

HERRAMIENTAS BIOTECNOLÓGICAS APLICADAS A LA CONSERVACIÓN DE HÁBITATS EN LATINOAMERICA: ENFOQUE EN LA AMAZONÍA ECUATORIANA Y LOS BOSQUES ANDINOS COMO ESPACIOS DE CONECTIVIDAD ECOLÓGICA

BIOTECHNOLOGICAL TOOLS APPLIED TO HABITAT CONSERVATION IN LATIN AMERICA: FOCUS ON THE ECUADORIAN AMAZON AND THE ANDEAN FORESTS AS SPACES OF ECOLOGICAL CONNECTIVITY

Bayron Andrés Romero Chacha¹, Jessica Arcos Logroño², Alex Rolando Moyota Paguay³,
Goering Octavio Zambrano Cárdenas⁴

{bayron.romero@esPOCH.edu.ec¹, paola.arcos@esPOCH.edu.ec², goering.zambrano@esPOCH.edu.ec³, alex.moyota@esPOCH.edu.ec⁴}

Fecha de recepción: 11/05/2026 / Fecha de aceptación: 16/06/2026 / Fecha de publicación: 08/07/2026

RESUMEN: La conservación de hábitats en América Latina enfrenta presiones crecientes asociadas a la fragmentación del paisaje, la pérdida de biodiversidad, la reducción de la conectividad ecológica y la intervención humana sobre ecosistemas estratégicos. En torno a lo planteado, la biotecnología representa un apoyo importante para fortalecer las acciones de conservación, al ofrecer herramientas más precisas para el monitoreo de especies, la identificación taxonómica, el análisis de diversidad genética y la restauración de hábitats degradados. El presente artículo de revisión bibliográfica analiza las principales herramientas biotecnológicas aplicadas a la conservación de hábitats en América Latina, con énfasis en Ecuador, la Amazonía ecuatoriana y los bosques andinos como espacios clave de conectividad ecológica. Para ello, se realizó una búsqueda y selección de literatura científica mediante el método PRISMA. De los artículos revisados, los temas más prevalentes fueron corredores ecológicos y conectividad (21,6 %), mamíferos grandes o especies paisaje (16,2 %), genómica de la conservación (13,5 %) y genética en general (10,8 %). En menor proporción se identificaron estudios sobre ADN ambiental, metabarcoding, códigos de barras de ADN, biobancos, criopreservación y monitoreo de biodiversidad. Esta información da a conocer que estas

¹Estudiante de la Carrera de Ingeniería Ambiental – Escuela Superior Politécnica de Chimborazo (ESPOCH) – Sede Morona Santiago, <https://orcid.org/0009-0007-7814-6850>

²Escuela Superior Politécnica de Chimborazo (ESPOCH), Sede Morona Santiago, Don Bosco y Juan Felix Pintado, Macas 140101, Ecuador, <https://orcid.org/0000-0002-9462-2219>

³Escuela Superior Politécnica de Chimborazo (ESPOCH), Sede Morona Santiago, Don Bosco y Juan Felix Pintado, Macas 140101, Ecuador, <https://orcid.org/0000-0001-6975-8539>

⁴Escuela Superior Politécnica de Chimborazo (ESPOCH), Sede Morona Santiago, Don Bosco y Juan Felix Pintado, Macas 140101, Ecuador, <https://orcid.org/0009-0008-4864-7643>

herramientas contribuyen a fortalecer las líneas base taxonómicas y genéticas, detectar especies difíciles de registrar, evaluar conectividad entre poblaciones y orientar acciones de restauración. Sin embargo, su aplicación aún enfrenta limitaciones relacionadas con bibliotecas de referencia incompletas, infraestructura, financiamiento, formación técnica y articulación con la gestión ambiental. De tal manera que, la biotecnología posee un alto potencial para apoyar la conservación y restauración de hábitats, siempre que se integre con métodos convencionales, políticas públicas, gobernanza territorial y acciones efectivas de protección del territorio.

Palabras clave: biotecnología, conservación de hábitats, biodiversidad, ADN ambiental, genómica de la conservación

ABSTRACT: Habitat conservation in Latin America faces growing pressures associated with landscape fragmentation, biodiversity loss, reduced ecological connectivity, and human intervention in strategic ecosystems. In this context, biotechnology represents an important support for strengthening conservation actions by offering more precise tools for species monitoring, taxonomic identification, genetic diversity analysis, and the restoration of degraded habitats. This bibliographic review article analyzes the main biotechnological tools applied to habitat conservation in Latin America, with emphasis on Ecuador, the Ecuadorian Amazon, and the Andean forests as key areas of ecological connectivity. To this end, a search and selection of scientific literature was carried out using the PRISMA method. From the reviewed literature, the most prevalent topics were ecological corridors and connectivity (21.6%), large mammals or landscape species (16.2%), conservation genomics (13.5%), and genetics in general (10.8%). To a lesser extent, studies on environmental DNA, metabarcoding, DNA barcoding, biobanks, cryopreservation, and biodiversity monitoring were identified. The results show that these tools contribute to strengthening taxonomic and genetic baselines, detecting species that are difficult to record, evaluating connectivity among populations, and guiding restoration actions. However, their application still faces limitations related to incomplete reference libraries, infrastructure, funding, technical training, and coordination with environmental management. It is concluded that biotechnology has high potential to support habitat conservation and restoration, if it is integrated with conventional methods, public policies, territorial governance, and effective actions for territorial protection.

Keywords: biotechnology, habitat conservation, biodiversity, environmental DNA, conservation genomics

INTRODUCCIÓN

Frente a la crisis actual por la pérdida de biodiversidad, siendo esta altamente influenciada por el cambio climático global y las actividades antropogénicas, es de gran importancia el hecho de integrar y simplificar las diversas herramientas científicas presentes hoy en día (1). Esta pérdida no debe entenderse únicamente como una disminución en el número de especímenes por especie, sino también como el deterioro de hábitats y la reducción de la diversidad genética

dentro de las poblaciones, la cual es uno de los componentes claves para la conservación de la biodiversidad (2) Siendo la diversidad genética clave en la adaptabilidad y supervivencia de las especies frente a cambios ambientales, enfermedades y otras presiones antrópicas a las que puedan verse expuestos (3) En este contexto, estudios recientes advierten que la diversidad genética está disminuyendo en numerosas especies a escala mundial, lo que refuerza la necesidad de fortalecer estrategias de conservación más integrales y genéticamente informadas (2).

Esta problemática también ha puesto evidencia una consecuencia adicional, la pérdida y la fragmentación de hábitats, especialmente los ecosistemas selváticos y boscosos (forestales). Estos procesos suelen aislar y dividir poblaciones silvestres, limitar su conectividad y reducir de manera significativa el intercambio de genes entre ellas (4,5) Investigaciones realizadas en grandes mamíferos como el jaguar, el tigre y el león han revelado que el aislamiento poblacional se relaciona con consecuencias negativas como el aumento de la endogamia, la reducción del flujo génico y la erosión genómica (6,7).

Sin embargo, la problemática no requiere solo de la evidencia científica, sino que también integra marcos sociopolíticos y de gestión/gobernanza territorial. Siendo así, procesos claves para la toma de decisiones y políticas públicas. Mostrando una visión donde se exige que investigadores, gestores de conservación, responsables en la toma de decisiones, políticos, legisladores y la comunidad, colaboren en buscar objetivos comunes donde la preservación de la biodiversidad sea responsabilidad de todos (1). En torno a esta perspectiva han nacido los corredores ecológicos, los cuales permiten reconectar fragmentos de hábitat, facilitar el desplazamiento de las especies y mantener procesos como el flujo génico entre las poblaciones silvestres (8,9).

Estos corredores ecológicos no solo son espacios naturales o franjas de vegetación, sino también como instrumentos de planificación territorial, ya que en muchos de los sectores que se consideran parte de un corredor habitan pueblos originarios (10,11) En Ecuador, un estudio desarrollado en el Corredor Ecológico Llanganates – Sangay demuestra que la conectividad para especies como el tapir de montaña requiere registrar información científica en procesos de tipo participativo, de tal manera que se consideren áreas privadas, vegetación, caminos, densidad poblacional y la conservación (12). Por ello, la existencia de corredores ecológicos no solo responde a criterios biológicos, sino también a marcos sociopolíticos capaces de ordenar el territorio, reducir conflictos entre la conservación y el desarrollo (persona – fauna), y sobre todo que las estrategias de conservación empleadas se acomoden a un largo plazo.

La relevancia biológica de Latinoamérica se explica por su alta concentración de biodiversidad y por la presencia de varios hotspots de importancia global, lo que convierte a la región en un espacio estratégico para la conservación de especies, ecosistemas y recursos genéticos (1,13). En este contexto, la brecha en la aplicación de la genética de la conservación ha sido documentada en distintos estudios, los cuales identifican cuatro barreras principales: a) la falta de mecanismos eficientes para la transferencia de conocimientos entre la comunidad académica y los actores involucrados; b) la escasa capacitación formal para interpretar y evaluar datos genéticos; c) los altos costos iniciales y la necesidad de financiamiento a largo plazo en estudios genéticos; y d) las estructuras burocráticas o restricciones impuestas por las instituciones gubernamentales

pertinentes (1). Sin embargo, a pesar de esta riqueza natural, la conservación regional todavía enfrenta limitaciones importantes en la incorporación y aplicación plena de herramientas científicas y tecnológicas disponibles, como la genética de conservación, el monitoreo mediante teledetección y los biobancos de material biológico (1,13,14).

De manera conjunta, los datos recabados permiten comprender que la conservación no solo debe limitarse a la protección de especies o reservas naturales aisladas, sino que requiere integrar herramientas biotecnológicas, genómicas y territoriales que permitan analizar la diversidad genética, la conectividad ecológica (corredores ecológicos) y las presiones antropogénicas; por ende se evidencia la necesidad imperativa de aplicar estrategias más activas e informadas por la academia (2).

Por tanto, los corredores ecológicos adquieren un papel fundamental no solo como espacios de conexión entre hábitats fragmentados, sino también como un instrumento de planificación territorial que dependen de una adecuada gobernanza y participación comunitaria (10,12) Bajo este enfoque, se tuvo como objetivo analizar las principales herramientas biotecnológicas que se aplican a la conservación de hábitats en Latinoamérica, tomando como eje de análisis la Amazonía ecuatoriana y los bosques andinos por su importancia en la conectividad ecológica.

MATERIALES Y MÉTODOS

La presente investigación se realizó como una revisión bibliográfica sistematizada, enfocada en analizar las principales herramientas biotecnológicas aplicadas a la conservación de hábitats en Latinoamérica, con especial atención en la Amazonía ecuatoriana y los bosques andinos como espacios importantes para la conectividad ecológica. Para ordenar el proceso de búsqueda, selección e inclusión de los estudios, se tomó como referencia la metodología PRISMA 2020, ya que permite presentar de forma más clara las etapas de identificación, cribado, elegibilidad e inclusión de la literatura científica.

La búsqueda de información se llevó a cabo en bases de datos académicas y repositorios científicos como Scopus, Web of Science, ScienceDirect, SpringerLink, PubMed, Google Scholar, Frontiers, PLOS ONE, Nature y Scientific Reports. Se priorizaron artículos publicados entre 2021 y 2026, con el fin de trabajar principalmente con literatura reciente. Sin embargo, también se consideraron algunos estudios metodológicos previos cuando aportaban bases necesarias para comprender el uso de herramientas moleculares y enfoques relacionados con la conectividad ecológica. Para la búsqueda se utilizaron palabras clave en español e inglés, relacionadas directamente con el tema de estudio. Entre los términos empleados estuvieron: *conservation genomics, conservation genetics, environmental DNA, eDNA, DNA barcoding, metabarcoding, cryopreservation, habitat conservation, ecological corridors, habitat fragmentation, gene flow, connectivity, Latin America, Ecuador, Ecuadorian Amazon, Andean forests*, genómica de la conservación, ADN ambiental, código de barras de ADN, corredores y restauración ecológicos. Estas palabras permitieron localizar estudios vinculados tanto con herramientas biotecnológicas específicas como con su aplicación en conservación de hábitats y paisajes fragmentados.

Se incluyeron artículos científicos, revisiones y estudios de caso publicados en revistas académicas que abordaran herramientas biotecnológicas aplicadas a la conservación de la biodiversidad, monitoreo molecular, diversidad genética, conectividad ecológica, restauración de hábitats o gestión territorial. También se tomaron en cuenta investigaciones desarrolladas en Latinoamérica y estudios específicos de Ecuador, especialmente aquellos relacionados con la Amazonía ecuatoriana, Yasuní, ecosistemas dulceacuícolas, bosques andinos y corredores ecológicos. En cambio, se excluyeron documentos sin respaldo académico, publicaciones duplicadas, textos que no se relacionaban directamente con el tema, estudios centrados exclusivamente en genética humana, medicina, agricultura productiva o biotecnología sin vínculo claro con la conservación de hábitats.

El proceso de selección siguió las fases establecidas por PRISMA. En la etapa de identificación se recuperaron 96 registros. Luego, durante la depuración inicial, se eliminaron 14 documentos duplicados, por lo que quedaron 82 estudios para la fase de cribado. Después de revisar títulos y resúmenes, se excluyeron 31 registros por no guardar relación directa con el objetivo del artículo. De esta manera, 51 documentos pasaron a la fase de elegibilidad. En esta etapa se revisaron los textos completos y se descartaron 13 documentos por ausencia de enfoque biotecnológico, baja pertinencia temática o regional, falta de acceso al texto completo o redundancia temática. Finalmente, se incluyeron 38 estudios únicos en la revisión bibliográfica.

Además, se realizó una evaluación cualitativa de la evidencia seleccionada. Para ello, se consideraron aspectos como la publicación en revistas revisadas por pares, la actualidad de la fuente, la claridad metodológica, la pertinencia temática y la relación directa con la conservación de hábitats, la conectividad ecológica y el contexto latinoamericano o ecuatoriano. Posteriormente, la información fue organizada en una matriz bibliográfica que incluyó datos como autor, año, región de estudio, herramienta biotecnológica, ecosistema analizado, principales resultados y aporte al tema. Esta organización permitió comparar los estudios revisados y construir una síntesis crítica de la literatura, verificando que las fuentes seleccionadas respondieran al objetivo del artículo y al enfoque planteado sobre Latinoamérica, la Amazonía ecuatoriana y los bosques andinos.

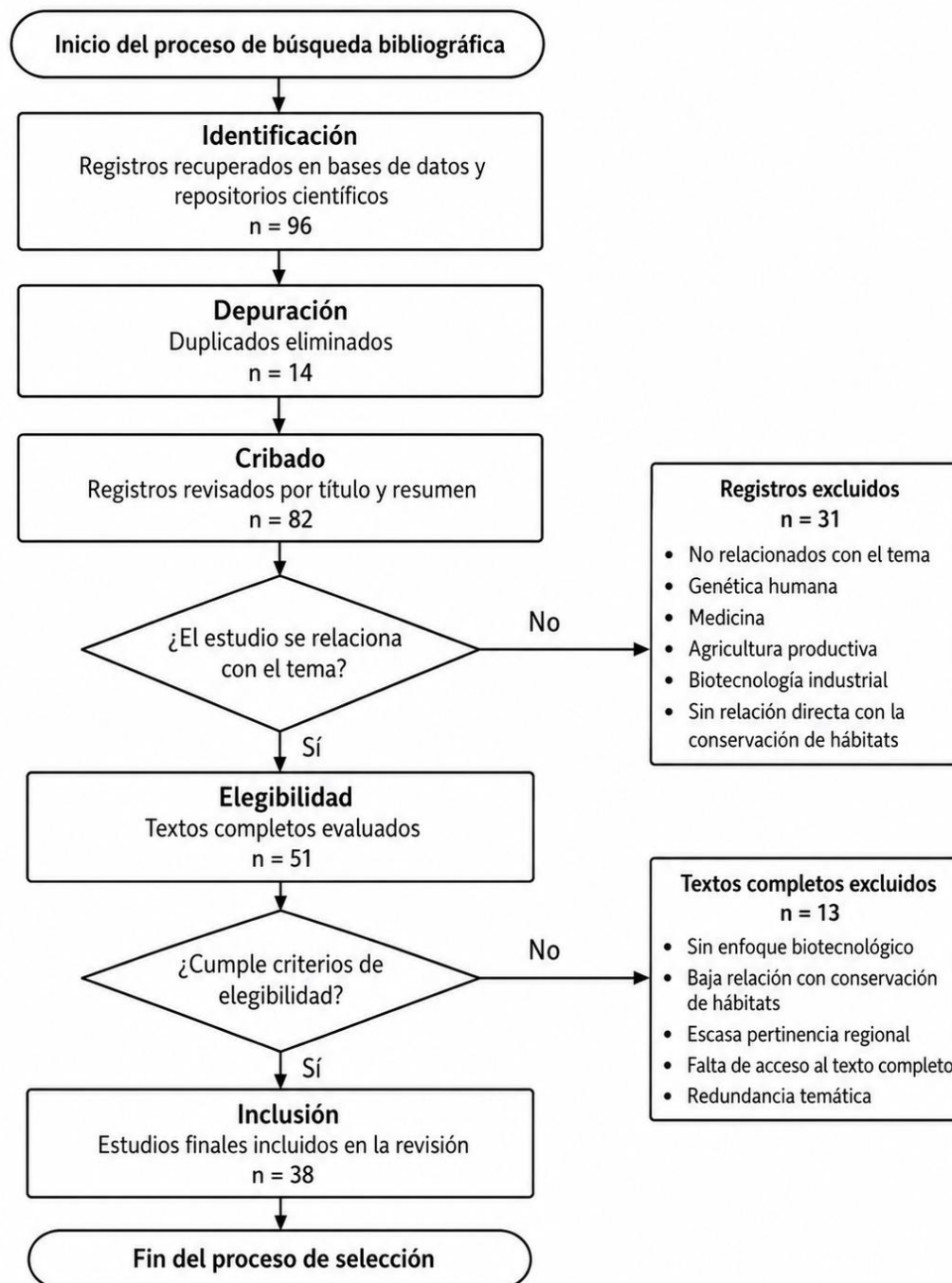


Figura 1. Diagrama de flujo del proceso de selección de estudios según la metodología PRISMA.

Fuente: Elaboración propia.

RESULTADOS

Avances, aplicaciones y desafíos en el contexto latinoamericano

En la Amazonía y la Orinoquía colombiana actualmente se necesitan herramientas moleculares rápidas, sensibles, no invasivas y de bajo costo, una demanda especialmente importante en regiones megadiversas, donde los inventarios tradicionales suelen requerir más tiempo y recursos (15). En este contexto, su investigación demostró que el eDNA y la secuenciación de nueva generación amplían la detección de vertebrados en paisajes tropicales complejos.

En Ecuador, su uso también empieza a consolidarse. Al estudiar corrientes andinas y amazónicas, sobre todo, en el Neotrópico, la rapidez de aplicación y una mayor precisión son esenciales frente al deterioro acelerado de los ecosistemas dulceacuícolas (16). Sin embargo, advierten que el metabarcoding aún debe emplearse como complemento de los métodos tradicionales de identificación, debido a que las bibliotecas de referencia de ADN para muchos taxones ecuatorianos todavía son incompletas. Esto pone en evidencia una realidad importante del contexto ecuatoriano: aunque ya existen avances metodológicos, su verdadero alcance aún depende del fortalecimiento de las bases de datos, de las capacidades técnicas y de una mejor articulación institucional (16).

Una situación semejante se observa en los ecosistemas terrestres de alta montaña, en un estudio sobre el oso andino en Ecuador desarrollaron una herramienta molecular económica y de fácil uso para analizar la diversidad genética y la conectividad. No obstante, los autores también reconocen que las amenazas que enfrenta esta especie en el país siguen siendo severas y que difícilmente disminuirán sin intervenciones directas(17). En conjunto, estos estudios muestran que el avance más importante en la región no radica solo en la aparición de nuevas técnicas, sino en su aplicación progresiva a problemas concretos de conservación. Al mismo tiempo, dejan claro que, en países como Ecuador, el reto principal continúa siendo transformar estos avances en decisiones efectivas frente a la fragmentación del hábitat, la deforestación y la limitada infraestructura disponible para el monitoreo biológico (16,17).

Un estudio en 2024 refleja que una de las principales barreras sigue siendo la escasa transferencia de conocimiento entre la academia y las comunidades, lo que explica por qué muchos avances moleculares todavía no se reflejan con rapidez en políticas o estrategias concretas(1). En Ecuador, esta limitación se observa con claridad en los ecosistemas de agua dulce, en estos se encontraron vacíos importantes en las bibliotecas de referencia de ADN, por lo que recomiendan que el metabarcoding siga utilizándose junto con los métodos tradicionales. De forma similar, otros investigadores concluyeron que las poblaciones de oso andino en Ecuador deben manejarse por separado, aunque advierten que las amenazas sobre la especie continúan siendo fuertes si no se aplican intervenciones directas(16,17). De tal forma que, estos estudios muestran que el reto no es solo contar con técnicas más modernas, sino lograr que la información genética y molecular sirva realmente para orientar decisiones de manejo, fortalecer la conectividad y responder las diferentes problemáticas.

Conforme a lo expuesto, la literatura evidencia que el principal desafío en la región no es únicamente técnico/aplicativo, sino también institucional y operativo, ya que aún persiste la falta de mecanismos eficientes para la transferencia de conocimiento dentro y fuera de la academia (18). En Ecuador, esta realidad se refleja en la necesidad de fortalecer las bibliotecas de referencia molecular, ya que la línea base genética de varios grupos biológicos todavía es incompleta y limita la identificación precisa de especies en estudios de biodiversidad (19). Asimismo, los métodos moleculares no deben reemplazar totalmente a los enfoques convencionales, sino complementarlos, debido a que la combinación de ADN ambiental y técnicas tradicionales de campo puede mejorar la detección de especies y generar información más robusta para la conservación, como se ha evidenciado en estudios realizados en la Amazonía ecuatoriana (20). En este sentido, la biotecnología no debe considerarse una solución aislada, sino una herramienta estratégica que puede fortalecer la conservación regional siempre que se articule con acciones directas de manejo, políticas públicas, capacidades locales y protección efectiva del territorio (21–23).

Principales herramientas biotecnológicas empleadas en la conservación de hábitats

Entre las herramientas biotecnológicas aplicadas a la conservación de hábitats, la genómica de la conservación se ha consolidado como una de las más importantes, debido a que permite analizar la diversidad genética de las poblaciones, reconocer su estructura, estimar niveles de conectividad y detectar señales de aislamiento o reducción del flujo génico. A diferencia de los enfoques genéticos tradicionales, la genómica trabaja con una mayor cantidad de información del ADN, lo que facilita una comprensión más detallada del estado de las poblaciones y de su capacidad para responder frente a procesos como la fragmentación, la pérdida de hábitat y el cambio ambiental. En este sentido, los genomas de referencia y los recursos genómicos públicos representan una base técnica importante para mejorar el monitoreo de la biodiversidad, orientar acciones de restauración y respaldar decisiones de manejo con evidencia científica (24). Además, distintos estudios señalan que la información genómica puede contribuir directamente a la planificación de acciones prácticas, como la identificación de unidades de conservación, el diseño de programas de translocación, el manejo de poblaciones amenazadas y la priorización de áreas críticas para conservar la conectividad ecológica (25). Sin embargo, su aplicación no debe reducirse únicamente a la generación de datos moleculares, ya que los genomas de referencia por sí solos no capturan toda la diversidad de una especie; por ello, deben integrarse con datos poblacionales, ecológicos y territoriales que permitan construir estrategias de conservación más completas y aplicables a la realidad de cada ecosistema (26,27).

En la Amazonía ecuatoriana, los estudios revisados muestran que las herramientas moleculares pueden aportar información clave para fortalecer la planificación y el monitoreo de zonas con alta biodiversidad. Un ejemplo claro se observa en la microcuenca del río Tena, donde la combinación de ADN ambiental y censos visuales permitió identificar 33 especies de anfibios acuáticos, incluyendo algunas que fueron detectadas únicamente mediante eDNA. Esto demuestra que esta herramienta puede ser muy útil en ambientes tropicales, donde la observación directa muchas veces se dificulta por la cobertura vegetal, el comportamiento de las especies o las condiciones propias del terreno (20). De forma similar, en el Parque Nacional Yasuní se actualizó el inventario

de peces de agua dulce, registrándose 458 especies distribuidas en 47 familias y 13 órdenes. Entre las especies reportadas se encuentran peces representativos de la Amazonía como *Arapaima gigas*, *Colossoma macropomum*, *Osteoglossum bicirrhosum*, *Pseudoplatystoma fasciatum*, *Pseudoplatystoma tigrinum* y *Phractocephalus hemiliopterus* (18). Esta información es importante porque fortalece las bases taxonómicas necesarias para futuras aplicaciones de código de barras de ADN, metabarcoding y ADN ambiental, herramientas que dependen de bibliotecas de referencia completas y de identificaciones confiables. Asimismo, el redescubrimiento de *Rhyacoglanis pulcher* en el río Villano, dentro de la cuenca del Napo, muestra que la combinación entre taxonomía tradicional y herramientas moleculares puede ayudar a confirmar registros de especies raras o poco documentadas, reduciendo vacíos de información sobre la biodiversidad amazónica ecuatoriana (40).

Estas herramientas también pueden aportar a la planificación de corredores ecológicos, especialmente en un país como Ecuador, donde la pérdida de cobertura boscosa y la fragmentación han afectado la conectividad funcional de varios ecosistemas. Estudios recientes evidencian que los bosques continentales ecuatorianos han perdido conectividad entre 1990 y 2018, principalmente por los cambios de uso del suelo y la expansión agrícola (29). Esta problemática también se observa en ecosistemas como el bosque seco tropical, donde la fragmentación reduce la continuidad del paisaje y hace necesario plantear procesos de restauración que no solo aumenten la cobertura vegetal, sino que también recuperen conexiones funcionales entre los parches de hábitat (28). En este contexto, los estudios sobre el Corredor de Conectividad Llanganates-Sangay muestran que la conservación de hábitats requiere integrar análisis espaciales, modelamiento de conectividad, especies paisaje y participación territorial, como se ha planteado para el tapir de montaña y para la proyección de cambios de uso y cobertura del suelo hacia 2030 (30,31). De manera similar, el diseño de corredores para el oso de anteojos entre el Parque Nacional Cayambe-Coca y la Reserva Ecológica Antisana demuestra que los modelos de distribución de hábitat y las rutas de menor costo pueden ayudar a identificar zonas prioritarias para mantener la movilidad de especies amenazadas (31). Por esta razón, en el contexto ecuatoriano, la biotecnología debe entenderse como un apoyo estratégico que, al combinarse con monitoreo de campo, cámaras trampa, análisis genéticos y planificación territorial, puede fortalecer la conservación de hábitats amazónicos, andinos y de bosques secos, favoreciendo la conectividad ecológica y la permanencia de poblaciones silvestres a largo plazo (17,20,32).

Otra herramienta relevante para la conservación de hábitats es el código de barras de ADN, una técnica que permite identificar especies mediante secuencias cortas y estandarizadas del material genético (34). Su importancia no se limita solo a la identificación taxonómica, ya que también permite fortalecer bibliotecas de referencia, reconocer especies crípticas, reducir vacíos de información y mejorar el monitoreo de la biodiversidad en regiones megadiversas. En América Latina, esta herramienta resulta especialmente valiosa porque muchos ecosistemas tropicales presentan una gran riqueza biológica, pero todavía cuentan con una baja representación genética en bases de datos públicas. Un caso reciente se observa en la Amazonía peruana, donde se implementaron laboratorios descentralizados con tecnología portátil de secuenciación por nanoporos y se generaron 1.858 códigos de barras de ADN a partir de vertebrados y plantas,

fortaleciendo así las capacidades locales de investigación molecular (33). En Ecuador, esta necesidad también se refleja en estudios sobre peces del Chocó-Darién, donde el uso de códigos de barras de ADN permitió registrar especies nativas e introducidas, además de mejorar la línea base molecular para futuras acciones de conservación (19). Por ello, el código de barras de ADN debe entenderse no solo como una técnica de identificación, sino como una herramienta que puede fortalecer la investigación local y aportar información útil para la conservación de hábitats tropicales.

Finalmente, la conservación de hábitats no solo necesita herramientas orientadas al monitoreo de especies en campo, como la genómica, el eDNA o los códigos de barras de ADN, sino también estrategias que permitan conservar material genético cuando las poblaciones naturales se encuentran bajo amenaza. En este sentido, la criopreservación es una herramienta biotecnológica ex situ importante para la conservación vegetal, ya que permite almacenar semillas, embriones, meristemas, polen u otros tejidos a temperaturas ultrabajas, reduciendo la actividad metabólica y manteniendo la viabilidad del germoplasma por largos periodos. Esta técnica es especialmente útil en especies con semillas sensibles a la desecación, baja regeneración natural o reproducción limitada, debido a que no siempre pueden conservarse de manera adecuada en bancos de semillas convencionales (35,36). De esta forma, la criopreservación no reemplaza la conservación in situ ni la protección directa de los ecosistemas, pero sí funciona como un respaldo estratégico frente a la pérdida acelerada de hábitats. Además, permite conservar diversidad genética vegetal y disponer de material biológico para futuros programas de propagación, restauración ecológica y recuperación de especies amenazadas (37,38). Por tanto, dentro de una estrategia integral de conservación, esta herramienta debe articularse con bancos de germoplasma, jardines botánicos, investigación genética, políticas públicas y acciones territoriales que garanticen tanto la protección del hábitat como la permanencia del material genético a largo plazo.

Aplicaciones de la biotecnología en ecosistemas estratégicos y en la restauración de hábitats degradados en Ecuador y la Amazonía ecuatoriana

Las aplicaciones de la biotecnología en ecosistemas estratégicos adquieren especial relevancia en la Amazonía, donde la alta diversidad biológica coincide con presiones asociadas a la deforestación, la fragmentación del bosque, la expansión vial y las actividades extractivas. En este escenario, las herramientas moleculares no deben entenderse como sustitutos absolutos de los inventarios ecológicos tradicionales, sino como métodos de apoyo que permiten ampliar la capacidad de detección de especies y generar información más precisa para la conservación y restauración de hábitats. Un ejemplo claro se observa en la microcuenca del río Tena, donde investigadores demostraron que la combinación de ADN ambiental (eDNA) y censos visuales permitió registrar 33 especies de anfibios acuáticos, incluyendo especies detectadas únicamente mediante eDNA (20). Este resultado evidencia que, en hábitats tropicales de difícil acceso, la integración de técnicas moleculares y métodos convencionales puede fortalecer las líneas base de biodiversidad y mejorar el monitoreo de organismos sensibles a los cambios ambientales.

La necesidad de aplicar estas herramientas se vuelve más evidente frente a la fragmentación de la selva amazónica ecuatoriana. En un estudio, se analizaron las zonas prioritarias REDD+ de la

Amazonía ecuatoriana entre 1990 y 2022, y encontraron un aumento general de la fragmentación, expresado en mayor número de parches, incremento del aislamiento y reducción del tamaño y representatividad de la cobertura natural (39). Además, identificaron un patrón de fragmentación asociado al corredor norte-sur de la carretera E45, el cual contribuye a separar ecosistemas andinos y amazónicos. Estos hallazgos muestran que la conservación y la restauración no pueden planificarse de manera general, sino a partir de información espacial, ecológica y molecular que permita ubicar sectores críticos, reconocer zonas donde se pierde conectividad y priorizar intervenciones dirigidas a recuperar la integridad del paisaje.

Otro aspecto fundamental para la conservación de hábitats en la Amazonía ecuatoriana es la construcción de líneas base taxonómicas y genéticas confiables. En el Parque Nacional Yasuní, Escobar-Camacho et al. (19) actualizaron el inventario de peces de agua dulce y registraron 458 especies distribuidas en 47 familias y 13 órdenes, superando listados previos para esta área protegida. Este tipo de información es estratégica porque el uso posterior de técnicas como el código de barras de ADN, el metabarcoding o el eDNA depende de bibliotecas de referencia bien alimentadas y de identificaciones taxonómicas consistentes (19). En ecosistemas altamente diversos como Yasuní, mejorar estas bases no solo amplía el conocimiento científico, sino que también facilita la detección temprana de cambios en las comunidades biológicas, la identificación de especies poco registradas y el diseño de medidas de conservación ajustadas a las condiciones reales del hábitat.

La utilidad de combinar enfoques tradicionales y moleculares también se evidencia en el registro de especies raras o escasamente documentadas. En el río Villano, dentro de la cuenca del Napo, Chuctaya et al. (40) reportaron el redescubrimiento de *Rhyacoglanis pulcher* después de casi 140 años, mediante la identificación morfológica del ejemplar y la obtención de su secuencia de código de barras de ADN (40). Aunque se trata de un caso puntual, su importancia para la conservación es considerable, porque demuestra que la integración entre taxonomía clásica y herramientas moleculares puede validar registros, reducir incertidumbres y aportar evidencia sobre especies que podrían pasar desapercibidas en ambientes amazónicos de alta diversidad. En este sentido, la biotecnología contribuye a que la pérdida de hábitat no avance más rápido que el conocimiento disponible sobre las especies presentes en el territorio.

En conjunto, los resultados evidencian que las herramientas biotecnológicas analizadas no deben entenderse como técnicas aisladas, sino como recursos complementarios dentro de una estrategia integral de conservación. La genómica, el ADN ambiental, el código de barras de ADN, el metabarcoding y la criopreservación permiten mejorar la identificación de especies, fortalecer líneas base taxonómicas y genéticas, detectar organismos difíciles de registrar y conservar material genético útil para futuros procesos de restauración. En el caso ecuatoriano, su aporte resulta especialmente relevante en ecosistemas estratégicos como la Amazonía, los Andes, Yasuní y los corredores de conectividad, donde la fragmentación, la pérdida de hábitat y los vacíos de información todavía limitan la toma de decisiones. No obstante, los hallazgos también muestran que su efectividad depende de la integración con métodos convencionales de campo, bases de referencia más completas, capacidades locales, planificación territorial y acciones directas de manejo. Por tanto, la biotecnología representa un apoyo estratégico para la conservación y

restauración de hábitats degradados, siempre que se articule con políticas públicas, gobernanza ambiental y protección efectiva del territorio.

La siguiente tabla resume las aplicaciones, ventajas, limitaciones y costos estimados de las herramientas biotecnológicas más relevantes para la conservación de hábitats.

Tabla 1. Aplicaciones, ventajas, limitaciones y costos estimados de las herramientas biotecnológica

Herramienta	Criterio	Síntesis comparativa
Genómica de la conservación	Aplicación	Analiza diversidad genética, estructura poblacional, flujo génico, aislamiento y conectividad.
	Ventajas	Identifica unidades de conservación, poblaciones vulnerables y áreas prioritarias para manejo, restauración o conectividad ecológica.
	Limitaciones	Requiere muestras de calidad, laboratorios especializados, bioinformática y personal capacitado. Un genoma de referencia no representa toda la diversidad de una especie.
	Costo	Alto
	Referencias	(24–27)
ADN ambiental	Aplicación	Detecta especies a partir de agua, suelo o sedimento, sin observarlas o capturarlas directamente.
	Ventajas	Es no invasivo y útil en ecosistemas acuáticos, selvas tropicales y zonas de difícil acceso. Puede detectar especies raras o poco visibles.
	Limitaciones	Depende de bibliotecas de referencia completas y puede afectarse por contaminación, degradación del ADN o condiciones ambientales. No siempre estima abundancia real.
	Costo	Medio a alto
	Referencias	(15,16,20)

Herramienta	Criterio	Síntesis comparativa
Metabarcoding	Aplicación	Identifica comunidades biológicas completas mediante secuenciación masiva de ADN presente en una muestra.
	Ventajas	Analiza varios grupos de organismos a la vez y fortalece el biomonitoreo en ríos, quebradas y ambientes tropicales.
	Limitaciones	Puede presentar sesgos por marcadores, errores de amplificación o bases incompletas. En Ecuador debe complementarse con identificación morfológica.
	Costo	Medio a alto
	Referencias	(16,20)
Código de barras de ADN	Aplicación	Identifica especies mediante secuencias cortas y estandarizadas del material genético.
	Ventajas	Fortalece líneas base taxonómicas, reconoce especies crípticas o poco documentadas y mejora bibliotecas de referencia para eDNA o metabarcoding.
	Limitaciones	Requiere secuencias confiables. Su precisión disminuye cuando especies locales no están representadas en bases genéticas.
	Costo	Medio
	Referencias	(18,19,34,40)
Criopreservación	Aplicación	Conserva semillas, embriones, polen, meristemos u otros tejidos vegetales a temperaturas ultrabajas.
	Ventajas	Resguarda material genético a largo plazo, especialmente de especies amenazadas o no aptas para bancos convencionales. Apoya restauración futura.

Herramienta	Criterio	Síntesis comparativa
	Limitaciones	Requiere infraestructura especializada, protocolos por especie y mantenimiento técnico. No reemplaza la conservación directa del hábitat.
	Costo	Alto
	Referencias	(35–38)

En conjunto, la tabla muestra que ninguna herramienta actúa de manera aislada. Su mayor utilidad se alcanza cuando se integran métodos moleculares, trabajo de campo, bases de referencia confiables y planificación territorial, especialmente en ecosistemas megadiversos y fragmentados como la Amazonía ecuatoriana y los bosques andinos.

DISCUSIÓN

Los resultados obtenidos permiten interpretar que la biotecnología aplicada a la conservación de hábitats no debe entenderse únicamente como un conjunto de técnicas modernas, sino como un apoyo científico para enfrentar problemas ecológicos que ya son visibles en Latinoamérica y, de manera particular, en Ecuador. Herramientas como la genómica de la conservación, el ADN ambiental, el metabarcoding, los códigos de barras de ADN y la criopreservación muestran un aporte importante para mejorar la identificación de especies, fortalecer líneas base genéticas y detectar organismos que muchas veces no son registrados por métodos convencionales. Sin embargo, su verdadero valor no está solo en producir datos, sino en transformar esa información en decisiones concretas de manejo, restauración y protección territorial.

En el caso ecuatoriano, esta discusión adquiere mayor relevancia debido a la presión creciente sobre ecosistemas estratégicos como la Amazonía, los bosques andinos, los bosques secos y las zonas de transición entre la cordillera y la llanura amazónica. La fragmentación de la selva ecuatoriana representa uno de los principales desafíos, ya que no solo implica pérdida de cobertura vegetal, sino también aislamiento de poblaciones, reducción de conectividad y alteración de procesos ecológicos. El análisis de las zonas prioritarias REDD+ de la Amazonía ecuatoriana evidenció un aumento general de la fragmentación entre 1990 y 2022, asociado con mayor número de parches, incremento del aislamiento y reducción de la cobertura natural, además de un patrón de fragmentación relacionado con el corredor vial norte-sur de la carretera E45 (39). Esto demuestra que la apertura vial, la expansión agrícola y otras actividades humanas pueden dividir progresivamente la continuidad entre ecosistemas amazónicos y andinos. Frente a este escenario, la biotecnología puede contribuir a reconocer con mayor precisión qué especies están presentes, qué poblaciones están más aisladas y qué zonas deberían priorizarse para

restauración o conectividad. Por ejemplo, el uso combinado de eDNA y censos visuales en la microcuenca del río Tena permitió registrar especies de anfibios acuáticos que no siempre pueden detectarse mediante observación directa (20). Esto confirma que los métodos moleculares son especialmente útiles en hábitats tropicales complejos, donde la alta diversidad, la baja detectabilidad de ciertas especies y las dificultades de acceso limitan los inventarios tradicionales. No obstante, estos resultados también sugieren que el eDNA y el metabarcoding no deben reemplazar completamente el trabajo de campo, sino integrarse con la taxonomía clásica, los recorridos visuales y el conocimiento local.

En los bosques andinos, el problema de la fragmentación también es crítico, porque estos ecosistemas funcionan como espacios de conectividad entre áreas protegidas, gradientes altitudinales y especies de amplia movilidad. La información revisada sobre el oso andino muestra que las herramientas moleculares pueden ayudar a analizar diversidad genética y conectividad, pero también evidencia que las amenazas sobre la especie siguen siendo fuertes si no se aplican intervenciones directas (17). De manera similar, los estudios sobre corredores ecológicos en Ecuador indican que la conectividad no se conserva únicamente delimitando áreas protegidas, sino identificando rutas funcionales de movimiento, zonas de restauración y paisajes intermedios que permitan reducir el aislamiento poblacional (28-31). En este punto, la biotecnología se vuelve más útil cuando se combina con modelamiento espacial, cámaras trampa, análisis de cobertura vegetal, participación comunitaria y planificación territorial.

Otro aspecto importante es que los resultados muestran una debilidad persistente en las bibliotecas de referencia molecular. En Ecuador, varios estudios advierten que la cobertura genética de muchos taxones todavía es incompleta, lo que limita la precisión de herramientas como el metabarcoding, el eDNA y los códigos de barras de ADN (16,19). Esta limitación es especialmente delicada en áreas megadiversas como Yasuní, donde se han registrado 458 especies de peces de agua dulce, superando listados previos y demostrando que aún existe información biológica en construcción (19). Por ello, fortalecer las bases taxonómicas y genéticas no es un detalle técnico menor, sino una condición necesaria para que las herramientas biotecnológicas puedan aplicarse de manera confiable en conservación.

A partir de lo revisado, se puede decir que la biotecnología ofrece un apoyo importante para la conservación y restauración de hábitats degradados, pero su utilidad no depende solo de aplicar nuevas técnicas. Para que realmente tenga impacto, debe relacionarse con políticas públicas, capacidades locales, financiamiento, gobernanza ambiental y acciones concretas dentro del territorio. En el caso de Ecuador, sobre todo en la Amazonía ecuatoriana y los bosques andinos, el reto no es únicamente incorporar tecnología, sino utilizarla para responder a problemas reales como la fragmentación, la pérdida de conectividad, la deforestación, los vacíos de información y el debilitamiento de poblaciones silvestres. Por ello, estas herramientas deben formar parte de una estrategia más amplia, en la que la evidencia molecular complemente la conservación *in situ*, la restauración ecológica, los corredores de conectividad y la toma de decisiones orientada a proteger la biodiversidad a largo plazo.

CONCLUSIONES

A partir de la revisión realizada, se puede concluir que herramientas como la genómica de la conservación, el ADN ambiental, el metabarcoding, los códigos de barras de ADN y la criopreservación aportan de manera importante a la conservación de hábitats. Estas permiten mejorar la identificación de especies, fortalecer las líneas base taxonómicas y genéticas, detectar organismos que no siempre se registran con métodos tradicionales y conservar material biológico útil para futuros procesos de restauración. Sin embargo, su aporte no debe entenderse solo desde la parte molecular, sino como un complemento al trabajo de campo y a la información ecológica necesaria para tomar mejores decisiones ambientales.

En Ecuador, especialmente en la Amazonía ecuatoriana, Yasuní, los bosques andinos y los corredores ecológicos, estas herramientas adquieren mayor importancia debido a las presiones que enfrentan estos ecosistemas. La fragmentación de la selva, la pérdida de cobertura boscosa, la expansión vial, las actividades productivas y el aislamiento de poblaciones silvestres muestran que la conservación necesita apoyarse en información molecular, ecológica y espacial. Esta integración puede ayudar a reconocer zonas críticas, priorizar acciones de restauración y mantener la conectividad entre hábitats estratégicos.

Aunque existen avances importantes, la aplicación de la biotecnología en la conservación regional todavía enfrenta varios límites, como bibliotecas de referencia incompletas, falta de infraestructura especializada, escasa formación técnica, financiamiento limitado y poca articulación entre la investigación científica, la gestión ambiental y las políticas públicas. Por esta razón, la biotecnología no debe verse como una solución independiente, sino como una herramienta de apoyo que necesita integrarse con la conservación *in situ*, la restauración ecológica, la gobernanza territorial y la protección efectiva del territorio para contribuir a la permanencia de la biodiversidad a largo plazo.

CONTRIBUCIONES DE AUTOR

El autor fue responsable de la búsqueda y selección de la literatura científica, el análisis de la información, la redacción del manuscrito, la elaboración de los apartados de resultados, discusión y conclusiones, así como de la revisión final del artículo. Además, integró los enfoques relacionados con biotecnología, conservación de hábitats, conectividad ecológica y restauración de ecosistemas estratégicos. Centrado sobre todo en la región donde vive, buscando un análisis y dando a conocer cómo se encuentra situación hoy en día en la Amazonía acorde al tema.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

1. Napolitano C, Clavijo C, Rojas-Bonzi V, Miño CI, González-Maya JF, Bou N, et al. Understanding the conservation-genetics gap in Latin America: challenges and opportunities to integrate genetics into conservation practices. *Front Genet.* 2024;Volume 15-2024. doi:10.3389/fgene.2024.1425531

2. Shaw RE, Farquharson KA, Bruford MW, Coates DJ, Elliott CP, Mergeay J, et al. Global meta-analysis shows action is needed to halt genetic diversity loss. *Nature*. 2025;638(8051):704–10. doi:10.1038/s41586-024-08458-x
3. Thurfjell H, Laikre L, Ekblom R, Hoban S, Sjögren-Gulve P. Practical application of indicators for genetic diversity in CBD post-2020 global biodiversity framework implementation. *Ecol Indic*. 2022;142:109167. doi:https://doi.org/10.1016/j.ecolind.2022.109167
4. Pinto A V, Hansson B, Patramanis I, Morales HE, van Oosterhout C. The impact of habitat loss and population fragmentation on genomic erosion. *Conservation Genetics*. 2024;25(1):49–57. doi:10.1007/s10592-023-01548-9
5. Calderón AP, Landaverde-Gonzalez P, Wultsch C, Foster R, Harmsen B, Figueroa O, et al. Modelling jaguar gene flow in fragmented landscapes offers insights into functional population connectivity. *Landsc Ecol*. 2024;39(2):12. doi:10.1007/s10980-024-01795-2
6. Dussex N, Jansson I, van der Valk T, Packer C, Norman A, Kissui BM, et al. Constraints to gene flow increase the risk of genome erosion in the Ngorongoro Crater lion population. *Commun Biol*. 2025;8(1):640. doi:10.1038/s42003-025-07986-0
7. Khan A, Patel K, Shukla H, Viswanathan A, van der Valk T, Borthakur U, et al. Genomic evidence for inbreeding depression and purging of deleterious genetic variation in Indian tigers. *Proceedings of the National Academy of Sciences*. 2021;118(49):e2023018118. doi:10.1073/pnas.2023018118
8. Merenlender AM, Keeley ATH, Hilty JAJA, Merenlender AM, Keeley ATH, Hilty JA. Ecological corridors for which species? *Therya*. el 30 de enero de 2022;13(1):45–55. doi:10.12933/therya-22-1162
9. Sun W, Zhang E, Zhao Y, Wu Z, Chen W, Wang Y, et al. Conservation priority corridors enhance the effectiveness of protected area networks in China. *Commun Earth Environ*. mayo de 2025;6. doi:10.1038/s43247-025-02227-y
10. Keeley A, Fremier A, Goertler P, Huber P, Sturrock A, Bashevkin S, et al. Governing Ecological Connectivity in Cross-Scale Dependent Systems. *Bioscience*. mayo de 2022;72. doi:10.1093/biosci/biab140
11. Zhou X, Shen D, Gu X. Influences of Land Policy on Urban Ecological Corridors Governance: A Case Study from Shanghai. *Int J Environ Res Public Health*. mayo de 2022;19:9747. doi:10.3390/ijerph19159747
12. Ríos-Alvear G, Meneses P, Ortega-Andrade HM, Santos C, Muzo A, López KG, et al. Key connectivity areas in the Llanganates-Sangay Ecological Corridor in Ecuador: A participative multicriteria analysis based on a landscape species. *Landsc Urban Plan*. 2024;246:105039. doi:https://doi.org/10.1016/j.landurbplan.2024.105039
13. Garzon-Lopez CX, Miranda A, Moya D, Andreo V. Remote sensing biodiversity monitoring in Latin America: Emerging need for sustained local research and regional collaboration to achieve global goals. *Global Ecology and Biogeography*. John Wiley and Sons Inc; 2024. doi:10.1111/geb.13804
14. Madelaire CB, Pereira AF, Sestelo AJ, Bom-Conselho AP, Vaj C, Mosalve FC, et al. Advancing Wildlife Conservation Through Biobanking in South America. *Animals*. Multidisciplinary Digital Publishing Institute (MDPI); 2025. doi:10.3390/ani15223261

15. Martinelli Marín D, Lasso CA, Caballero Gaitan SJ. eDNA metabarcoding: an effective tool for vertebrate diversity studies in the Colombian Amazon and Orinoco basins. *Front Ecol Evol.* 2024;Volume 12-2024. doi:10.3389/fevo.2024.1409296
16. Jijón G, Errigo IM, Wicks J, Goldston NN, Davis L, Davis D, et al. Comparing morphological and DNA-based bioassessment methodologies for macroinvertebrates in Neotropical streams: a case study from Ecuador. *Metabarcoding Metagenom.* 2025;9:107–27. doi:10.3897/mbmg.9.138172
17. Cueva DF, Zug R, Pozo MJ, Molina S, Cisneros R, Bustamante MR, et al. Evidence of population genetic structure in Ecuadorian Andean bears. *Sci Rep.* 2024;14(1):2834. doi:10.1038/s41598-024-53003-5
18. Escobar-Camacho D, Valdiviezo-Rivera J, Carrillo-Moreno C, Argüello P, Swing K. Exceptional concentration of fish diversity in Yasuní National Park, Ecuador (Napo River Basin). *Biodivers Data J.* 2025;13:e136476. doi:10.3897/BDJ.13.e136476
19. Escobar Camacho Daniel AND Barragán KSANDGJMANDGGANDEAC. New records of native and introduced fish species in a river basin of Western Ecuador, the Chocó-Darien Ecoregion, using DNA barcoding. *PLoS One.* mayo de 2024;19(3):1–17. doi:10.1371/journal.pone.0298970
20. Quilumbaquin W, Carrera-Gonzalez A, der heyden C, Ortega-Andrade HM. Environmental DNA and visual encounter surveys for amphibian biomonitoring in aquatic environments of the Ecuadorian Amazon. *PeerJ.* julio de 2023;11:e15455. doi:10.7717/peerj.15455
21. Langhammer PF, Bull JW, Bicknell JE, Oakley JL, Brown MH, Bruford MW, et al. The positive impact of conservation action. *Science* (1979). 2024;384(6694):453–8. doi:10.1126/science.adj6598
22. van der Valk T, Dalén L. From genomic threat assessment to conservation action. *Cell.* el 29 de febrero de 2024;187(5):1038–41. doi:10.1016/j.cell.2024.01.038
23. Heuertz M, Carvalho SB, Galindo J, Rinkevich B, Robakowski P, Aavik T, et al. The application gap: Genomics for biodiversity and ecosystem service management. *Biol Conserv.* 2023;278:109883. doi:https://doi.org/10.1016/j.biocon.2022.109883
24. Theissinger K, Fernandes C, Formenti G, Bista I, Berg PR, Bleidorn C, et al. How genomics can help biodiversity conservation. *Trends in Genetics.* el 1 de julio de 2023;39(7):545–59. doi:10.1016/j.tig.2023.01.005
25. Willi Y, Kristensen TN, Sgrò CM, Weeks AR, Ørsted M, Hoffmann AA. Conservation genetics as a management tool: The five best-supported paradigms to assist the management of threatened species. *Proceedings of the National Academy of Sciences.* 2022;119(1):e2105076119. doi:10.1073/pnas.2105076119
26. Pegueroles C, Pascual M, Carreras C. Going beyond a reference genome in conservation genomics. *Trends Ecol Evol.* el 1 de enero de 2024;39(1):13–5. doi:10.1016/j.tree.2023.11.009
27. Neaves LE, Brockett BM, Evans MJ, Pierson JC, Sarre SD. Technological advances have enhanced and expanded conservation genomics research but are yet to be integrated fully into biodiversity management. *Biol Conserv.* 2024;299:110788. doi:https://doi.org/10.1016/j.biocon.2024.110788

28. Quimis Gómez AJ, Rivas CA, González-Moreno P, Navarro-Cerrillo RM. Forest Plantations in Manabí (Ecuador): Assessment of Fragmentation and Connectivity to Support Dry Tropical Forests Conservation. *Applied Sciences* (Switzerland). el 1 de junio de 2023;13(11). doi:10.3390/app13116418
29. Rivas CA, Guerrero-Casado J, Navarro-Cerrillo RM. Functional connectivity across dominant forest ecosystems in Ecuador: A major challenge for a country with a high deforestation rate. *J Nat Conserv*. 2024;78:126549. doi:https://doi.org/10.1016/j.jnc.2023.126549
30. Jaramillo Coronel LJ, Mancheno Herrera AC, Guzmán Guaraca AC, Mollocana Lara JG. Analysis and prediction of land use/land cover change in the Llanganates-Sangay Connectivity Corridor by 2030. *La Granja*. el 28 de febrero de 2025;41(1):11–32. doi:10.17163/lgr.n41.2025.01
31. Diseño de corredores ecológicos para el oso de anteojos en el nororiente del Ecuador utilizando modelamiento matemático. *NOVASINERGIA REVISTA DIGITAL DE CIENCIA, INGENIERÍA Y TECNOLOGÍA*. el 2 de julio de 2025;8(2):6–31. doi:10.37135/ns.01.16.01
32. Pablo Reyes-Puig J, Reyes-Puig C, Pacheco-Esquivel J, Recalde S, Recalde F, Recalde D, et al. First insights in terrestrial mammals monitoring in the Candelaria and Machay Reserves in the Ecuadorian Tropical Andes. *Biodivers Data J*. 2023;11:e98119. doi:10.3897/BDJ.11.e98119
33. Gostel MR, Kress WJ. The Expanding Role of DNA Barcodes: Indispensable Tools for Ecology, Evolution, and Conservation. *Diversity* (Basel). 2022;14(3). doi:10.3390/d14030213
34. Nagel M, Pence V, Ballesteros D, Lambardi M, Popova E, Panis B. Plant cryopreservation: Principles, applications, and challenges of banking plant diversity at ultralow temperatures. *Annu Rev Plant Biol*. 2024;75:797–824. doi:10.1146/annurev-arplant-070623-103551
35. Pence VC, Meyer A, Linsky J, Gratzfeld J, Pritchard HW, Westwood M, et al. Defining exceptional species—A conceptual framework to expand and advance ex situ conservation of plant diversity beyond conventional seed banking. *Biol Conserv*. 2022;266:109440. doi:10.1016/j.biocon.2021.109440
36. Lee H. Ex situ conservation efforts for plant diversity protection with a focus on seeds. *Open Agric J*. 2023;17:e187433152307250. doi:10.2174/18743315-v17-230822-2023-1538.
37. Aryakia E. Cryobanking of rare and endangered plant species: Key propagules and genetic stability assessments. *J Nat Conserv*. 2025;84:126844. doi:10.1016/j.jnc.2025.126844
38. Paredes J, Noh JK, Aguirre N, Youn Y-C, Cuenca P. Assessment of forest fragmentation in the REDD+ priority zones using two land use/land cover (LULC) sources in the tropical Andean landscape of Ecuador. *PLoS One*. 2026;21(2):e0342476. doi:10.1371/journal.pone.0342476.
39. Chuctaya J, Shibatta OA, Encalada AC, Barragán KS, Torres MdL, Rojas E, et al. Rediscovery of *Rhyacoglanis pulcher* (Boulenger, 1887) (Siluriformes: Pseudopimelodidae), a rare rheophilic bumblebee catfish from Ecuadorian Amazon. *PLoS One*. 2023;18(7):e0287120. doi:10.1371/journal.pone.0287120.
40. Ministerio del Ambiente del Ecuador. Conectividad de los ecosistemas de Ecuador continental. Quito: Ministerio del Ambiente; 2017. Disponible en: https://snmb.ambiente.gob.ec/snmb/files/ConectividadEcosistemas_Oct2017.pdf

41. World Wildlife Fund. Marco de gestión ambiental y social: Corredores de conectividad en dos paisajes prioritarios en la región amazónica ecuatoriana. Quito: WWF; 2021. Disponible en:
https://files.worldwildlife.org/wwfcmsprod/files/Publication/file/3fgufbjpct_ESMF_Ecuador_ASF_FINAL.pdf