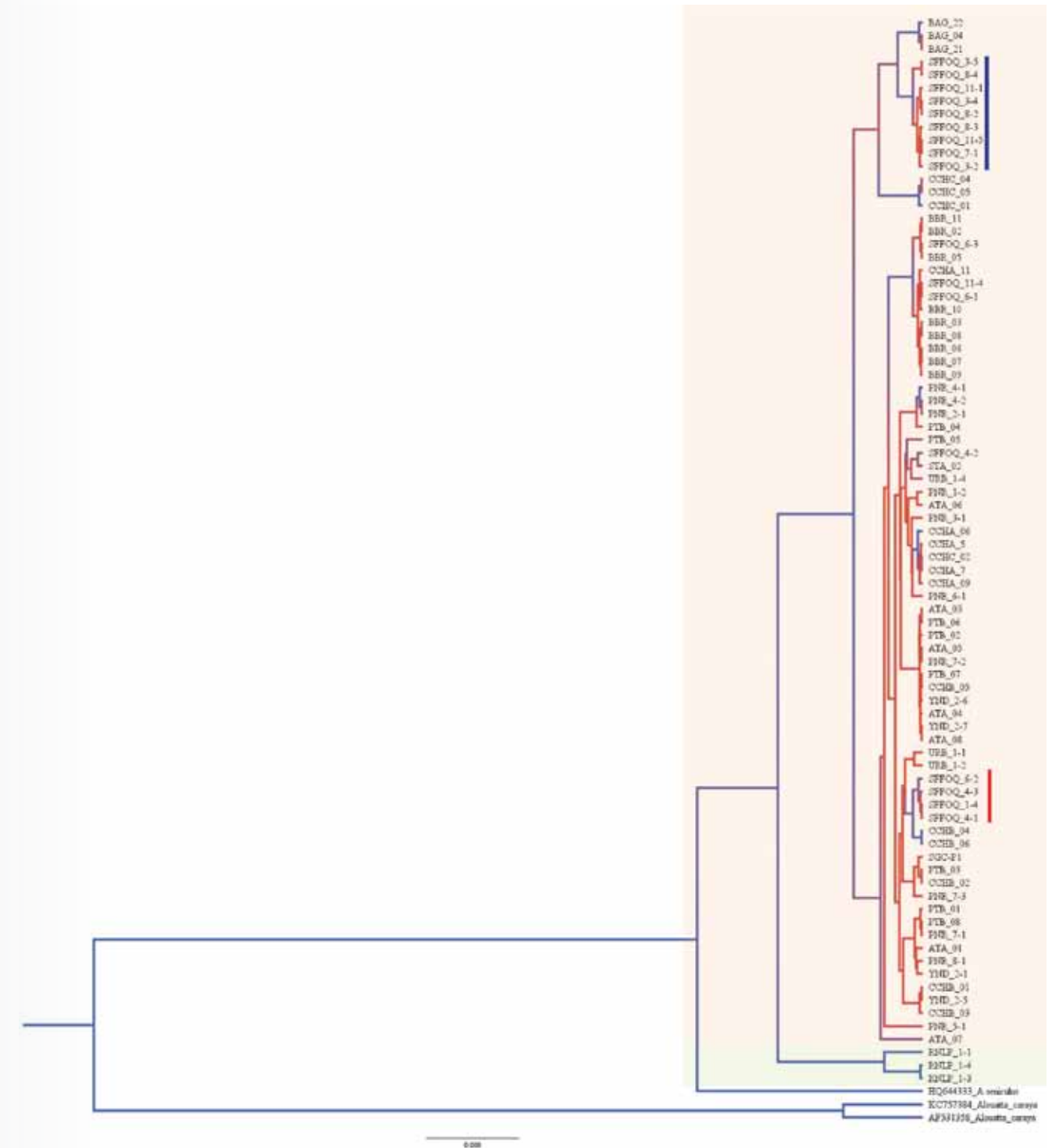
Por otro lado, se observa una evidente separación de los haplotipos encontrados en las poblaciones andinas y caribeñas con respecto a Casanare (Hap_16 y Hap_17) en los Llanos orientales colombianos. Esto podría corresponder a un proceso de aislamiento genético por distancia, pero también podría suponer una diferenciación debido a la cordillera Central como una posible barrera geográfica, ya que esta ha sido identificada como una importante barrera para la dispersión de otras especies de monos aulladores (Brumfield & Edwards, 2007; Chesser

& Zink, 1994; Cortés-Ortiz et al., 2003; Graham et al., 2004; Ribas et al., 2007). También encontramos que los grupos 3, 4, 7, 8 y 11 de SFFOQ comparten Hap_2, los grupos 4, 6 y 11 comparten Hap_5 y los grupos 1, 4 y 6 Hap_18, lo que evidencia flujo génico entre los grupos sociales de la zona.

Al igual que en la red de haplotipos, en la filogenia se encontraron dos grandes grupos de linajes o haplogrupos con un fuerte soporte estadístico (probabilidad posterior >0.99), correspondiente uno de ellos a los Llanos Orientales (RNLP) y el otro al resto de localidades muestreadas (Figura 3). Los individuos de SFFOQ presentan secuencias dispersas dentro del primero de los haplogrupos, sugiriendo esto que los grupos presentes en la zona son el producto de dispersión desde múltiples zonas seguido de un proceso de mezcla.

Figura 3

Árbol filogenético de inferencia bayesiana



Nota. El color de las ramas representa la probabilidad de posterior de estas, en donde el tono azul corresponde a valores superiores a 0,75. Las barras azul (Haplotipo 2) y roja (Haplotipo 18) muestran dos linajes diferenciados presentes en SFFOQ.

Conclusiones

Los monos aulladores rojos del Santuario de Fauna y Flora de Otún Quimbaya presentan altos niveles de diversidad genética mitocondrial y presentan linajes emparentados con localidades cercanas, como el Distrito de Conservación de Suelos Barbas Bremen, pero también con otras poblaciones colombianas incluyendo, incluso, localidades del Bajo Cauca. Esto es consistente con una alta capacidad de dispersión de la especie, y también sugiere una amplia conectividad histórica con otras poblaciones a través de rangos geográficos amplios. Así mismo, se encontró una marcada diferenciación entre las poblaciones cis-andinas (Casanare) con respecto a las interandinas y caribeñas, lo que lleva a pensar en un posible rol vicariante de la cordillera Oriental de los Andes.

Agradecimientos

El presente trabajo fue financiado por Parques Nacionales de Colombia y por la Universidad de Antioquia a través del proyecto CODI 2017-15870.

Este estudio genético es el primero aplicado a las poblaciones de mono aullador rojo en el SFFOQ. Aun es necesario realizar mayores muestreos a través del amplio rango de distribución de la especie y contrastar esta información con marcadores nucleares, como microsatélites. Esto permitirá individualizar las muestras no invasivas colectadas, pero también conocer aspectos más detallados de la especie como patrones de paternidad, parentesco y su relación con la creciente fragmentación del hábitat de la especie, la cual es particularmente alta en los ecosistemas del Eje Cafetero colombiano. Esta información facilitará el planteamiento de planes de conservación más concretos y dirigidos a las poblaciones más afectadas, proponer la restauración de corredores y definir la pertinencia de liberar en la zona animales rescatados del tráfico.

Agradecemos el apoyo del personal del Santuario de Fauna y Flora Otún Quimbaya y del Laboratorio de Genética Animal de la Universidad de Antioquia.

Referencias

- Boubli, J. P., Rylands, A. B., Farias, I. P., Alfaro, M. E., & Alfaro, J. L. (2012). Cebus Phylogenetic Relationships: A Preliminary Reassessment of the Diversity of the Untufted Capuchin Monkeys. *American Journal of Primatology*, 74(4), 381-393.
- Brumfield, R. T., & Edwards, S. V. (2007). Evolution into and out of the Andes: A Bayesian analysis of historical diversification in *Thamnophilus* antshrikes. *Evolution*, 61(2), 346-367.
- Chesser, R. T., & Zink, R. M. (1994). Modes of speciation in birds: A test of Lynch's method. *Evolution*, 48(2), 490-497.
- Cortés-Ortiz, L., Bermingham, E., Rico, C., Rodríguez-Luna, E., Sampaio, I., & Ruiz-García, M. (2003). Molecular systematics and biogeography of the Neotropical monkey genus, *Alouatta*. *Molecular phylogenetics and evolution*, 26(1), 64-81.
- Defler, T. R. (2003). *Primates de Colombia* (Vol. 4). Conservación Internacional Colombia.
- Graham, C. H., Ron, S. R., Santos, J. C., Schneider, C. J., & Moritz, C. (2004). Integrating phylogenetics and environmental niche models to explore speciation mechanisms in dendrobatid frogs. *Evolution*, 58(8), 1781-1793.
- Hasegawa, M., Kishino, H., & Yano, T. (1985). Dating of the human-ape splitting by a molecular clock of mitochondrial DNA. *Journal of molecular evolution*, 22(2), 160-174.
- Hernández-Camacho, J., Cooper, R. W., Thorington, R. W., & Heltne, P. G. (1976). *Neotropical primates: Field studies and conservation*.
- Kattan, G., & Valderrama, C. (2006). *Plan de conservación del mono aullador (Alouatta seniculus) en la región del Sirap-EC y Valle del Cauca*. Instituto de Investigación de Recursos Biológicos Alexander von Humboldt.
- Kumar, S., Stecher, G., Li, M., Knyaz, C., & Tamura, K. (2018). MEGA X: Molecular evolutionary genetics analysis across computing platforms. *Molecular biology and evolution*, 35(6), 1547-1549.
- Leigh, J. W., & Bryant, D. (2015). PopART: Full-feature software for haplotype network construction. 6(1), 1110-1116. <https://doi.org/10.1111/2041-210X.12410>
- Librado, P., & Rozas, J. (2009). DnaSP v5: A software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data. *Bioinformatics*, 25(11), 1451-1452.
- Longmire, J. L., Maltbie, M., & Baker, R. J. (1997). *Use of "lysis buffer" in DNA isolation and its implication for museum collections*. Museum of Texas Tech University.
- Posada, D. (2008). jModelTest: Phylogenetic model averaging. *Molecular Biology and Evolution*, 25(7), 1253-1256. <https://doi.org/10.1093/molbev/msn083>
- Prime, G. (2019). v2019. 0.1. *Biomatters, Ltd., Auckland, New Zealand*, 603.
- Ramírez-González, M. G., Roncancio-Duque, N., Cardona-Toro, A. F., Pacheco-Frayle, R., Ríos-Días, A., Vallejo-López, J. M., & Cuastumal-Taramuel, E. (2015). Programa de monitoreo de mono aullador rojo (*Alouatta seniculus*; Primates: Cebidae) en el Santuario de Fauna y Flora Otún Quimbaya, Pereira-Risaralda. En *González-Maya J. F., Marín-Carvajal L. A., Jiménez-Alvaro J. S. (Eds.). Memorias y Libro de resúmenes II Congreso Colombiano y III Congreso Latinoamericano de Matozología. Bogotá, Colombia*.
- Ribas, C. C., Moyle, R. G., Miyaki, C. Y., & Cracraft, J. (2007). The assembly of montane biotas: Linking Andean tectonics and climatic oscillations to independent regimes of diversification in Pionus parrots. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 274(1624), 2399-2408.
- Slatkin, M., & Hudson, R. R. (1991). Pairwise comparisons of mitochondrial DNA sequences in stable and exponentially growing populations. *Genetics*, 129(2), 555-562. <https://doi.org/10.1093/genetics/129.2.555>
- Suchard, M. A., Lemey, P., Baele, G., Ayres, D. L., Drummond, A. J., & Rambaut, A. (2018). Bayesian phylogenetic and phylodynamic data integration using BEAST 1.10. *Virus Evolution*, 4(1). <https://doi.org/10.1093/ve/vey016>
- Tabares Vélez, S. (2015). *Contraste de la diversidad genética mitocondrial del mono aullador rojo (Alouatta seniculus) en estado de cautiverio y hábitat natural e implicaciones para la conservación de la especie*. [Trabajo de Grado para optar al título de Biólogo]. Universidad de Antioquia.