

Pontificia Universidad Católica del Ecuador

Maestría en Biología Computacional

Trabajo previo a la obtención del título de Magister en
Biología Computacional:

**Filogenia de Peces de Agua Dulce
del Occidente del Ecuador: Un
Enfoque para la Conservación de la
Biodiversidad**

Autor: Kevin Paúl Chugá Puetate

Director: PhD Francisco Flores

Ecuador, Quito 2025

Agradecimientos

En primer lugar, deseo expresar mi más sincero agradecimiento a mi familia por su apoyo incondicional, paciencia y motivación durante todo este proceso. Sus palabras de aliento y comprensión en los momentos desafiantes fueron fundamentales para culminar este trabajo.

Agradezco profundamente al PhD. Francisco Flores, mi tutor de tesis, por su guía académica y su disponibilidad para compartir conocimientos que enriquecieron no solo este proyecto, sino también mi formación profesional.

Reconozco el invaluable aporte de los técnicos del Laboratorio IDgen, quienes con dedicación me brindaron apoyo en el laboratorio, compartiendo sus enseñanzas técnicas y experiencias que fortalecieron la ejecución práctica de esta investigación.

Mi gratitud se extiende al Museo de Historia Natural Gustavo Orcés V. de la Escuela Politécnica Nacional, en particular al laboratorio de ictiología y a Pablo Argüello, cuyo compromiso, aportes científicos y mentoría fueron esenciales para el desarrollo de este trabajo.

Al Instituto Nacional de Biodiversidad (INABIO), por facilitar los recursos y el respaldo institucional necesario. Destaco la colaboración de Jonathan Valdiviezo y Julio Carrión, cuyas contribuciones técnicas y de información fueron clave en etapas críticas de la investigación.

Finalmente, agradezco al Dr. Nathan Lujan del Royal Ontario Museum por su generosidad al permitirme acceder a información relevante y por sus aportes desde la experiencia internacional, los cuales ampliaron el alcance de este estudio.

A todos, instituciones y personas, mi eterno reconocimiento por hacer posible este logro académico.

Índice

Derechos de autor	¡Error! Marcador no definido.
Aprobación del director del Trabajo de Titulación.....	¡Error! Marcador no definido.
Hoja de evidencia antiplagio.....	¡Error! Marcador no definido.
Agradecimientos.....	i
Índice.....	ii
Índice figuras.....	iii
Índice anexos	iv
Resumen	v
Abstract.....	vi
Introducción.....	1
Objetivos.....	4
Objetivo General.....	4
Objetivos Específicos	5
Metodología	5
Área de estudio.....	5
Datos de distribución de especies.....	7
Extracción de ADN, amplificación por PCR y secuenciación	7
Alineamiento de secuencias y Análisis filogenético	9
Análisis de biodiversidad y priorización de conservación.....	9
Resultados.....	12
Patrones espaciales de diversidad	14
Patrones espaciales de amenazas.....	16
Evaluación de Áreas de Conservación	19
Discusión	21
Patrones biogeográficos y factores determinantes de la diversidad	21
Diversidad filogenética y conservación	24
Implicaciones en la conservación.....	26
Conclusión.....	30
Recomendaciones.....	31
Literatura citada	32
ANEXOS	45

Índice figuras

Fig. 1. Mapa de las cuencas Hidrográficas del occidente del Ecuador.....	6
Fig. 2. Árbol filogenético de las especies de peces del occidente del Ecuador. Las replicaciones de Bootstrap se encuentran sobre las ramas. Los colores representan los órdenes estudiados.	13
Fig. 3. Mapas de la riqueza de especies y endemismo ponderado de los peces del Occidente del Ecuador. La capa de polígonos representa las divisiones que existen entre las cuencas Hidrográficas.	14
Fig. 4. Mapas de la Diversidad Filogenética, Endemismo Filogenético y Distinción Evolutiva de los peces del Occidente del Ecuador. La capa de polígonos representa las divisiones que existen entre las cuencas Hidrográficas.	16
Fig. 5. Mapas de Amenazas (Human Footprint), Endemismo Filogenético Impactado por la Presión Humana (HIPE) y del análisis de Zonation de los peces del Occidente del Ecuador. La capa de polígonos representa las divisiones que existen entre las cuencas Hidrográficas.	17
Fig. 6. Resultados de las correlaciones de Pearson corregidas espacialmente entre riqueza de especies (SR), endemismo ponderado (WE), diversidad filogenética (DF), endemismo filogenético (PE), distinción evolutiva (ED), Endemismo Filogenético Impactado por la Presión Humana (HIPE) y del análisis de Zonation. Diagramas de dispersión de los valores para cada celda de la cuadrícula de la distribución global para cada métrica (división diagonal abajo).....	18
Fig. 7. Priorización de áreas para conservación en las cuencas analizadas según el algoritmo Zonation (CAZ2), mostrando la superposición con el sistema actual de áreas protegidas. A: Cuenca Santiago-Cayapas, B: Cuenca Esmeraldas, C: Cuenca Catamayo, D: Cuenca Guayas y E: Zona Intermarela. Capa de áreas protegidas obtenido de: Geoportal IGM (Geoportal Ecuador, 2017)	20

Índice anexos

ANEXOS	¡Error! Marcador no definido.
ANEXO 1: Especies de estudio	¡Error! Marcador no definido.
ANEXO 2: Mapa de distribución de todas las especies de estudio.....	¡Error! Marcador no definido.
ANEXO 3: Contrato Marco de Acceso a Recursos Genéticos.....	¡Error! Marcador no definido.
ANEXO 4: Resultados HITE	¡Error! Marcador no definido.
ANEXO 5: Curva de análisis Zonation.....	¡Error! Marcador no definido.

Resumen

Ecuador posee una notable diversidad de peces de agua dulce en sus cuencas occidentales, con alto endemismo y linajes evolutivos únicos, amenazados por actividades humanas. Este estudio analizó la diversidad filogenética (DF) mediante secuencias del gen COI en 82 especies, integrando métricas de presión antropogénica (HIPE/HITE) y priorización espacial (Zonation). Las cuencas del Esmeraldas y Santiago-Cayapas mostraron la mayor DF, asociada a microendemismos y linajes antiguos, pero presentan <2% de protección por el Sistema Nacional de Áreas Protegidas y una alta presión humana. La riqueza de especies correlacionó con DF ($r=0.97$), aunque métricas como el endemismo filogenético revelaron áreas únicas ignoradas por enfoques tradicionales. Especies no amenazadas exhibieron riesgo evolutivo alto (HITE), subrayando limitaciones en evaluaciones de conservación. El Sistema Nacional de Áreas Protegidas (SNAP) omite regiones críticas para la biodiversidad acuática, requiriendo integración de criterios filogenéticos. Este enfoque es clave para preservar linajes irremplazables y garantizar resiliencia ecosistémica ante amenazas antrópicas y climáticas.

Palabras clave: Diversidad filogenética, peces continentales, priorización de conservación, presión humana, hotspot de biodiversidad, endemismo evolutivo, Ecuador occidental.

Abstract

Ecuador possesses remarkable freshwater fish diversity in its western basins, characterized by high endemism and unique evolutionary lineages, which are threatened by human activities. This study analyzed phylogenetic diversity (PD) using COI gene sequences from 82 species, integrating metrics of anthropogenic pressure (HIPE/HITE) and spatial prioritization (Zonation). The Esmeraldas and Santiago-Cayapas basins exhibited the highest PD, associated with microendemism and ancient lineages, yet they have <2% protection under the National Protected Areas System (SNAP) and face high human pressure. Species richness correlated with PD ($r=0.97$), though metrics like phylogenetic endemism revealed unique areas overlooked by traditional approaches. Non-threatened species showed high evolutionary risk (HITE), highlighting limitations in conservation assessments. SNAP fails to cover critical regions for aquatic biodiversity, necessitating the integration of phylogenetic criteria. This approach is key to preserving irreplaceable lineages and ensuring ecosystem resilience against anthropogenic and climate threats.

Key words: Phylogenetic diversity, freshwater fishes, conservation prioritization, human pressure, biodiversity hotspot, evolutionary endemism, western Ecuador

Introducción

Debido a su clima único y a su complicado pasado geológico, Ecuador es conocido por su excepcional biodiversidad, que sustenta una amplia gama de ecosistemas y especies, muchas de las cuales son endémicas (Abell et al., 2008; Borchsenius, 1997; Cruz-García et al., 2024; Koo, Kleemann, Cuenca, Noh, & Fürst, 2024; Skov & Borchsenius Skov, 1997). Con 951 especies en ecosistemas continentales e intermareales, los peces de agua dulce constituyen una parte importante de la fauna del país, ocupando el puesto 35 del mundo en cuanto a riqueza total de peces y, dada su reducida superficie terrestre (255.970 km²), tienen la mayor densidad de especies por kilómetro cuadrado del mundo (Aguirre et al., 2021; Barriga, 2012). La cordillera de los Andes, que separa Ecuador en dos grandes zonas hidrográficas con características ecológicas y faunísticas únicas, tiene un impacto significativo en la riqueza ictiológica del país (UICN, 2009). Mientras que las cuencas occidentales destacan por su alto nivel de endemismo, la región amazónica alberga grupos increíblemente diversos (Barriga, 2012; Jiménez-Prado et al., 2015; van der Sleen & Albert 2018).

Paradójicamente, existe una discrepancia asombrosa entre la atención académica prestada a este grupo de vertebrados y su importancia biológica. Los peces continentales se encuentran entre los taxones menos estudiados y más amenazados (Aguirre et al., 2021), a pesar de su papel ecológico crucial en la distribución de semillas, la gestión de plagas y el reciclaje de nutrientes (McIntyre et al., 2008; Miranda & Miqueleiz, 2021; Sajina, Sudheesan, Lohith Kumar, & M, 2021; Sangeetha & Sajina, 2021; Vanni, 2002; Xu, Jørgensen, & Tao, 1999). Sumado a las amenazas, numerosas especies en Ecuador están en peligro de extinción debido a la grave degradación de sus hábitats causada por el desarrollo de infraestructuras, la contaminación industrial y la expansión agrícola (Aguirre et al., 2021; Cuesta et al., 2017). Estos riesgos son especialmente graves en las cuencas hidrográficas de la vertiente occidental, como el Chocó ecuatoriano, donde se ha perdido el 61% de la cubierta natural debido a las actividades extractivas históricas (Finer & Mamani, 2019), lo que indica un cambio drástico en el terreno (Aguirre et al., 2021; Navarrete-Amaya, Shervette, Vélez, & Aguirre, 2021).

La pérdida de hábitat y debido a diseños que no tomaron en cuenta factores técnicos o biogeográficos, los programas de conservación actuales, como el Sistema Nacional de Áreas Protegidas (SNAP), no han podido salvaguardar eficazmente a la ictiofauna (Cuesta et al., 2017; Horacio-Zambrano, 2015). Dado que los peces de agua dulce no se consideraron un grupo clave en los análisis de priorización de áreas protegidas (Cuesta et al., 2017). Estos efectos se ven agravados por la desactualización de los datos científicos, la falta de instalaciones de investigación especializadas y las lagunas legislativas en materia de conservación acuática (Aguirre et al., 2021; Cuesta et al., 2017; Navarrete-Amaya et al., 2021).

Ante esta situación, la conservación de los ecosistemas de agua dulce necesita urgentemente estrategias innovadoras que incorporen técnicas integradoras entre las especies y sus historias naturales. En vista de ello, la diversidad filogenética (DF), que mide el grado de historia evolutiva que comparten las especies de una comunidad (Faith, 1992) basándose en sus relaciones filogenéticas (Gumbs et al., 2020; Rodrigues & Gaston, 2002) se convierte en una herramienta potencialmente útil. Según Rodrigues & Gaston, (2002) y Winter, Devictor, & Schweiger (2013), este método permite identificar linajes distintos o antiguos que son esenciales para la estabilidad del ecosistema y no pueden ser sustituidos en caso de extinción.

Cuando se trata de priorizar áreas de conservación, la diversidad filogenética (DF) ha superado a los métodos convencionales que se basan únicamente en la riqueza de especies. En plantas, Daru et al. (2019) encontraron Hotspots evolutivos en lugares tropicales pasados por alto por las métricas tradicionales, mientras que Davis (2018) utilizó la DF para conservar linajes de aves distintos en entornos insulares. Estos resultados se alinean con investigaciones pioneras en peces, Strecker, Olden, Whittier, & Paukert (2011) descubrieron que las prioridades definidas por el DF, la taxonomía y el funcionamiento del río Colorado eran congruentes en un 75 %, lo que confirma el valor integrador del sistema. Además de optimizar las medidas de conservación, el DF identifica lagunas en áreas infravaloradas en las que las métricas tradicionales se quedan cortas, como los corredores ribereños o los humedales (Faith & Baker, 2007; Gumbs et al., 2020).

La DF también ofrece ventajas a la hora de captar la profundidad histórica de la diversidad biológica y proporcionar una medida más exhaustiva de la biodiversidad en comparación con los enfoques puramente taxonómicos (Karanth, Gautam, Arekar, & Divya, 2019; Matten et al., 2023; Voskamp, Baker, Stephens, Valdes, & Willis, 2017). Además, las comunidades con alta DF tienden a ser más resilientes al cambio ambiental, ya que incluyen especies con funciones ecológicas únicas y una amplia gama de adaptaciones evolutivas (Cadotte, Dinnage, & Tilman, 2012; Voskamp et al., 2017). Por otro lado, aquellas que albergan linajes evolutivos antiguos no solo son importantes para la estabilidad ecológica, sino que también representan una fuente de información inestimable para futuros estudios evolutivos y genéticos (Karanth et al., 2019). Por último, este enfoque también es crucial en un escenario de cambio climático, ya que la adaptabilidad de los ecosistemas dependerá en gran medida de la diversidad funcional y evolutiva contenida en sus especies (Gumbs et al., 2020; Winter et al., 2013).

Se ha demostrado que la combinación de DF y riqueza de especies permite descubrir patrones ocultos de biodiversidad que no son visibles cuando se examina solo una métrica (Karanth et al., 2019; Voskamp et al., 2017). Por ejemplo, Faith & Baker (2007), afirman que se debe dar prioridad a las regiones con alta DF pero baja riqueza de especies porque la historia evolutiva acumulada se vería significativamente disminuida si desapareciera incluso un pequeño número de especies. Además, al incorporar la presión antropogénica a la evaluación de la singularidad evolutiva, medidas como el Endemismo Filogenético Impactado por la Presión Humana (HIPE) y el Índice de Endemismo Terminal Impactado por la Presión Humana (HITE) amplían esta metodología (Gumbs et al., 2020).

HIPE prioriza las regiones donde la variedad evolutiva esencial coexiste con riesgos significativos cuantificando el impacto de las perturbaciones humanas en la distribución de linajes filogenéticos distintos (Gumbs et al., 2020). HITE, por su parte, descubre riesgos evolutivos latentes incluso en taxones que no están clasificados como amenazados al identificar especies con linajes terminales distintos (alta distintividad evolutiva) que viven en regiones con una presión humana significativa (Gumbs et al., 2020). Junto con algoritmos de priorización

espacial como Zonation, que maximiza la conservación de la biodiversidad seleccionando áreas clave en función de criterios multicapa, estas métricas permiten diseñar estrategias de conservación que protegen la historia evolutiva y la riqueza taxonómica en entornos con un creciente impacto humano (Moilanen, Kujala, & Leathwick, 2009). Al garantizar una mayor representatividad y eficacia en la conservación de la biodiversidad acuática, este enfoque integrado tiene el potencial de revolucionar el diseño de las áreas protegidas.

En Ecuador, donde los ecosistemas acuáticos -especialmente en la vertiente del Pacífico- se enfrentan a presiones antropogénicas críticas (Aguirre et al., 2021), la diversidad filogenética (DF) emerge como una herramienta clave para redefinir las prioridades de conservación. Esta región alberga linajes únicos y altamente endémicos (ej: *Phenacobrycon henni* y *Ichthyoelephas humeralis*), cuyas historias evolutivas representan ramas irremplazables del árbol de la vida, muchas de las cuales están ausentes en áreas actualmente protegidas. A diferencia de la Amazonía, donde la riqueza taxonómica domina los análisis, la vertiente del Pacífico destaca por su singularidad evolutiva, con niveles de endemismo de peces que superan el 40% (Jiménez-Prado et al., 2015). Integrar la DF con métricas tradicionales y contextos socioambientales locales permitiría no solo cerrar brechas en estrategias como el SNAP, sino también salvaguardar estos linajes únicos y los servicios ecosistémicos que sustentan. Este estudio propone aplicar la DF para identificar áreas prioritarias de conservación en las cuencas occidentales de Ecuador, combinando criterios evolutivos y de presión humana, con el fin de optimizar la protección de una biodiversidad acuática irrepetible y críticamente amenazada.

Objetivos

Objetivo General

Analizar la filogenia de los peces de agua dulce del occidente del Ecuador utilizando secuencias del gen mitocondrial de la Subunidad I del Citocromo Oxidasa (COI), con el fin de aportar información clave para la conservación de la biodiversidad en esta región.

Objetivos Específicos

- Inferir árboles filogenéticos de máxima verosimilitud de las especies de peces del occidente del Ecuador utilizando secuencias del gen mitocondrial COI.
- Evaluar la diversidad filogenética y riqueza de las especies de peces del occidente del Ecuador.
- Identificar áreas geográficas prioritarias para la conservación de los peces del occidente del Ecuador.

Metodología

Área de estudio

El hotspot de biodiversidad Magdalena-Chocó-Tumbes, que incluye la vertiente occidental de Ecuador, es un área prioritaria para la conservación a nivel mundial por su alto endemismo y variedad biológica (Briand & Carret, 2012; Justicia, 2007). El Chocó húmedo, que se extiende desde el norte de Esmeraldas hasta el centro-sur de Manabí, y la región tumbesina, que va desde el sur de Manabí hasta la provincia de El Oro, son las dos principales provincias biogeográficas que conforman esta región (Jiménez-Prado et al., 2015). Estas regiones presentan gradientes climáticos divergentes, que van desde bosques secos con marcada estacionalidad en la región tumbesina hasta bosques tropicales húmedos en el Chocó con precipitaciones anuales superiores a los 3.000 mm (Aguirre et al., 2021; Sierra, 2013).

Las cuencas pericontinentales independientes que incluyen Santiago-Cayapas, Esmeraldas, Catamayo y Guayas, que desembocan directamente en el Océano Pacífico, están incluidas en la región de investigación (Fig. 1). Debido a su aislamiento histórico provocado por el levantamiento de la Cordillera de los Andes, estas cuencas -que Barriga (2012) clasificó como zonas ictiohidrográficas- albergan comunidades de peces distintivas (Albert, Val, & Hoorn, 2018; Anderson & Maldonado-Ocampo, 2011; Dodson & Gentry, 1978, 1991; Escobar Camacho, Barragán, Guayasamin, Gavilanes, & Encalada, 2024; Navarrete-Amaya et al., 2021).

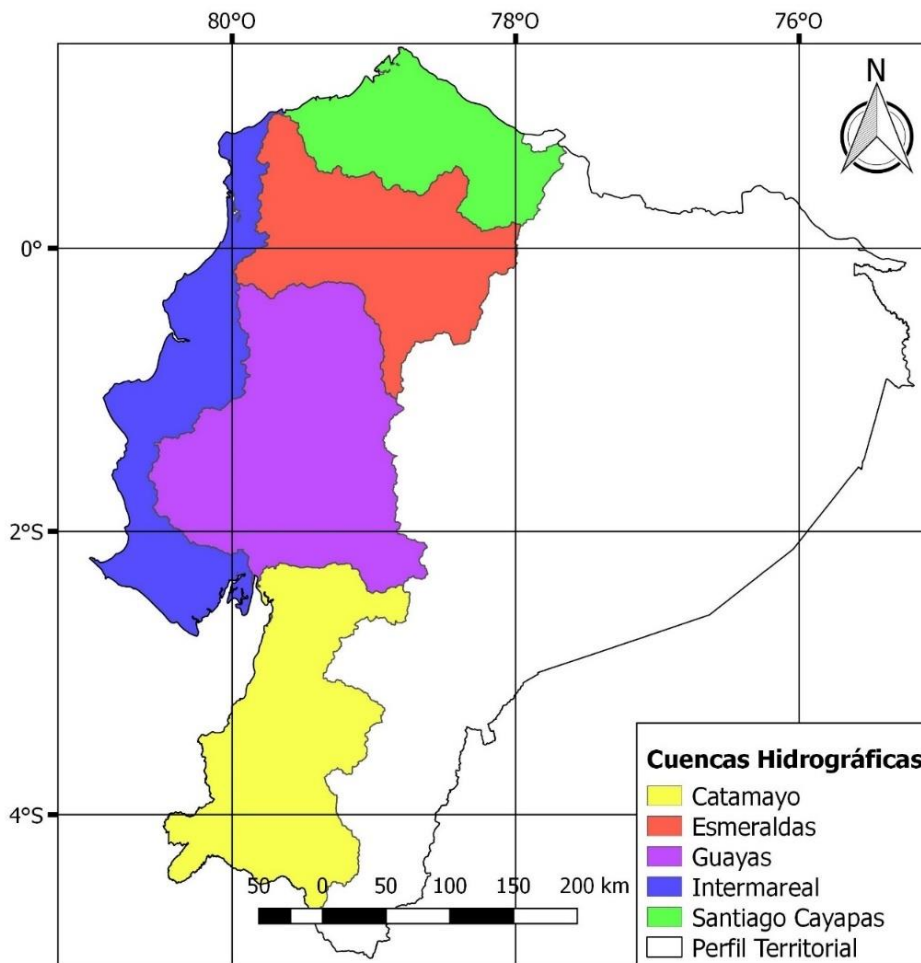


Fig. 1. Mapa de las cuencas Hidrográficas del occidente del Ecuador

La heterogeneidad del hábitat se organiza en distintas zonas altitudinales: los bosques secos de Tumbes, adaptados a las sequías estacionales, se extienden en el suroeste, mientras que las selvas tropicales con gran diversidad acuática dominan en las tierras bajas del Chocó (<500 msnm). Restos de vegetación original, como matorrales montanos, se pueden encontrar en las estribaciones andinas (500–2000 msnm), afectadas de zonas agrícolas y de plantaciones (Sierra, 2013). Las presiones antropogénicas como la fragmentación del hábitat, la contaminación del agua y la introducción de especies invasoras son causadas por el hecho de que el 65% de la población de Ecuador vive en el occidente del país, que incluye ciudades importantes como Quito, Guayaquil, Manta y Machala (Aguirre et al., 2021). El aislamiento geográfico y la diversidad ambiental respaldan áreas importantes para la conservación de especies acuáticas endémicas a pesar de estas preocupaciones.

Datos de distribución de especies

La identificación taxonómica de las especies se llevó a cabo mediante literatura especializada del área de estudio (Barriga, 1991, 1994, 2012; Jiménez-Prado et al., 2015), así como publicaciones especializadas en sistemática y taxonomía (Francisco & Ramiro, 2017; Lujan, Meza-Vargas, Astudillo-Clavijo, Barriga-Salazar, & López-Fernández, 2015; Román-Valencia, Ruiz-C, Taphorn B, Jiménez-Prado, & García-Alzate, 2015; Tobes, Falconí-López, Valdiviezo-Rivera, & Provenzano-Rizzi, 2020). Además, se actualizó la nomenclatura usando la base de datos *Eschmeyer's Catalog of Fishes* de la California Academy of Sciences (Fricke, Eschmeyer, & Van der Laan, 2024) (ANEXO 1).

De las 111 especies nativas registradas en el occidente de Ecuador, 82 cuentan con datos moleculares y de distribución, los cuales se incluyen en este artículo. Para cinco de las 82 especies, se obtuvieron muestras de tejido con el fin de extraer ADN y realizar su secuenciación. Además, se incorporaron 10 secuencias inéditas provenientes del Royal Ontario Museum (ROM). El resto de las secuencias provienen de las bases de datos del NCBI (NCBI 2025) y BOLD (Ratnasingham & Hebert, 2007) (ANEXO 1).

Para todas las especies, se recopiló los registros geográficos de los repositorios digitales como GBIF (GBIF 2025) y UICN (IUCN 2024), publicaciones científicas Tonella et al. (2023), e instituciones que disponen de bases de datos digitales ROM, Instituto Nacional de Biodiversidad (INABIO) y del Museo de Historia Natural "Gustavo Órces V." (MEPN) (ANEXO 2). Para la depuración de los registros del GBIF, se ejecutó un proceso estandarizado comprendido en tres etapas: (1) Excluir todos los datos provenientes de plataformas de ciencia ciudadana (ej. iNaturalist) para evitar sesgos por identificación taxonómica incierta; (2) Eliminar los registros con incertidumbre geográfica superior a 1 km; y (3) Verificar la congruencia espacial de cada registro con los rangos de distribución reportados en Jiménez-Prado et al. (2015), descartando puntos fuera de las áreas conocidas para cada especie.

Extracción de ADN, amplificación por PCR y secuenciación

La extracción de ADN se realizó en base al método CTAB de Yi, Jin, Yuan, & Fang (2018), modificado para muestras de tejido de peces mediante ajustes en

la concentración de reactivos. Se empleó la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) para amplificar secuencias parciales del gen de la Subunidad I de la Citocromo Oxidasa (COI) utilizando los cebadores FishF1 (5'-TCAACCAACCACAAAGACATTGGCAC-3') y FishR1 (5'-TAGACTTCTGGGTGGCCAAAGAATCA-3') (Ward, 2009). Las reacciones de PCR se realizaron en un volumen total de 12.5 μ L, añadiendo 8.55 μ L de agua destilada, 1.25 μ L de tampón (10X), 0.5 μ L de MgCl₂ (50 mM), 0.5 μ L de trifosfato de desoxirribonucleótido (10 mM), 0.25 μ L de cada cebador (200 ng/mL), 0.2 μ L de la enzima ADN polimerasa (5 U/ μ L) y 1 μ L de ADN (200 ng/ μ L). El programa de amplificación consistió en una desnaturalización inicial (94°C durante 5 min), seguida de 25 ciclos (94°C durante 45 s, 54°C durante 45 s y 68°C durante 1 min), con una extensión final de 68°C durante 7 min. Los productos de PCR se visualizaron en electroforesis en gel de agarosa al 1%.

Los amplicones se secuenciaron en un minION mk1c utilizando celdas de flujo Flongle R10.4.1 y el kit de codificación de barras rápida 96 V14 (SQK-RBK114.96). Se utilizó Dorado 7.3.11 para demultiplexar las lecturas (HAC) llamadas base. Utilizando las lecturas fastq, se generaron secuencias de consenso mediante NGSspeciesID (Sahlin, Lim, & Prost, 2021). Según Vasiljevic et al. (2021), las secuencias de consenso deberían diferir de Sanger en un 0,00-0,04 %, lo cual es insuficiente para tener un impacto en un estudio filogenético sólido. Por último, se utilizó un script de Python personalizado disponible en Zenodo para automatizar la gestión de archivos FASTQ, la formación de consenso y la posterior gestión, renombrado y concatenación de archivos FASTA (Carrión-Olmedo, 2024).

Los procedimientos de secuenciación se realizaron conforme a la legislación ecuatoriana, en particular al "Contrato Marco de Acceso a los Recursos Genéticos del Proyecto de Investigación Científica Denominado: "Análisis Moleculares de las Colecciones de Vertebrados Depositadas en el Museo de Historia Natural "Gustavo Orcés V" celebrado entre el Ministerio del Ambiente, Agua y Transición Ecológica, a través de la Subsecretaría de Patrimonio Natural; y la Escuela Politécnica Nacional" (MAATE-DBI-CM-2022-0262) (ANEXO 3).

Alineamiento de secuencias y Análisis filogenético

Se utilizó BioEdit v.7.0.9 (Hall, 1999) para modificar las secuencias y el algoritmo MAFFT para alinearlas (Kato, 2002). Se estimó un árbol de máxima verosimilitud en W-IQ-TREE

(<http://iqtree.cibiv.univie.ac.at/?user=quest&jobid=230808020325>)

(Trifinopoulos, Nguyen, von Haeseler, & Minh, 2016) utilizando el modelo evolutivo TIM2+F+I+G4 (LogL - 15119.6633) con 1000 réplicas de Bootstrap y se usaron las secuencias de las especies *Salmo trutta* y *Oncorhynchus mykiss* como grupo externo en el análisis (ANEXO 1).

Análisis de biodiversidad y priorización de conservación

Toda la región de investigación se dividió en una cuadrícula de 10 × 10 km según lo recomendado por Aguilar-Tomasini, Martin, & Speed (2021), además, se delinearón las diversas cuencas del occidente del Ecuador utilizando datos hidrográficos del Geportal IGM (Geportal Ecuador, 2017) e HydroSHED (Lehner et al., 2021). Se utilizaron los paquetes “sf” (Pebesma, 2018), “raster” (Hijmans, 2023), “exactextractr” (Bastin, 2023), “ape” (Paradis et al., 2024), “picante” (Kembel et al., 2014), “sp” (Pebesma & Bivand, 2013), “dplyr” (Yarberry, 2021), “tidyr” (Wickham, Vaughan, & Girlich, 2024) y “Spatialpack” (Osorio, Vallejos, & Cuevas, 2016) para todos los análisis de las distintas métricas. Además, se realizó una corrección de Bonferroni para pruebas múltiples y una corrección de Pearson para autocorrelación espacial, esto permitió evaluar las conexiones entre las distintas evaluaciones y proporcionar una aproximación de la precisión con la que estos índices representan patrones de biodiversidad comparables. Todos los cálculos relacionados con la biodiversidad se llevaron a cabo en el entorno R (R Core Team, 2020). Se utilizó QGIS para crear los mapas finales (QGIS 2025).

Riqueza de especies (SR). – se calculó como el número de especies encontradas en cada celda de la cuadrícula (Vargas-Amado et al., 2013). Una mayor diversidad taxonómica se indica mediante valores más altos, lo que indica ecosistemas que favorecen el crecimiento de varias especies.

Criterio de endemismo ponderado (WE). – la métrica de endemismo ponderado se utilizó para cuantificar la riqueza de especies en base a su rango

de distribución, de acuerdo con los criterios establecidos por Roll et al. (2017) y D. Rosauer, Laffan, Crisp, Donnellan, & Cook (2009). Al ponderar la contribución de cada especie según su distribución geográfica, esta métrica permite evaluar el endemismo con mayor precisión y ofrece una aproximación más fiable de la singularidad biogeográfica de las especies en el área de estudio. Las regiones con alta concentración de endemismo se priorizan para la conservación.

Diversidad filogenética (DF). - utilizando el método sugerido por Faith (1992), para mapear los patrones espaciales de DF en la cuadrícula, se extrajo el subárbol que contiene todas las especies presentes en cada celda y se sumaron las longitudes de todas las ramas entre el nodo raíz y las puntas terminales. En el caso de celdas que contengan una única especie, la DF es equivalente a la longitud de su rama terminal del árbol original. Las longitudes de las ramas fueron calibradas en unidades de tiempo, lo que permitió que los valores de DF representen la historia evolutiva acumulada en cada celda (Gumbs et al., 2020).

Dado que muchas especies en el estudio presentaron rangos de distribución restringidos y, por lo tanto, un mayor riesgo de extinción (Böhm et al., 2016; Cardillo et al., 2005), se evaluó la señal filogenética del tamaño del rango de distribución utilizando Pagel's lambda (Pagel, 1999). Con valores cercanos a 1 que indican una alta restricción filogenética y valores cercanos a 0 que indican una distribución aleatoria del rasgo en el árbol filogenético, esta métrica nos permitió medir el grado de conservación del tamaño del rango a lo largo de la filogenia.

Endemismo Filogenético (PE) y Distinción Evolutiva (ED). - el endemismo filogenético (PE) y la distintividad evolutiva (ED), dos medidas derivadas de la diversidad filogenética (DF), se calcularon para evaluar los patrones evolutivos en el área de investigación. Ambas medidas dispersan la DF entre las celdas de la cuadrícula, aunque adoptan diferentes enfoques metodológicos. La magnitud del análisis es la principal distinción entre la PE y la ED. La PE considera la superposición regional de linajes, evaluando la DF en un contexto espacial claro, mientras que la ED evalúa la singularidad evolutiva de cada especie sin considerar su distribución geográfica. Estas métricas facilitaron la identificación de lugares prioritarios para la conservación al evaluar la posible pérdida de diversidad evolutiva ante diversos escenarios evolutivos (Gumbs et al., 2020).

Las regiones con linajes distintivos y regionalmente limitados se destacan por sus altos valores en ambas medidas.

Patrones espaciales de amenazas. - para tener en cuenta el impacto de la presión humana en la conservación filogenética, se calculó el Endemismo Filogenético Impactado por la Presión Humana (HIPE). Según el procedimiento sugerido por Gumbs et al., (2020), la contribución de cada celda a la DF de una rama se ajusta inversamente de forma específica según su el índice de Huella Humana (es decir, cuanto mayor sea el índice de huella humana en una celda, menor será su peso en la redistribución de la DF). Venter et al. (2016) ofrecen el índice de Huella Humana, que utiliza ocho variables (entornos construidos, tierras de cultivo, pastizales, densidad de población humana, iluminación nocturna, ferrocarriles, carreteras y vías fluviales) que van de 0 (baja presión) a 50 (alta presión). Se utilizó QGIS para convertir los datos ráster originales del índice de huella humana (resolución: 1 km²) en una cuadrícula poligonal (shapefile) de 10 × 10 km, asignando a cada celda el valor HIPE más alto que se pudo encontrar dentro de sus límites. Esta estrategia evitó subestimar los riesgos localizados al priorizar las partes de cada celda con la presión humana más fuerte. Los valores altos de HIPE priorizan las necesidades de restauración porque muestran una diversidad filogenética irremplazable en lugares altamente vulnerables.

El riesgo de perder la historia evolutiva distintiva de una especie debido a presiones antropogénicas se midió mediante el Índice de Endemismo Terminal Impactado por la Presión Humana (HITE). Se aplicó el procedimiento de Gumbs et al., (2020) donde el grado de presión humana dentro del área de distribución de cada especie se utilizó para evaluar su HITE, priorizando las especies con linajes evolutivos distintos y distribuciones limitadas en áreas gravemente afectadas.

Para evaluar las variaciones en la distribución de HITE según el estado de conservación de las especies, se compararon los valores de HITE obtenidos con las categorías de la Lista Roja de la UICN (<https://www.iucnredlist.org/es>) mediante pruebas estadísticas como ANOVA y la prueba de Tukey (HSD). Con este método, se identificaron especies con un riesgo evolutivo significativo, incluyendo aquellas con clasificaciones de Datos Deficientes cuyos valores de

HITE eran similares a los de especies amenazadas, como En Peligro o Vulnerables.

Evaluación de Áreas de Conservación. – las áreas con alto potencial de conservación se evaluaron y priorizaron utilizando el software de Zonation (Moilanen et al., 2009). El programa empleó el algoritmo CAZ2 (Core Area Zonation), creado específicamente para priorizar regiones con linajes evolutivos únicos amenazados, maximizar la preservación de características paisajísticas distintivas e identificar ubicaciones con alta biodiversidad irremplazable (Moilanen et al., 2009). Cada celda del paisaje se somete a un estudio iterativo con este algoritmo, que determina las áreas de mayor importancia para la conservación con base en los hallazgos de todas las investigaciones, siendo el análisis HIPE el más significativo. Con base en criterios preestablecidos, se identificaron las celdas con menor pérdida de valor y se estableció una prioridad de conservación optimizando la representación de estas métricas en todo el paisaje. Para identificar las brechas de conservación, se incorporó un análisis geográfico que incorpora las áreas protegidas existentes.

Resultados

El conjunto de datos moleculares final incluyó 82 secuencias, lo que representa el 73.87% de todas las especies registradas en el Ecuador occidental. 15 de estas secuencias formaban parte del repositorio no liberado del ROM o fueron generadas para el presente estudio. La alineación del locus COI tuvo una longitud de 957 pares de bases (pb). El árbol filogenético obtenido estuvo, en general, bien resuelto, con agrupaciones correspondientes a los órdenes esperados (Fig. 2). Sin embargo, el orden Acanthuriformes se recuperó como polifilético, lo que podría atribuirse a limitaciones intrínsecas del gen COI para resolver relaciones profundas en este grupo. Sin embargo, esto no afectó en los análisis posteriores.

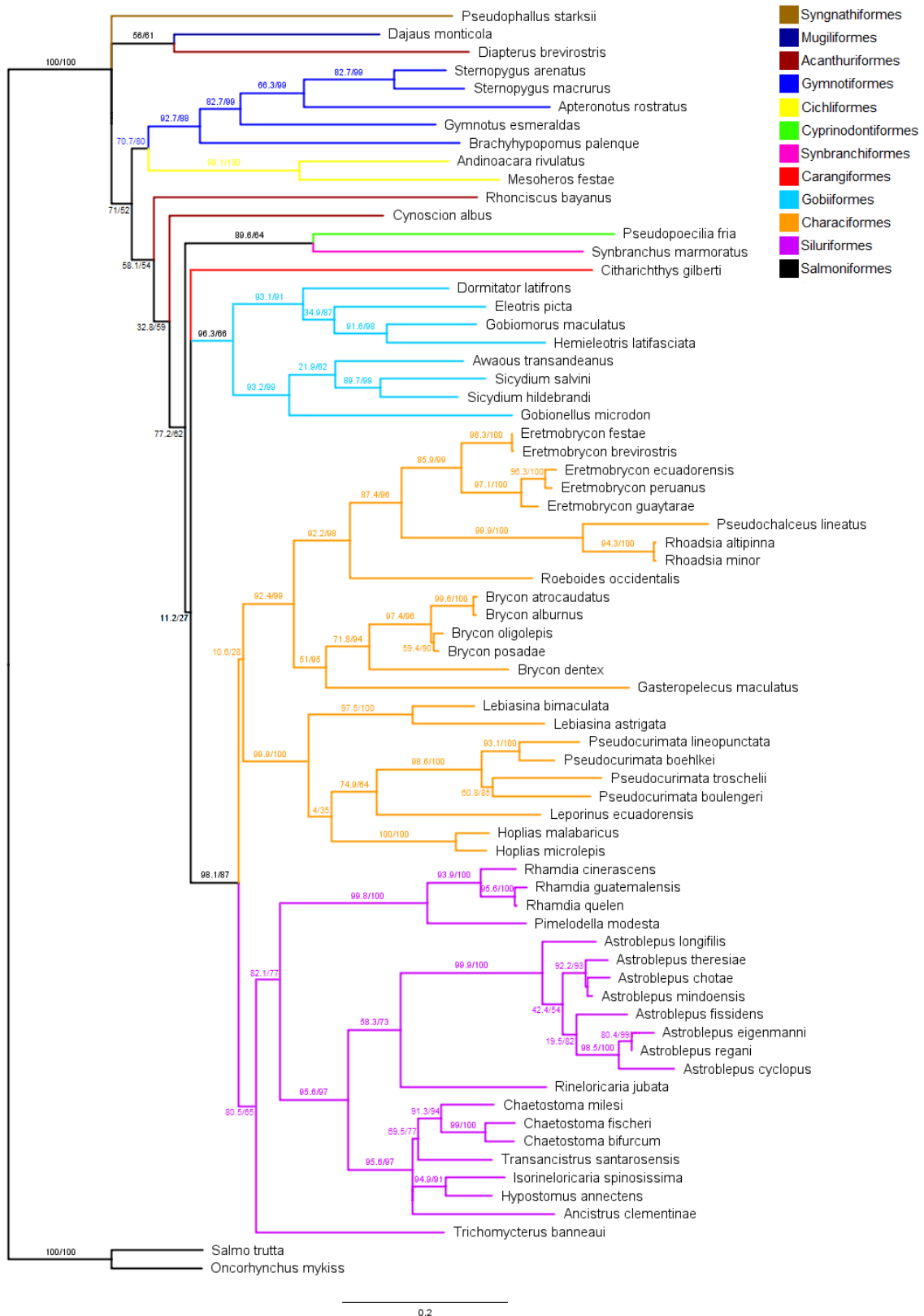


Fig. 2. Árbol filogenético de las especies de peces del occidente del Ecuador. Las replicaciones de Bootstrap se encuentran sobre las ramas. Los colores representan los órdenes estudiados.

Patrones espaciales de diversidad

El conjunto de datos espaciales incluyó 1493 registros de las especies (ANEXO 2) distribuidos en 1308 celdas de cuadrícula de 10 × 10 km (WGS 84). La riqueza de especies por celda varió entre las distintas cuencas, con patrones específicos en cada una. Los máximos valores de riqueza de especies revelaron un gradiente decreciente desde el centro geográfico del área de estudio hacia el norte y el sur. El análisis, basado en datos de presencia obtenidos de las localidades descritas, identificó a la cuenca del Guayas como la de mayor riqueza (29 especies en Patricia Pilar, provincia de Los Ríos). Las cuencas del Esmeraldas (20 especies en Puerto Quito, Pichincha) y Catamayo (18 especies en La Avanzada, El Oro) presentaron valores intermedios, mientras que las cuencas Santiago-Cayapas (12 especies en Borbón, Esmeraldas) y la zona interoceánica de Manabí (8 especies en Chone) registraron las menores riquezas (Fig. 3).

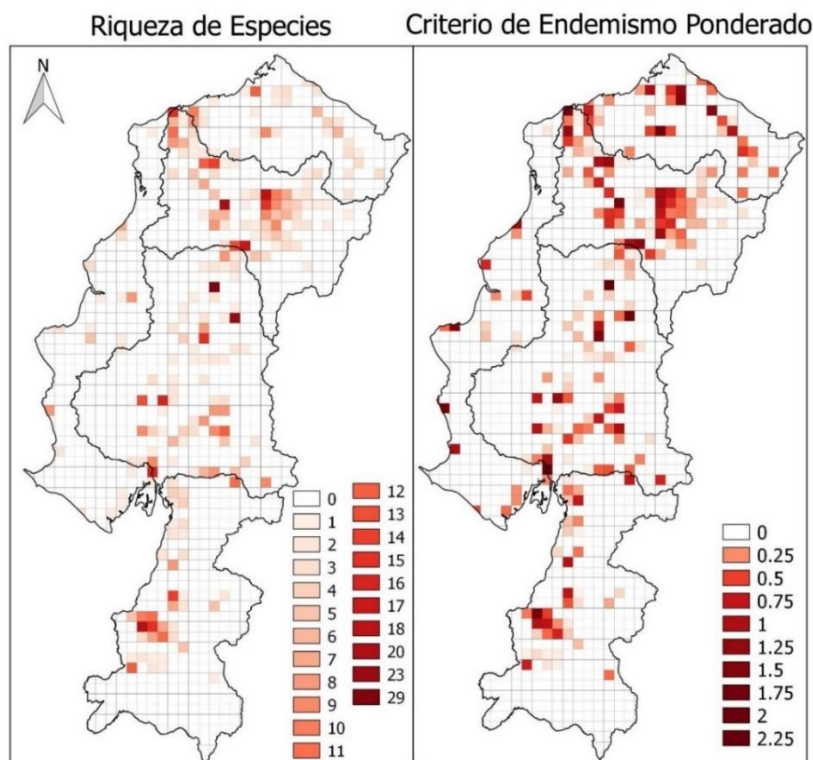


Fig. 3. Mapas de la riqueza de especies y endemismo ponderado de los peces del Occidente del Ecuador. La capa de polígonos representa las divisiones que existen entre las cuencas Hidrográficas. Los valores representan los rangos de las diferentes métricas.

El endemismo ponderado (WE) mostró una alta correlación con la riqueza de especies ($r = 0.89$, $p < 0.001$; Fig. 6), aunque su distribución espacial presentó diferencias notables. Mientras que la riqueza se concentró en las cuencas del Guayas y Esmeraldas, los valores más altos de WE (>1.5) exhibieron un patrón más amplio y heterogéneo, extendiéndose incluso a áreas con baja riqueza específica (Fig. 3). Los mayores valores de endemismo ponderado (WE) se registraron en las cuencas de Santiago-Cayapas y Esmeraldas. En Santiago-Cayapas, los WE más elevados (>1.75) se concentraron en localidades como Borbón, Carondelet y Lita, mientras que, en la cuenca del Esmeraldas, Puerto Quito actuó como núcleo principal, extendiéndose hacia Pacto, Nanegalito, Santo Domingo y Cube (>1.5). En contraste, la cuenca del Guayas mostró WE moderado a pesar de albergar el 34.3% de endemismos tradicionales (Fig. 3). Este patrón refleja la presencia de microendemismos filogenéticos, donde linajes evolutivos únicos están restringidos a áreas geográficas reducidas.

La diversidad filogenética (DF) mostró una fuerte correlación con la riqueza de especies ($r = 0.97$, $p < 0.001$; Fig. 6), aunque con diferencias importantes en su distribución espacial: (1) Las cuencas del Esmeraldas y Catamayo presentaron valores de DF relativamente más altos que los esperados según su SR, y (2) los valores máximos de DF (≥ 5) coincidieron espacialmente con los de SR en las cuencas del Esmeraldas y Guayas, mientras que los mínimos (< 2) se mantuvieron en la zona intermareal (Fig. 4). Tanto el endemismo filogenético (PE) como la distinción evolutiva (ED) replicaron estrechamente los patrones espaciales de DF, como evidencia la alta similitud en la distribución geográfica de sus valores (Fig. 4). Esta congruencia se reflejó en correlaciones casi perfectas con DF (PE: $r = 0.99$; ED: $r = 0.85$) (Fig. 6), confirmando que los hotspots de diversidad filogenética coinciden con áreas de alto endemismo y distinción evolutiva.

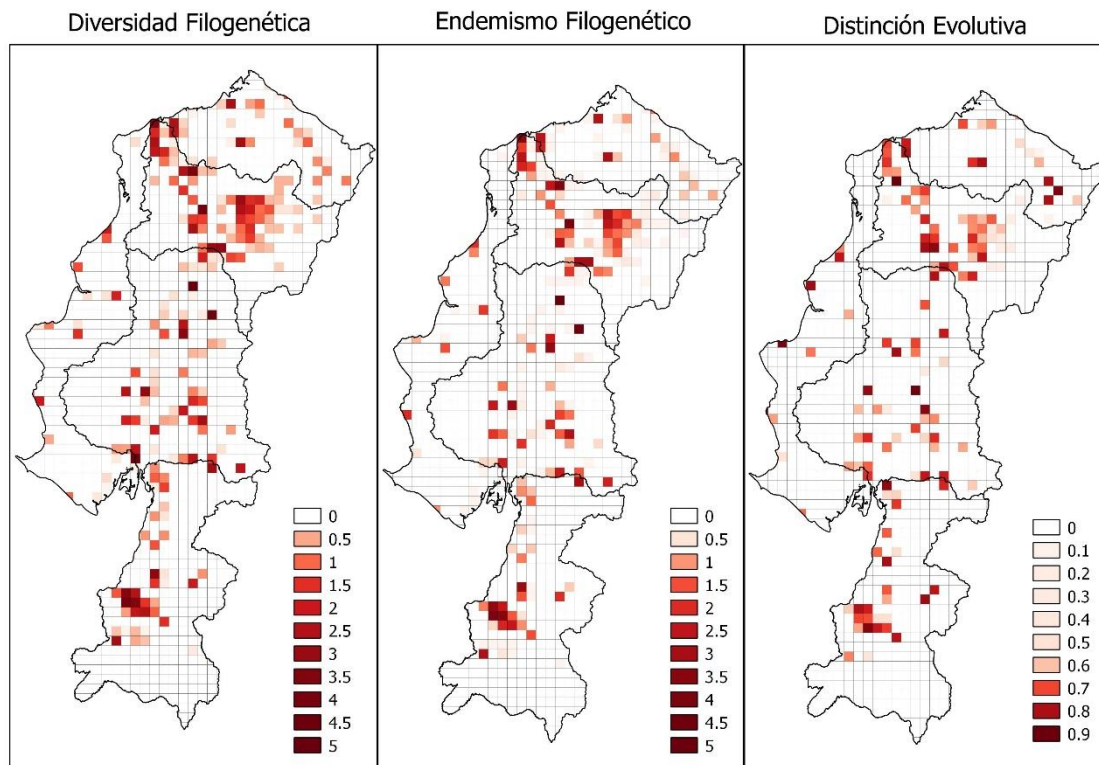


Fig. 4. Mapas de la Diversidad Filogenética, Endemismo Filogenético y Distinción Evolutiva de los peces del Occidente del Ecuador. La capa de polígonos representa las divisiones que existen entre las cuencas Hidrográficas. Los valores representan los rangos de las diferentes métricas.

El análisis de Pagel's λ reveló una señal filogenética moderada-baja para el tamaño del rango de distribución ($\lambda = 0.32$, $p = 0.025$), indicando que la filogenia explica parcialmente la variabilidad en la extensión geográfica de las especies. Este resultado sugiere que, aunque los linajes cercanos tienden a compartir tamaños de rango similares (herencia evolutiva), otros factores —como condiciones ecológicas locales o eventos biogeográficos— contribuyen de manera sustancial a esta variación.

Patrones espaciales de amenazas

Los mayores niveles de impacto antrópico de Human Footprint (valores >40) se concentraron en áreas urbanas de Quito (cuena Esmeraldas), Ibarra (cuena Santiago-Cayapas), Quevedo y Guayaquil (cuena Guayas), evidenciando una fuerte asociación entre desarrollo urbano y presión humana. Las cuenas Intermareal y Catamayo fueron las únicas que no presentaron valores altos (>40)

de perturbación humana. La cuenca Santiago-Cayapas destacó como la región con la mayor extensión de áreas prístinas (valores <10), mientras que en las demás cuencas las zonas de baja presión aparecieron de forma fragmentada (Fig. 5).

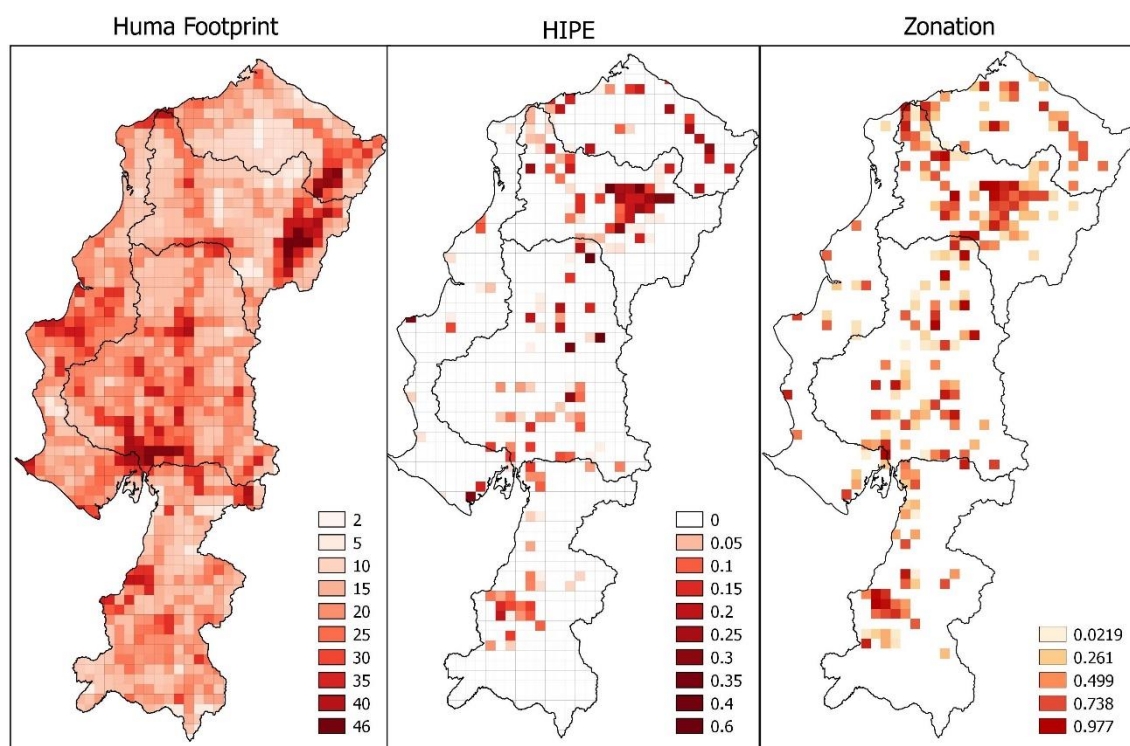


Fig. 5. Mapas de Amenazas (Human Footprint), Endemismo Filogenético Impactado por la Presión Humana (HIPE) y del análisis de Zonation de los peces del Occidente del Ecuador. La capa de polígonos representa las divisiones que existen entre las cuencas Hidrográficas. Los valores representan los rangos de las diferentes métricas.

El análisis de Endemismo Filogenético Impactado por la Presión Humana (HIPE) encontró que la cuenca del Esmeraldas registró los valores más altos (0.61), identificándose como el área donde la diversidad filogenética única enfrenta mayor presión antrópica. Le siguió Santiago-Cayapas, cuyos valores altos de HIPE —a pesar de su bajo Human Footprint (<10)— revelan que alberga linajes evolutivos irremplazables potencialmente vulnerables a futuras amenazas. Las cuencas de Guayas y Catamayo presentaron valores altos de forma fragmentada, mientras que la zona Intermareal mostró consistentemente los valores más bajos (Fig. 5), reflejando su menor singularidad evolutiva y presión antrópica acumulada.

El análisis de correlación reveló una relación moderada ($r = \sim 0.48$) entre el HIPE y las otras métricas de diversidad. Este patrón sugiere que las áreas con mayor singularidad evolutiva frecuentemente coinciden con zonas de alta presión antrópica, aunque con variaciones locales significativas. Estas diferencias espaciales permiten identificar áreas prioritarias donde la conservación podría ser más efectiva.

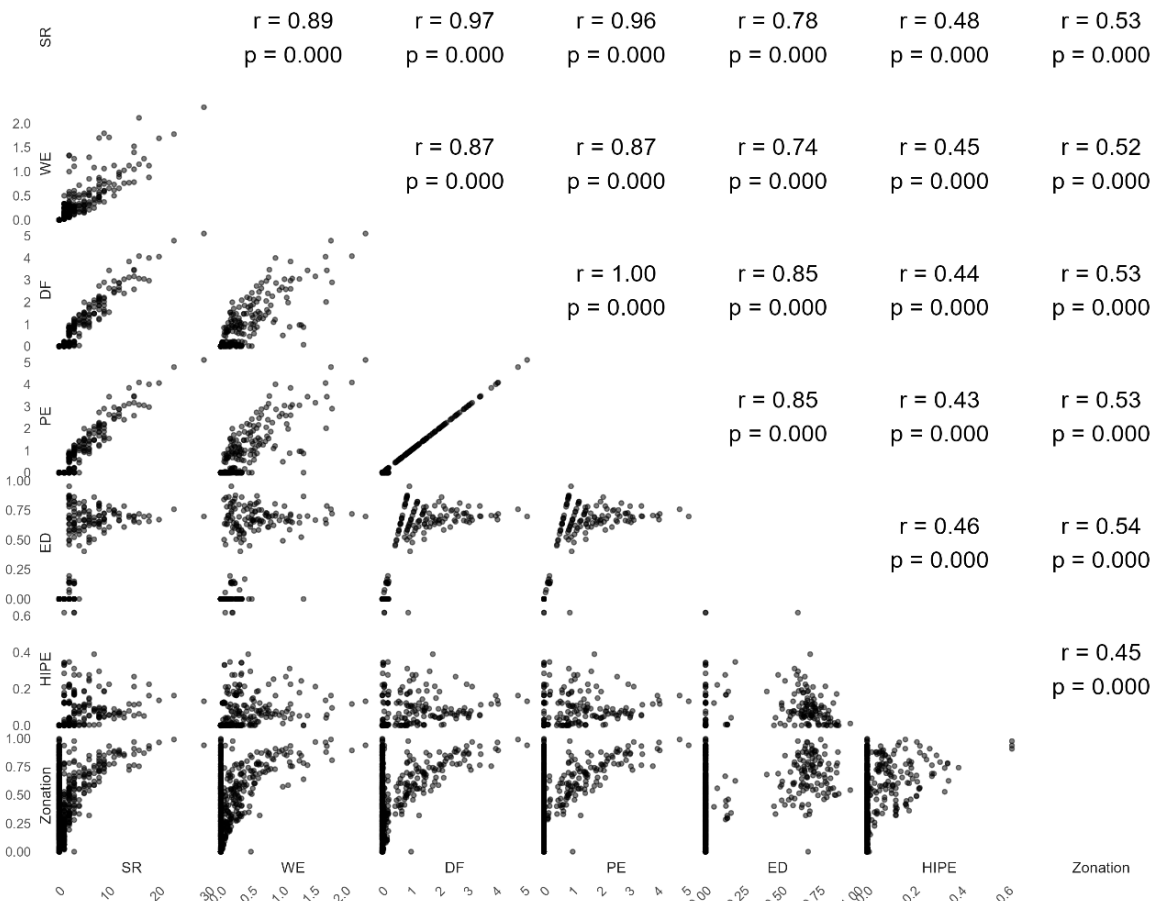


Fig. 6. Resultados de las correlaciones de Pearson corregidas espacialmente entre riqueza de especies (SR), endemismo ponderado (WE), diversidad filogenética (DF), endemismo filogenético (PE), distinción evolutiva (ED), Endemismo Filogenético Impactado por la Presión Humana (HIPE) y del análisis de Zonation. Diagramas de dispersión de los valores para cada celda de la cuadrícula de la distribución global para cada métrica (división diagonal abajo).

El análisis del Índice de Endemismo Terminal Impactado por el Ser Humano (HITE) no mostró diferencias significativas entre las categorías de la UICN

($F=0.831$, $p=0.511$). Los valores promedio de HITE fueron: 0.14 ± 0.18 para LC ($n=44$), 0.16 ± 0.14 para NT ($n=7$), 0.07 ± 0.01 para VU ($n=2$) y 0.24 ± 0.19 para DD ($n=4$).

La prueba de ANOVA comparando especies DD y LC versus amenazadas (VU) no encontró diferencias significativas ($W=4$, $p=0.9$). Especies DD como *Chaetostoma bifurcum* (0.05) y *Astroblepus regani* (0.004) presentaron valores similares de HITE con especies VU como *Pseudocurimata boehlkei* (0.06) e *Hypostomus annectens* (0.08). Algunas especies LC mostraron valores altos de HITE, particularmente *Synbranchus marmoratus* (0.95), *Rhonciscus bayanus* (0.89) y *Gasteropelecus maculatus* (0.48), indicando un riesgo evolutivo elevado a pesar de su categoría de conservación y sugiriendo que su riesgo evolutivo podría estar subestimado en las evaluaciones actuales de conservación (ANEXO 4).

Evaluación de Áreas de Conservación

El análisis mediante el algoritmo Zonation (algoritmo CAZ2) identificó patrones espaciales claros en la distribución de prioridades de conservación. La cuenca del Esmeraldas presentó los valores más altos en el ranking de priorización (valores cercanos a 1.0), lo que la señala como el área de mayor importancia para la conservación. La cuenca de Santiago-Cayapas mostró valores igualmente altos, pero con una distribución más fragmentada, indicando la presencia de varios núcleos prioritarios dispersos. Las demás cuencas analizadas exhibieron patrones heterogéneos, con pequeñas zonas de alta prioridad inmersas en áreas de menor valor de conservación (Fig. 5).

El proceso computacional demostró alta eficiencia, alcanzando convergencia completa (error 0%) tras sólo 9 iteraciones. El valor del área bajo la curva (AUC=0.745) sugiere un buen desempeño general del modelo en la identificación de áreas prioritarias (ANEXO 5). La correlación moderada pero significativa ($r \sim 0.52$, fig. 6) con las métricas de biodiversidad originales confirma que el modelo capturó adecuadamente los patrones espaciales de las variables de entrada.

La evaluación de superposición con el sistema de áreas protegidas existentes mostró coberturas particularmente bajas para las zonas identificadas como prioritarias: Esmeraldas (1.7%), Catamayo (1.43%), Guayas (0.55%), zona

intermareal (0.89%) y Santiago-Cayapas (1.16%), estos porcentajes representan la proporción de celdas prioritarias que actualmente se encuentran dentro de áreas protegidas establecidas (Fig. 7).

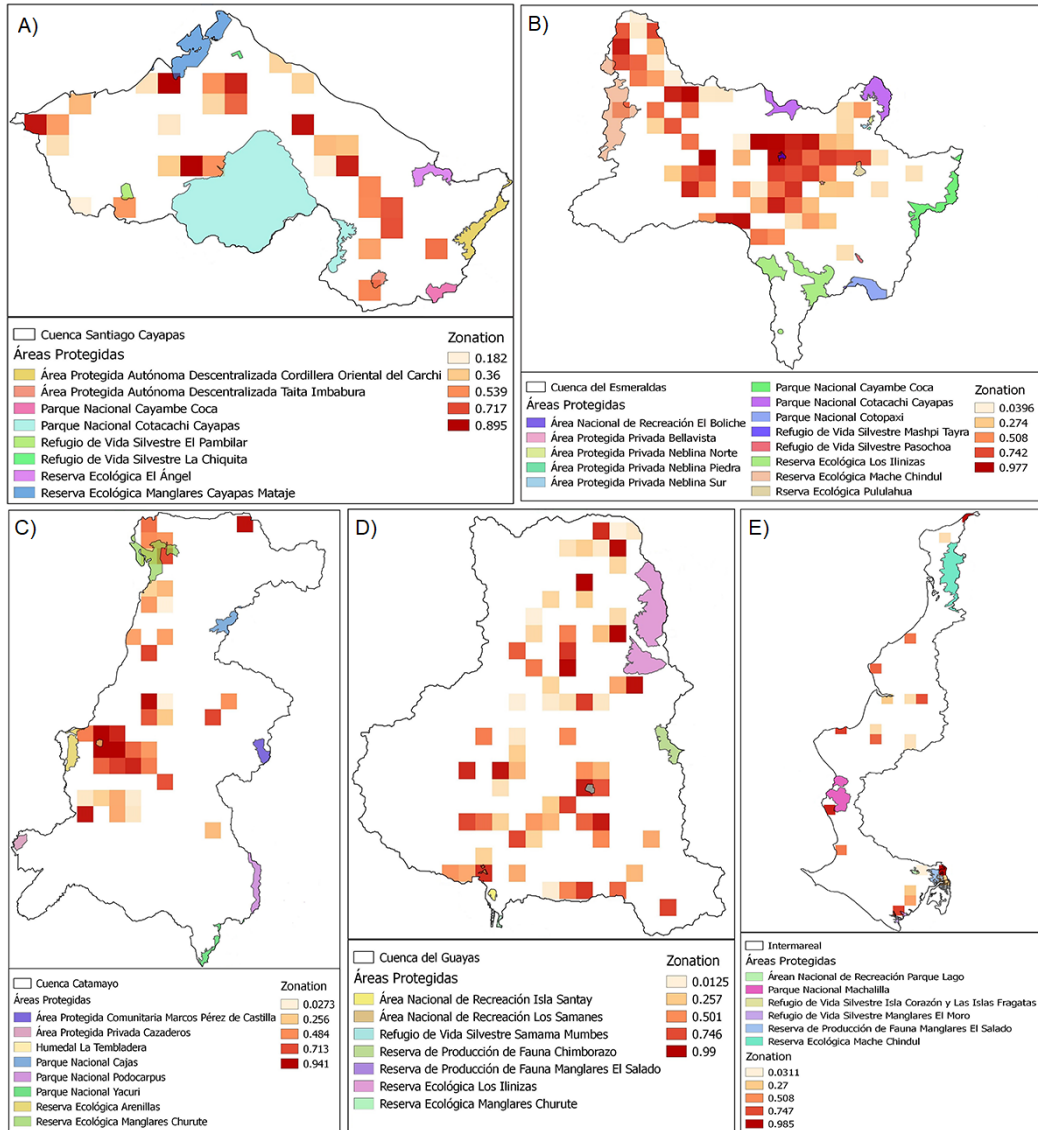


Fig. 7. Priorización de áreas para conservación en las cuencas analizadas según el algoritmo Zonation (CAZ2), mostrando la superposición con el sistema actual de áreas protegidas. A: Cuenca Santiago-Cayapas, B: Cuenca Esmeraldas, C: Cuenca Catamayo, D: Cuenca Guayas y E: Zona Intermarela. Capa de áreas protegidas obtenido de: Geoportal IGM (Geoportal Ecuador, 2017)

Discusión

Con el fin de determinar sitios prioritarios de conservación, este es el primer estudio exhaustivo de la diversidad filogenética aplicada a la conservación de peces de agua dulce en Ecuador que combina datos de ADN, distribución geográfica e impacto humano. Si bien los estudios de conservación para otros grupos taxonómicos en otras regiones han empleado la diversidad filogenética (Aguilar-Tomasini et al., 2021; Blanchet, Helmus, Brosse, & Grenouillet, 2014; Gumbs et al., 2020; Matten et al., 2023; D. F. Rosauer, Pollock, Linke, & Jetz, 2017; Safi et al., 2011; Strecker et al., 2011; Voskamp et al., 2017), no ha habido ninguna investigación sobre su uso en ecosistemas tropicales de agua dulce, especialmente en el Neotrópico. Nuestros hallazgos cierran una brecha significativa de conocimiento con respecto a la biodiversidad acuática de Ecuador y ofrecen un marco empírico reproducible para evaluar la conservación de distintos linajes evolutivos en ambientes de alta diversidad y amenaza.

Patrones biogeográficos y factores determinantes de la diversidad

Los factores evolutivos y biogeográficos interactúan para producir patrones de diversidad y endemismo en las cuencas del occidente de Ecuador. Se encontró un gradiente latitudinal en la riqueza de especies (SR) mediante análisis espacial basado en celdas de cuadrícula (10 × 10 km). La zona interoceánica (8 especies en Chone, Manabí) tuvo los valores más bajos, mientras que la región central (Guayas: 29 especies en Patricia Pilar, provincia de Los Ríos) tuvo la SR más alta. Disminuyó hacia el norte (Esmeraldas: 20 especies en Puerto Quito, Pichincha; Santiago-Cayapas: 12 especies en Borbón, Esmeraldas) y sur (Catamayo: 18 especies en La Avanzada, El Oro) (Fig. 3). Sin embargo, parece haber una disparidad al comparar la riqueza general por cuenca: según registros históricos, Santiago-Cayapas alberga 85 especies, incluidas 65 Esmeraldas, 70 Guayas y 55 Catamayo (Barriga, 2012; Jiménez-Prado et al., 2015).

Existen dos explicaciones no excluyentes para esta discrepancia. En primer lugar, los esfuerzos de muestreo han sido inconsistentes entre cuencas: se han realizado inventarios sistemáticos en Esmeraldas desde la década de 1990 (Barriga, 1994; Escobar Camacho et al., 2024; Jiménez-Prado et al., 2015;

Rebolledo Monsalve, Jiménez Prado, Molinero Ortiz, & Toulkeridis, 2022), pero los datos del Guayas se basan principalmente en registros oportunistas, como los mercados pesqueros o el monitoreo no estandarizado. A modo de ejemplo, considérese la especie *Ichthyoelephas humeralis*, nativa del Guayas, cuyos registros se encuentran principalmente cerca de ciudades y cuya existencia en las cabeceras de cuenca aún no se conoce bien. En segundo lugar, estos patrones podrían estar influenciados por procesos biogeográficos pasados. La presencia de refugios glaciares y la conectividad pleistocénica entre el Guayas y los ecosistemas amazónicos habrían permitido la acumulación de especies en microhábitats aislados, sirviendo como un "embudo" de diversidad en ciertos focos (Albert et al., 2018). Por otro lado, la distribución homogénea de endemismos en las cuencas del norte, con menor influencia amazónica, sugiere una especiación *in situ* impulsada por un aislamiento geográfico prolongado (Albert et al., 2018; Wiens, 2004). Estos resultados demuestran que los patrones observados reaccionan tanto a limitaciones metodológicas como a procesos naturales. El Guayas presenta una mayor variedad potencial, pero para capturar la complejidad de sus peces, es necesario un muestreo estandarizado.

Según la correlación entre la riqueza de especies (SR) y el endemismo ponderado (WE) ($r = 0,89$, $p < 0,001$), las regiones con mayor diversidad también incluyen especies únicas, aunque con diferencias espaciales sutiles. Si bien el río Guayas presenta la mayor riqueza bruta, las cuencas de Santiago-Cayapas y Esmeraldas presentan los mayores valores de endemismo ponderado ($>1,75$), lo cual es un indicio de microendemismo asociado a refugios históricos y episodios de vicarianza (Fig. 3) (Pérez-Escobar et al., 2019). El estudio de la provincia biogeográfica del Chocó húmedo, que se extiende desde el norte de Esmeraldas hasta el centro-sur de Manabí, así como el noroeste de Los Ríos y partes del norte del río Guayas, como las estribaciones de la cordillera Chongón-Colonche, es consistente con este patrón, debido a su alta tasa de endemismo en toda la región biogeográfica (Briand & Carret, 2012; Justicia, 2007; Maldonado-Ocampo et al., 2012). La alta precipitación (>4000 mm anuales), la complejidad geológica (p. ej., sistemas fluviales separados) y fenómenos históricos como el levantamiento de los Andes, que fomentó la especiación alopátrica, son factores que influyen en esta zona, conocida como un punto

crítico global (Myers, Mittermeier, Mittermeier, da Fonseca, & Kent, 2000; Pérez-Escobar et al., 2019).

Los microendemismos presentes en Santiago-Cayapas y Esmeraldas, ubicados completamente en el centro del Chocó, se limitan a subcuencas separadas por obstáculos como la Cordillera de la Costa y de Sade (Barriga, 2012; Cucalón & Tan, 2022; Jiménez-Prado et al., 2015). Debido a los gradientes altitudinales y de temperatura creados por estas barreras del Plioceno-Pleistoceno, el flujo genético se vio restringido, lo que favoreció la especiación *in situ* (Cucalón & Tan, 2022). Esta situación demuestra cómo la vicarianza configura la ictiofauna costera, un fenómeno observado en otros grupos de peces neotropicales donde la diversificación se ve impulsada por la heterogeneidad ambiental y el aislamiento geográfico (Capobianco & Friedman, 2019). Por otro lado, la alta riqueza de Guayas, pero su baja WE, se explica por su ubicación como zona de transición entre el Chocó húmedo (al norte) y la región de Tumbes (al sur). Sirve como ecotono donde convergen especies de ambas provincias, muchas de las cuales presentan una amplia distribución dentro de la cuenca (Jiménez-Prado et al., 2015).

La distribución de la ictiofauna está determinada por la heterogeneidad ambiental, que incluye la dinámica de las mareas, las fluctuaciones de la salinidad y los gradientes de elevación. También, la alta riqueza en Guayas puede estar relacionada con su extensión de humedales y canales, que proporcionan un mosaico de nichos para especies estuarinas y de agua dulce (Albert et al., 2018; Barriga, 2012). En contraste, la baja riqueza en la zona interoceánica (8 especies por celda) es un reflejo de las limitaciones impuestas por las condiciones estuarinas extremas y la falta de microhábitats adecuados. Por lo tanto, estos hallazgos demuestran que la ictiofauna del oeste de Ecuador está determinada por una combinación de causas ecológicas e históricas en lugar de un solo impulsor de la diversidad.

Nuestros hallazgos resaltan la necesidad de desarrollar planes de conservación que consideren tanto los Hotspots de alta biodiversidad del Guayas como el extenso endemismo de Santiago-Cayapas y Esmeraldas. Proteger los Hotspots por sí solo no será suficiente, por lo que, para preservar la dinámica de especiación *in situ* y la conectividad histórica que han moldeado la biodiversidad

regional, es imperativo preservar los corredores longitudinales y microhábitats críticos. La supervivencia de especies raras y la integridad de los procesos ecológicos que sustentan la ictiofauna del occidente del Ecuador solo pueden garantizarse de esta manera.

Diversidad filogenética en la conservación

La alta correlación entre la diversidad filogenética (DF) y la SR ($r = 0,97$) sugiere que, en las cuencas estudiadas, la riqueza taxonómica captura gran parte de la historia evolutiva, como se ha reportado para mamíferos, reptiles, anfibios y aves (Aguilar-Tomasini et al., 2021; Gumbs et al., 2020; Voskamp et al., 2017). Sin embargo, las cuencas de Esmeraldas y Catamayo presentaron valores de DF superiores a los esperados para su SR, fenómeno también observado en regiones como el Sudeste Asiático, donde linajes antiguos de reptiles persisten en hábitats de baja SR (Gumbs et al., 2020). Además, la coincidencia espacial de los máximos de diversidad filogenética con áreas de alto endemismo filogenético (PE) y distinción evolutiva (ED) refuerza la hipótesis de que los puntos críticos de diversidad filogenética albergan linajes únicos, como se ha reportado en Madagascar y los Ghats occidentales de la India (Gumbs et al., 2020; D. F. Rosauer & Jetz, 2015; D. F. Rosauer et al., 2017; D. Rosauer et al., 2009). Estos resultados respaldan la necesidad de priorizar las áreas con alto DF en los esquemas de conservación, incluso si su SR es moderada.

Se ha demostrado que la DF y la diversidad funcional están relacionados, donde una DF alta presenta una gama más amplia de características funcionales como resultado de la acumulación de linajes con diversas historias evolutivas (Strecker et al., 2011). Esta estrategia es particularmente pertinente a la luz del cambio global, ya que la extinción de linajes distintivos puede poner en peligro importantes servicios ecológicos (Cadotte et al., 2010). Aunque los estudios futuros de rasgos particulares (como las estrategias tróficas o la tolerancia ambiental) pueden descubrir diferencias sutiles, Strecker et al., (2011) mencionan que la fuerte correlación entre la DF y la diversidad funcional indica que los procesos ecológicos en las cuencas bajo análisis favorecen tanto la diversificación evolutiva como la funcional. Como se ha investigado en peces de agua dulce, esta integración sería esencial para comprender la interacción entre el funcionamiento del ecosistema y la historia evolutiva bajo estrés humano

(Strecker et al., 2011). En los arroyos de América del Norte, por ejemplo, Strecker et al. (2011) demostró que priorizar simultáneamente el DF y la diversidad funcional conserva tanto linajes evolutivos distintivos como procesos ecológicos vitales, como la estabilidad trófica y la gestión de nutrientes. Incluso en regiones con alta riqueza taxonómica, si no se conservan estas dimensiones, podrían perderse procesos ecosistémicos cruciales. Por lo tanto, la pérdida de DF tendría un impacto directo en los servicios ecosistémicos, reduciendo la resiliencia evolutiva a los cambios ambientales (Cadotte et al., 2012).

El análisis λ de Pagel detectó una señal filogenética moderada a baja ($\lambda = 0,32$), lo que sugiere que la historia evolutiva influye en la variabilidad del alcance geográfico de una especie (Gumbs et al., 2020). Sin embargo, la heredabilidad moderada indica que factores ecológicos modernos, como la fragmentación del hábitat, también tienen un impacto significativo (Arnan, Cerdá, & Retana, 2017). Este hallazgo concuerda con la investigación intergrupala que muestra que las características ecológicas asociadas con la tolerancia ambiental suelen ser compartidas por linajes estrechamente relacionados (Arnan et al., 2017; E-Vojtkó, de Bello, Lososová, & Götzenberger, 2023; Pagel, 1999). La necesidad de enfoques integrados que tengan en cuenta tanto la singularidad evolutiva como las amenazas antropogénicas se destaca por esta dualidad entre la herencia filogenética y las presiones contemporáneas, especialmente en las regiones tropicales que están experimentando rápidos cambios en el uso de la tierra (González-Orozco et al., 2016; Gumbs et al., 2020).

A pesar de la significativa presión humana, los elevados valores de HIPE en la Cuenca de Esmeraldas resaltan la crucial superposición entre la perturbación antropogénica y la diversidad filogenética distintiva, una tendencia observada a nivel mundial en taxones como ranas y reptiles (Gumbs et al., 2020). Este estudio respalda los hallazgos de Gumbs et al. (2020), quienes hallaron que las zonas de presión humana "alta" o "muy alta" corresponden al 74% de las regiones con alto endemismo evolutivo en reptiles. Cabe destacar que la Cuenca de Esmeraldas refleja la situación caribeña descrita por Gumbs et al., (2020), donde la agricultura y la urbanización plantean riesgos inmediatos para la diversidad filogenética distintiva de la región. Al igual que en zonas críticas como el Caribe y Filipinas, esta confluencia de factores de estrés en áreas evolutivamente

irreemplazables requiere actividades inmediatas de conservación *in situ*, como la restauración del hábitat y la mitigación de las presiones locales (Gumbs et al., 2020; Venter et al., 2016). Por otro lado, la cuenca de Santiago-Cayapas, con una alta HIPE, pero una baja huella humana, muestra cómo linajes únicos podrían estar en riesgo ante amenazas futuras. Esta situación es comparable a la observada en regiones amazónicas prístinas que actualmente se encuentran bajo creciente presión (Allan et al., 2017). Estos casos resaltan la necesidad de vigilar las regiones con una significativa singularidad evolutiva que se encuentran actualmente intactas.

Respecto al HITE, la falta de diferencias significativas entre especies DD, LC y amenazadas (VU) sugiere que el riesgo evolutivo de las primeras podría estar subestimado, coincidiendo con hallazgos en anfibios donde especies DD mostraron probabilidades de extinción similares a las categorizadas como amenazadas (Howard & Bickford, 2014; Gumbs et al., 2020). Las especies DD con alta HITE, como las del género *Dibamus*, representan un riesgo oculto debido a sus ramas evolutivas extensas y geográficamente limitadas, según Gumbs et al. (2020). De este modo en el presente estudio, las especies LC con alta HITE, como *Synbranchus marmoratus*, sugieren que las evaluaciones de conservación convencionales que se basan en clasificaciones de amenaza pueden ignorar linajes evolutivamente frágiles, donde la singularidad filogenética no siempre se correlaciona con el estado de conservación, se ha documentado en escamosos y tortugas (Tonini, Beard, Ferreira, Jetz, & Pyron, 2016; Gumbs et al., 2020). Para identificar especies con alto riesgo evolutivo, incluso si sus poblaciones parecen estables, es imperativo que las evaluaciones de la UICN o listas rojas locales utilicen medidas como la HITE (Gumbs et al., 2020) en su marco de priorización global.

Implicaciones en la conservación

Con valores de priorización máximos ($\approx 1,0$), los resultados del algoritmo de zonificación designan las cuencas de Esmeraldas, Catamayo y Santiago-Cayapas como regiones prioritarias de conservación, lo que subraya su papel vital en la preservación de las especies endémicas de los ecosistemas de agua dulce de Ecuador. Sin embargo, actualmente existe una brecha significativa entre los objetivos ecológicos reconocidos y las regulaciones de conservación

vigentes, como lo demuestra la baja cobertura de protección en estas áreas (1.7 % 1.43 % y 1.16% respectivamente). Esta discrepancia concuerda con hallazgos de todo el mundo: Abell, Allan, & Lehner (2007) y Rodríguez–Olarte, Taphorn, & Lobón-Cerviá (2011) informan que menos del 1 % de los ríos neotropicales están oficialmente protegidos. Esta es una cifra preocupante en comparación con la cobertura promedio del 10 % en áreas terrestres protegidas a nivel mundial (Daru et al., 2019) y el 20% reportado para Ecuador en ecosistemas terrestres (Cuesta et al., 2017). Esta disparidad enfatiza la urgencia de establecer redes de protección más representativas a nivel nacional y regional, especialmente en sistemas acuáticos. Dado que, como advierten Abell et al. (2007), la conservación efectiva de los ecosistemas acuáticos requiere medidas que superen las limitaciones tradicionales de protección, el problema se vuelve mucho más complejo. Para mantener los procesos ecológicos y los vínculos biológicos, es necesario integrar los corredores riparios, las cuencas completas y su dinámica hidrológica (Abell et al., 2007, 2008). En áreas donde la presión antropogénica y la fragmentación aumentan exponencialmente los riesgos de colapso de la biodiversidad, como la cuenca del Guayas, Catamayo y la zona intermareal, el enfoque ecosistémico, propuesto por Abell et al. (2008) para la gestión de ecorregiones de agua dulce, es especialmente pertinente.

Los valores significativos del Índice de Endemismo Filogenético Impactado por la Presión Humana (HIPE), que indican la considerable presión antropogénica observada en la Cuenca de Esmeraldas y Catamayo, indican que la distintiva diversidad filogenética de la región se ve amenazada de inmediato por la deforestación y la urbanización (Aguirre et al., 2021). Estos hallazgos coinciden con Daru et al. (2019), quienes demostraron que los puntos críticos mundiales de diversidad filogenética se encuentran con frecuencia en regiones con altos niveles de perturbación humana, lo que aumenta su vulnerabilidad. Además, como señalaron Gumbs et al. (2020) en su evaluación de la conservación de reptiles, las regiones con mayor singularidad evolutiva no se corresponden necesariamente con aquellas con mayor riqueza de especies, como lo demuestra la correlación moderada ($r = \sim 0,52$) entre el HIPE y otras métricas de diversidad, por lo que según Arponen (2012), centrarse únicamente en la riqueza de especies puede subestimar la pérdida de linajes únicos; por lo tanto, estos

hallazgos resaltan la necesidad de utilizar métricas evolutivas para priorizar las evaluaciones.

A pesar de sus bajos niveles de perturbación antrópica, se encontró que la cuenca hidrográfica Santiago-Cayapas presenta altos valores de HIPE, lo que subraya la necesidad de preservar linajes evolutivos distintivos en áreas que aún se encuentran bajo conservación. Este resultado concuerda con las sugerencias de Pelicice et al. (2017), quienes enfatizan la importancia de la protección de las cabeceras y la conexión hidrológica para preservar la resistencia de los ecosistemas acuáticos a posibles amenazas. Sin embargo, a pesar de mantener regiones que parecen estar en perfecto estado, la baja representación de SNAP en la cuenca Santiago-Cayapas (1.16%) deja su biodiversidad distintiva vulnerable a posibles amenazas. Además, se debe tener en cuenta que esta impresión de menor perturbación en Santiago-Cayapas puede deberse en parte a los limitados esfuerzos de muestreo y la difícil accesibilidad del área, lo que irónicamente ha disminuido la documentación de amenazas actuales como la minería artesanal y la tala ilegal, reportados recientemente (Aguirre et al., 2021).

Los núcleos dispersos y la fragmentación de áreas prioritarias dentro de cuencas como Catamayo y Guayas indican que las medidas de conservación deben ir más allá del establecimiento de áreas protegidas discretas. Según Abell et al. (2007) estas dificultades podrían mitigarse mediante la gestión integrada de cuencas hidrográficas (GIC), que combina regiones focales y zonas clave de gestión. Esta estrategia es esencial en Ecuador, donde, según han demostrado Aguirre et al. (2021), la minería ilícita y la deforestación en cuencas hidrográficas importantes ponen en peligro no solo las especies, sino también los servicios ecológicos que sustentan a las comunidades locales. En la cuenca del Guayas, donde la degradación de los humedales y la contaminación agrícola han reducido significativamente los hábitats vitales para especies endémicas como *Ichthyoelephas humeralis*, la implementación de la GIC sería igualmente ventajosa (Navarrete-Amaya et al., 2021).

Finalmente, las estrategias de conservación de Ecuador necesitan ser reformuladas debido a la mínima superposición entre el Sistema Nacional de Regiones Protegidas (SNAP) y las regiones prioritarias designadas. El SNAP presenta problemas como la fragmentación del hábitat, la contaminación y la falta

de coordinación interinstitucional, como lo señalan Yáñez, Bolívar, & Fernández (2016). Snäll, Lehtomäki, Arponen, Elith, & Moilanen (2016) sugieren que, para superar estas limitaciones, es necesaria una planificación espacial que incorpore herramientas como la zonificación con modelos de conexión hidrológica al construir infraestructura verde basada en la priorización multicriterio. Además, como sugieren Anderson & Maldonado-Ocampo (2011) para los Andes tropicales, es imperativo incluir a actores clave y poblaciones locales en la implementación de soluciones. La incorporación de estos componentes garantizaría la supervivencia de los procesos ecológicos y evolutivos en los ecosistemas de agua dulce, a la vez que mejoraría la representatividad de las áreas protegidas. La restauración de manglares y la gestión de la acuicultura, por ejemplo, podrían disminuir los efectos sobre especies estuarinas como *Dormitator latifrons* en la cuenca intermareal, donde solo el 0,89% de las áreas prioritarias están protegidas (Jiménez-Prado et al., 2015).

Este estudio enfatiza la urgencia de implementar políticas de conservación que incorporen la participación comunitaria, los factores evolutivos y las escalas espaciales. El uso de medidas filogenéticas y la priorización de cuencas hidrográficas como Esmeraldas, Catamayo, Guayas y Santiago-Cayapas podrían servir de modelo para naciones megadiversas que enfrentan problemas similares. Como sugieren Powers & Jetz (2019), estudios futuros deberían evaluar la eficacia de los corredores biológicos y las políticas de uso sostenible en estas áreas, considerando los escenarios de cambio climático y la creciente presión antropogénica. La preservación a largo plazo de la biodiversidad acuática del Ecuador solo puede garantizarse mediante métodos cooperativos y adaptables.

Conclusión

Las cuencas hidrográficas del occidente del Ecuador, en particular las de Esmeraldas y Santiago-Cayapas, albergan una diversidad filogenética única y altamente vulnerable, marcada por linajes evolutivos irremplazables y patrones de endemismo asociados a procesos históricos de aislamiento geográfico. Los resultados revelan una fuerte correlación entre la riqueza de especies y la diversidad filogenética, pero también destacan áreas donde esta última supera las expectativas basadas en la riqueza, lo que sugiere la persistencia de linajes antiguos en hábitats estables. La presión humana, especialmente en zonas urbanas y agrícolas, amenaza directamente estos puntos críticos evolutivos, con valores críticos de HIPE en Esmeraldas, donde la singularidad filogenética coincide con una alta perturbación. Si bien la cuenca de Santiago-Cayapas mantiene áreas prístinas, su baja representación en el SNAP (<2%) expone su biodiversidad única a riesgos futuros. Estos hallazgos subrayan que el sistema actual de áreas protegidas no refleja adecuadamente los patrones de diversidad evolutiva acuática, priorizando erróneamente regiones con menor valor filogenético y omitiendo microendemismos críticos. La integración de métricas filogenéticas, como HIPE e HITE, en la planificación de la conservación protegería no solo a las especies, sino también la historia evolutiva que sustenta la resiliencia de los ecosistemas, un aspecto ignorado en los criterios tradicionales del SNAP.

Recomendaciones

Para maximizar el impacto de este estudio en la conservación de la biodiversidad, se recomienda extender la metodología aplicada a otros grupos taxonómicos asociados a ecosistemas acuáticos y terrestres, incorporando además análisis de diversidad funcional. Esta integración permitiría identificar no solo linajes evolutivos únicos, sino también rasgos ecológicos críticos (ej. estrategias tróficas, tolerancia a perturbaciones, modos reproductivos) que determinan la resiliencia de los ecosistemas. Por ejemplo, replicar este enfoque en anfibios, macroinvertebrados bentónicos o plantas riparias revelaría si los patrones de microendemismo filogenético coinciden con funciones ecosistémicas clave, como la descomposición de materia orgánica o la estabilización de riberas. La combinación de métricas filogenéticas, funcionales y taxonómicas ofrecería una visión tridimensional (evolutiva, ecológica y biogeográfica), priorizando áreas donde converjan linajes antiguos, procesos funcionales únicos y especies microendémicas.

Además, se propone utilizar los resultados como referencia para evaluar la efectividad del Sistema Nacional de Áreas Protegidas en la conservación de la historia evolutiva. Esto implicaría mapear la superposición entre áreas prioritarias y las zonas actualmente protegidas, identificando vacíos donde persistan linajes antiguos o microendémicos sin cobertura legal. Por ejemplo, ajustar los límites del SNAP para incluir cabeceras de ríos en Santiago-Cayapas, donde se detectaron valores altos de endemismo ponderado, garantizaría la protección de procesos evolutivos activos, como la especiación en ambientes aislados.

Finalmente, escalar este marco analítico a otras regiones del Neotrópico con dinámicas hidrológicas similares, como las cuencas del Chocó colombiano o el Pacífico centroamericano, sentaría bases para una planificación biogeográfica regional. Esto requeriría colaboraciones transnacionales para establecer corredores evolutivos que trasciendan fronteras políticas, protegiendo no solo especies, sino la capacidad de los ecosistemas para mantener procesos ecológicos y evolutivos a largo plazo. La inclusión de datos funcionales, como la redundancia de rasgos ante perturbaciones, sería clave para diseñar redes de conservación adaptativas frente al cambio climático.

Literatura citada

- Abell, R., Allan, J. D., & Lehner, B. (2007). Unlocking the potential of protected areas for freshwaters. *Biological Conservation*, 134(1), 48–63.
<https://doi.org/10.1016/j.biocon.2006.08.017>
- Abell, R., Thieme, M. L., Revenga, C., Bryer, M., Kottelat, M., Bogutskaya, N., ... Petry, P. (2008). Freshwater Ecoregions of the World: A New Map of Biogeographic Units for Freshwater Biodiversity Conservation. *BioScience*, 58(5), 403–414. <https://doi.org/10.1641/B580507>
- Aguilar-Tomasini, M. A., Martin, M. D., & Speed, J. D. M. (2021). Assessing spatial patterns of phylogenetic diversity of Mexican mammals for biodiversity conservation. *Global Ecology and Conservation*, 31.
<https://doi.org/10.1016/j.gecco.2021.e01834>
- Aguirre, W. E., Alvarez-Mieles, G., Anaguano-Yancha, F., Burgos Morán, R., Cucalón, R. V., Escobar-Camacho, D., ... Zárate Hugo, E. (2021, October 1). Conservation threats and future prospects for the freshwater fishes of Ecuador: A hotspot of Neotropical fish diversity. *Journal of Fish Biology*, Vol. 99, pp. 1158–1189. John Wiley and Sons Inc.
<https://doi.org/10.1111/jfb.14844>
- Albert, J. S., Val, P., & Hoorn, C. (2018). The changing course of the amazon river in the neogene: Center stage for neotropical diversification. *Neotropical Ichthyology*, 16(3), 1–24. <https://doi.org/10.1590/1982-0224-20180033>
- Allan, J. R., Venter, O., Maxwell, S., Bertzky, B., Jones, K., Shi, Y., & Watson, J. E. M. (2017). Recent increases in human pressure and forest loss threaten many Natural World Heritage Sites. *Biological Conservation*, 206, 47–55. <https://doi.org/10.1016/j.biocon.2016.12.011>
- Anderson, E. P., & Maldonado-Ocampo, J. A. (2011). A Regional Perspective on the Diversity and Conservation of Tropical Andean Fishes. *Conservation Biology*, 25(1), 30–39. <https://doi.org/10.1111/j.1523-1739.2010.01568.x>
- Arnan, X., Cerdá, X., & Retana, J. (2017). Relationships among taxonomic,

- functional, and phylogenetic ant diversity across the biogeographic regions of Europe. *Ecography*, 40(3), 448–457. <https://doi.org/10.1111/ecog.01938>
- Arponen, A. (2012, April). Prioritizing species for conservation planning. *Biodiversity and Conservation*, Vol. 21, pp. 875–893. <https://doi.org/10.1007/s10531-012-0242-1>
- Barriga, R. (1991). Peces de agua dulce del Ecuador. *Revista de Información Técnico Científica (Politécnica)*, 3.
- Barriga, R. (1994). Peces del noroestedel ecuador. *Politecnica*, 19(2), 1994.
- Barriga, R. (2012). Lista de Peces de Agua Dulce e Intermareales del Ecuador. *RevistaPolitécnica*, 3(30), 83–119.
- Baston, D. (2023). Package “*exactextractr*.”
- Blanchet, S., Helmus, M. R., Brosse, S., & Grenouillet, G. (2014). Regional vs local drivers of phylogenetic and species diversity in stream fish communities. *Freshwater Biology*, 59(3), 450–462. <https://doi.org/10.1111/fwb.12277>
- Böhm, M., Cook, D., Ma, H., Davidson, A. D., García, A., Tapley, B., ... Carr, J. (2016). Hot and bothered: Using trait-based approaches to assess climate change vulnerability in reptiles. *Biological Conservation*, 204, 32–41. <https://doi.org/10.1016/j.biocon.2016.06.002>
- Borchsenius, F. (1997). Patterns of plant species endemism in Ecuador. *Biodiversity and Conservation*, 6, 379–399.
- Briand, N., & Carret, P. (2012). *CEPF and Conservation Trust Funds Capitalization of Experience: The Critical Ecosystem Partnership Fund’s Support to Conservation Trust Funds (2000-2012)*. (November).
- Cadotte, M. W., Dinnage, R., & Tilman, D. (2012). Phylogenetic diversity promotes ecosystem stability. *Ecology*, 93(8 SPEC. ISSUE). <https://doi.org/10.1890/11-0426.1>
- Cadotte, M. W., Jonathan Davies, T., Regetz, J., Kembel, S. W., Cleland, E., & Oakley, T. H. (2010). Phylogenetic diversity metrics for ecological

communities: Integrating species richness, abundance and evolutionary history. *Ecology Letters*, 13(1), 96–105. <https://doi.org/10.1111/j.1461-0248.2009.01405.x>

Capobianco, A., & Friedman, M. (2019). Vicariance and dispersal in southern hemisphere freshwater fish clades: a palaeontological perspective. *Biological Reviews*, 94(2), 662–699. <https://doi.org/10.1111/brv.12473>

Cardillo, M., Mace, G. M., Jones, K. E., Bielby, J., Bininda-Emonds, O. R. P., Sechrest, W., ... Purvis, A. (2005). Evolution: Multiple causes of high extinction risk in large mammal species. *Science*, 309(5738), 1239–1241. <https://doi.org/10.1126/science.1116030>

Carrión-Olmedo, J. (2024). *NGS-Consensus Fasta*. Retrieved from <https://zenodo.org/records/12802273>

Cruz-García, K., Zapata-Salvatierra, N., Sánchez-Nivicela, J. C., Chauca, N., Matecki, S., & Perez-Correa, J. (2024). Revealing hidden biodiversity: Novel insights on reptile and amphibian distribution in western Ecuador. *Ecology and Evolution*, 14(6). <https://doi.org/10.1002/ece3.11401>

Cucalón, R. V., & Tan, M. (2022). Divergence times of the Rhoadsia clade (Characiformes: Characidae). *Neotropical Ichthyology*, 20(4). <https://doi.org/10.1590/1982-0224-2022-0054>

Cuesta, F., Peralvo, M., Merino-Viteri, A., Bustamante, M., Baquero, F., Freile, J. F., ... Torres-Carvajal, O. (2017). Priority areas for biodiversity conservation in mainland Ecuador. *Neotropical Biodiversity*, 3(1), 93–106. <https://doi.org/10.1080/23766808.2017.1295705>

Daru, B. H., le Roux, P. C., Gopalraj, J., Park, D. S., Holt, B. G., & Greve, M. (2019). Spatial overlaps between the global protected areas network and terrestrial hotspots of evolutionary diversity. *Global Ecology and Biogeography*, 28(6), 757–766. <https://doi.org/10.1111/geb.12888>

Davis, M., Soren, F., & Jens-Christian, S. (2018). Mammal diversity will take millions of years to recover from the current biodiversity crisis. *PNAS*, 15(44), 11262–11267. <https://doi.org/10.5281/zenodo.1286876>

- Dodson, C. H., & Gentry, A. H. (1978). *Flora of the Rio Palenque Science Center Los Ríos, Ecuador*.
- Dodson, C. H., & Gentry, A. H. (1991). Biological Extinction in Western Ecuador. *Annals of the Missouri Botanical Garden*, 78(2), 273–295.
- E-Vojtkó, A., de Bello, F., Lososová, Z., & Götzenberger, L. (2023). Phylogenetic diversity is a weak proxy for functional diversity but they are complementary in explaining community assembly patterns in temperate vegetation. *Journal of Ecology*, 111(10), 2218–2230.
<https://doi.org/10.1111/1365-2745.14171>
- Escobar Camacho, D., Barragán, K. S., Guayasamin, J. M., Gavilanes, G., & Encalada, A. C. (2024). New records of native and introduced fish species in a river basin of Western Ecuador, the Chocó-Darién Ecoregion, using DNA barcoding. *PLOS ONE*, 19(3), e0298970.
<https://doi.org/10.1371/journal.pone.0298970>
- Faith, D. P. (1992). Conservation evaluation and phylogenetic diversity. *Biological Conservation*, 61(1), 1–10. [https://doi.org/10.1016/0006-3207\(92\)91201-3](https://doi.org/10.1016/0006-3207(92)91201-3)
- Faith, D. P., & Baker, A. M. (2007). Phylogenetic diversity (PD) and biodiversity conservation: some bioinformatics challenges. *Evolutionary Bioinformatics Online*, 2, 121–128. Retrieved from
<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/19455206>
- Finer, M., & Mamani, N. (2019). Conservando el Chocó Ecuatoriano. Retrieved from <https://www.maaprogram.org/es/choco-ecuadoriano/>
- Francisco, P. R., & Ramiro, S. B. (2017). The species of hemiancistrus (Siluriformes: Loricariidae) from Ecuador. *Zootaxa*, 4272(2), 221–235.
<https://doi.org/10.11646/zootaxa.4272.2.4>
- Fricke, R., Eschmeyer, W., & Van der Laan, R. (2024). ESCHMEYER'S CATALOG OF FISHES: GENERA, SPECIES, REFERENCES. Retrieved October 17, 2024, from California Academy of Sciences website:
<http://researcharchive.calacademy.org/research/ichthyology/catalog/fishcatmain.asp>

- GBIF.org. 2025, *GBIF Home Page*. Available from: <https://www.gbif.org>
- Geoportal Ecuador. (2017). Cartografía Nacional.
<https://www.geoportaligm.gob.ec/portal/>
- González-Orozco, C. E., Pollock, L. J., Thornhill, A. H., Mishler, B. D., Knerr, N., Laffan, S. W., ... Gruber, B. (2016). Phylogenetic approaches reveal biodiversity threats under climate change. *Nature Climate Change*, 6(12), 1110–1114. <https://doi.org/10.1038/nclimate3126>
- Gumbs, R., Gray, C. L., Böhm, M., Hoffmann, M., Grenyer, R., Jetz, W., ... Rosindell, J. (2020). Global priorities for conservation of reptilian phylogenetic diversity in the face of human impacts. *Nature Communications*, 11(1). <https://doi.org/10.1038/s41467-020-16410-6>
- Hall, T. A. (1999). BIOEDIT: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/ NT. *Nucleic Acids Symposium Series*, 41, 95–98.
- Hijmans, R. J. (2023). The 'raster' package. *R Package*, 1. Retrieved from <https://rspatial.org/raster/pkg/RasterPackage.pdf>
- Horacio-Zambrano, R. (2015). Breve historia y perspectiva para el futuro del Sistema Nacional de Áreas Protegidas del Ecuador (SNAP). In *VIII Jornadas Académicas Turismo y Patrimonio, Compartiendo lo nuestro con el mundo. Memorias Contribuciones Científicas* (1st ed., pp. 42–47). Escuela Superior Politécnica Agropecuaria de Manabí Manuel Félix López.
- Howard, S. D., & Bickford, D. P. (2014). Amphibians over the edge: silent extinction risk of Data Deficient species. *Diversity and Distributions*, 20(7), 837–846. <https://doi.org/10.1111/ddi.12218>
- IUCN. 2024. The IUCN Red List of Threatened Species. Version 2024-2. <https://www.iucnredlist.org>.
- Jiménez-Prado, P., Aguirre, W., Laaz-Moncayo, E., Navarrete-Amaya, R., Nugra-Salazar, F., Rebolledo-Monsalve, E., ... Valdiviezo-Rivera, J. (2015). Guía de peces para aguas continentales en la vertiente occidental del Ecuador. In *Pontificia Universidad Católica del Ecuador Sede*

Esmeraldas (PUCESE); Universidad del Azuay (UDA) y Museo Ecuatoriano de Ciencias Naturales (MECN) del Instituto Nacional de Biodiversidad. Esmeraldas-Ecuador. <https://doi.org/10.1088/1751-8113/44/8/085201>

Justicia, R. M. (2007). *Ecuador'S Choco Andean Corridor: a Landscape Approach for Conservation and Sustainable Development*. Retrieved from https://getd.libs.uga.edu/pdfs/justicia_rebeca_m_200712_phd.pdf

Karant, K. P., Gautam, S., Arekar, K., & Divya, B. (2019). Phylogenetic diversity as a measure of biodiversity: Pros and Cons. *Journal of the Bombay Natural History Society*, 116, 53–61. <https://doi.org/10.17087/jbnhs/2019/v116/120848>

Katoh, K. (2002). MAFFT: a novel method for rapid multiple sequence alignment based on fast Fourier transform. *Nucleic Acids Research*, 30(14), 3059–3066. <https://doi.org/10.1093/nar/gkf436>

Kembel, S., Ackerly, D. D., Blomberg, S. P., Cowan, P. D., Helmus, M. R., Morlon, H., & Webb, C. O. (2014). *picante* : R tools for integrating phylogenies and ecology.

Koo, H., Kleemann, J., Cuenca, P., Noh, J. K., & Fürst, C. (2024). Implications of landscape changes for ecosystem services and biodiversity: A national assessment in Ecuador. *Ecosystem Services*, 69(August), 101652. <https://doi.org/10.1016/j.ecoser.2024.101652>

Lehner, B., Roth, A., Huber, M., Anand, M., Grill, G., Osterkamp, N., ... & Thieme, M. (2021). HydroSHEDS v2. 0-Refined global river network and catchment delineations from TanDEM-X elevation data. In EGU General Assembly Conference Abstracts (pp. EGU21-9277).

Lujan, N. K., Meza-Vargas, V., Astudillo-Clavijo, V., Barriga-Salazar, R., & López-Fernández, H. (2015). A Multilocus Molecular Phylogeny for Chaetostoma Clade Genera and Species with a Review of Chaetostoma (Siluriformes: Loricariidae) from the Central Andes. *Copeia*, 103(3), 664–701. <https://doi.org/10.1643/CI-14-194>

Maldonado-Ocampo, J. A., Usma Oviedo, J. S., Villa-Navarro, F. A., Ortega-

- Lara, A., Prada-Pedrerros, S. ., Jimenez, L., ... Sánchez Garcés, G. C. (2012). *Peces Dulceacuícolas del Chocó Biogeográfico de Colombia* (1 ed.). Bogotá, Colombia: WWF Colombia, Instituto de Investigación de Recursos Biológicos Alexander von Humboldt.
<https://doi.org/10.13140/2.1.3449.9521>
- Matten, D. M., Mienna, I. M., Bieker, V. C., Mishler, B. D., Moen, V. S., Nygaard, M., ... Speed, J. D. M. (2023). Spatial patterns of phylogenetic and species diversity of Fennoscandian vascular plants in protected areas. *Biodiversity and Conservation*, 32(13), 4425–4443.
<https://doi.org/10.1007/s10531-023-02705-9>
- McIntyre, P. B., Flecker, A. S., Vanni, M. J., Hood, J. M., Taylor, B. W., & Thomas, S. A. (2008). Fish distributions and nutrient cycling in streams: Can fish create biogeochemical hotspots? *Ecology*, 89(8), 2335–2346.
<https://doi.org/10.1890/07-1552.1>
- Miranda, R., & Miqueleiz, I. (2021). Ecology and conservation of freshwater fishes biodiversity: We need more knowledge to develop conservation strategies. *Water (Switzerland)*, 13(14), 13–15.
<https://doi.org/10.3390/w13141929>
- Moilanen, A., Kujala, H., & Leathwick, J. R. (2009). *The Zonation framework and software for conservation prioritization*.
- Myers, N., Mittermeier, R. A., Mittermeier, C. G., da Fonseca, G. A. B., & Kent, J. (2000). Biodiversity hotspots for conservation priorities. *Nature*, 403(6772), 853–858. <https://doi.org/10.1038/35002501>
- National Center for Biotechnology Information (NCBI). (2025). GenBank overview. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/>
- Navarrete-Amaya, R., Shervette, V. R., Vélez, D., & Aguirre, W. E. (2021). Patrones Biogeográficos y Taxonómicos de los peces de la Vertiente Occidental del Ecuador. In P. Jiménez-Prado & J. Valdiviezo-Rivera (Eds.), *Diversidad de peces en Ecuador* (1ed., pp. 22–55). Red Ecuatoriana de ictiología, Pontificia Universidad Católica del Ecuador Sede Esmeraldas, Universidad Tecnológica Indoamérica, Instituto Nacional de Biodiversidad.

- Osorio, F., Vallejos, R., & Cuevas, F. (2016). *SpatialPack: Computing the Association Between Two Spatial Processes*. Retrieved from <http://arxiv.org/abs/1611.05289>
- Pagel, M. (1999). Inferring the historical patterns of biological evolution. *Nature*, *401*(6756), 877–884. <https://doi.org/10.1038/44766>
- Paradis, E., Blomberg, S., Bolker, B., Brown, J., Claramunt, S., Claude, J., & Desper, R. (2024). *Package ‘ape’*.
- Pebesma, E. (2018). Simple features for R: Standardized support for spatial vector data. *R Journal*, *10*(1), 439–446. <https://doi.org/10.32614/rj-2018-009>
- Pebesma, E., & Bivand, R. (2013). ‘sp’: classes and methods for spatial data. <Http://Rspatial.R-Forge.R-Project.Org/>.
- Pelicice, F. M., Azevedo-Santos, V. M., Vitule, J. R. S., Orsi, M. L., Lima Junior, D. P., Magalhães, A. L. B., ... Agostinho, A. A. (2017). Neotropical freshwater fishes imperilled by unsustainable policies. *Fish and Fisheries*, *18*(6), 1119–1133. <https://doi.org/10.1111/faf.12228>
- Pérez-Escobar, O. A., Lucas, E., Jaramillo, C., Monro, A., Morris, S. K., Bogarín, D., ... Antonelli, A. (2019). The Origin and Diversification of the Hyperdiverse Flora in the Chocó Biogeographic Region. *Frontiers in Plant Science*, *10*. <https://doi.org/10.3389/fpls.2019.01328>
- Powers, R. P., & Jetz, W. (2019, April 1). Global habitat loss and extinction risk of terrestrial vertebrates under future land-use-change scenarios. *Nature Climate Change*, Vol. 9, pp. 323–329. Nature Publishing Group. <https://doi.org/10.1038/s41558-019-0406-z>
- QGIS.org, 2025. QGIS Geographic Information System. QGIS Association. <http://www.qgis.org>
- R Core Team. (2020). R: A Language and Environment for Statistical Computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. <http://www.R-project.org/>
- Ratnasingham, S., & Hebert, P. D. N. (2007). BOLD: The Barcode of Life Data

System: Barcoding. *Molecular Ecology Notes*, 7(3), 355–364.

<https://doi.org/10.1111/j.1471-8286.2007.01678.x>

Rebolledo Monsalve, E., Jiménez Prado, P., Molinero Ortiz, J., & Toulkeridis, T. (2022). Differences in Fish Abundance in Rivers under the Influence of Open-Pit Gold Mining in the Santiago-Cayapas Watershed, Esmeraldas, Ecuador. *Water*, 14(19), 2992. <https://doi.org/10.3390/w14192992>

Redding, D. W., & Mooers, A. O. (2015). Ranking mammal species for conservation and the loss of both phylogenetic and trait diversity. *PLoS ONE*, 10(12). <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0141435>

Rodrigues, A. S. ., & Gaston, K. J. (2002). Maximising phylogenetic diversity in the selection of networks of conservation areas. *Biological Conservation*, 105(1), 103–111. [https://doi.org/10.1016/S0006-3207\(01\)00208-7](https://doi.org/10.1016/S0006-3207(01)00208-7)

Rodríguez–Olarde, D., Taphorn, D. C., & Lobón-Cerviá, J. (2011). Do protected areas conserve neotropical freshwater fishes? A case study of a biogeographic province in Venezuela. *Animal Biodiversity and Conservation*, 34(2), 273–285. <https://doi.org/10.32800/abc.2011.34.0273>

Roll, U., Feldman, A., Novosolov, M., Allison, A., Bauer, A. M., Bernard, R., ... Meiri, S. (2017). The global distribution of tetrapods reveals a need for targeted reptile conservation. *Nature Ecology and Evolution*, 1(11), 1677–1682. <https://doi.org/10.1038/s41559-017-0332-2>

Román–Valencia, C., Ruiz–C, R. I., Taphorn B, D. C., Jiménez–Prado, P., & García–Alzate, C. A. (2015). A new species of bryconamericus (Characiformes, stevardiinae, characidae) from the pacific coast of northwestern ecuador, south america. *Animal Biodiversity and Conservation*, 38(2), 241–252. <https://doi.org/10.32800/abc.2015.38.0241>

Rosauer, D. F., & Jetz, W. (2015). Phylogenetic endemism in terrestrial mammals. *Global Ecology and Biogeography*, 24(2), 168–179. <https://doi.org/10.1111/geb.12237>

Rosauer, D. F., Pollock, L. J., Linke, S., & Jetz, W. (2017). Phylogenetically informed spatial planning is required to conserve the mammalian tree of life. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 284(1865).

<https://doi.org/10.1098/rspb.2017.0627>

- Rosauer, D., Laffan, S. W., Crisp, M. D., Donnellan, S. C., & Cook, L. G. (2009). Phylogenetic endemism: A new approach for identifying geographical concentrations of evolutionary history. *Molecular Ecology*, 18(19), 4061–4072. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2009.04311.x>
- Safi, K., Cianciaruso, M. V., Loyola, R. D., Brito, D., Armour-Marshall, K., & Diniz-Filho, J. A. F. (2011). Understanding global patterns of mammalian functional and phylogenetic diversity. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*, 366(1577), 2536–2544. <https://doi.org/10.1098/rstb.2011.0024>
- Sahlin, K., Lim, M. C. W., & Prost, S. (2021). NGSpeciesID: DNA barcode and amplicon consensus generation from long-read sequencing data. *Ecology and Evolution*, 11(3), 1392–1398. <https://doi.org/10.1002/ece3.7146>
- Sajina, A. M., Sudheesan, D., Lohith Kumar, K., & M, S. K. (2021). Fish as Ecological Health Indicators of Freshwater Ecosystems. *Biotica Research Today*, 3(1), 77–80.
- Sangeetha, M., & Sajina, A. (2021). Fish as Bio-Control Agent for Microalgae and Macrophytes in Various Aquatic Ecosystems. *Biotica Research Today*, 3(12), 1133–1136.
- Sierra, R. (2013). *Patrones y factores de deforestación en el Ecuador continental, 1990-2010. Y un acercamiento a los próximos 10 años.* (1 ed.). Quito: Conservación Internacional Ecuador y Forest Trends. Retrieved from www.forest-trends.org
- Skov, F., & Borchsenius Skov, F. (1997). Predicting plant species distribution patterns using simple climatic parameters: a case study of Ecuadorian palms. *Ecography*, (20), 347–355.
- Snäll, T., Lehtomäki, J., Arponen, A., Elith, J., & Moilanen, A. (2016). Green Infrastructure Design Based on Spatial Conservation Prioritization and Modeling of Biodiversity Features and Ecosystem Services. *Environmental Management*, 57(2), 251–256. <https://doi.org/10.1007/s00267-015-0613-y>

- Strecker, A. L., Olden, J. D., Whittier, J. B., & Paukert, C. P. (2011). Defining conservation priorities for freshwater fishes according to taxonomic, functional, and phylogenetic diversity. *Ecological Applications*, *21*(8), 3002–3013. <https://doi.org/10.1890/11-0599.1>
- Tobes, I., Falconí-López, A., Valdiviezo-Rivera, J., & Provenzano-Rizzi, F. (2020). A new species of microglanis (Siluriformes: Pseudopimelodidae) from the pacific slope of Ecuador. *Neotropical Ichthyology*, *18*(2), 1–19. <https://doi.org/10.1590/1982-0224-2019-0023>
- Tonella, L. H., Ruaro, R., Daga, V. S., Garcia, D. A. Z., Vitorino, O. B., Lobato-de Magalhães, T., ... de Lucena, Z. M. S. (2023). NEOTROPICAL FRESHWATER FISHES: A dataset of occurrence and abundance of freshwater fishes in the Neotropics. *Ecology*, *104*(4). <https://doi.org/10.1002/ecy.3713>
- Tonini, J. F. R., Beard, K. H., Ferreira, R. B., Jetz, W., & Pyron, R. A. (2016). Fully-sampled phylogenies of squamates reveal evolutionary patterns in threat status. *Biological Conservation*, *204*, 23–31. <https://doi.org/10.1016/j.biocon.2016.03.039>
- Trifinopoulos, J., Nguyen, L.-T., von Haeseler, A., & Minh, B. Q. (2016). W-IQ-TREE: a fast online phylogenetic tool for maximum likelihood analysis. *Nucleic Acids Research*, *44*(W1), W232–W235. <https://doi.org/10.1093/nar/gkw256>
- Vanni, M. J. (2002). Nutrient cycling by animals in freshwater ecosystems. *Annual Review of Ecology and Systematics*, *33*, 341–370. <https://doi.org/10.1146/annurev.ecolsys.33.010802.150519>
- Vargas-Amado, G., Castro-Castro, A., Harker, M., Luis Villaseñor, J., Ortiz, E., & Rodríguez, A. (2013). Distribución geográfica y riqueza del género *Cosmos* (Asteraceae: Coreopsidae). *Revista Mexicana de Biodiversidad*, *84*(2), 536–555. <https://doi.org/10.7550/rmb.31481>
- Vasiljevic, N., Lim, M., Humble, E., Seah, A., Kratzer, A., Morf, N. V., ... Ogden, R. (2021). Developmental validation of Oxford Nanopore Technology MinION sequence data and the NGSspeciesID bioinformatic pipeline for

- forensic genetic species identification. *Forensic Science International: Genetics*, 53, 102493. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2021.102493>
- Venter, O., Sanderson, E. W., Magrath, A., Allan, J. R., Beher, J., Jones, K. R., ... Watson, J. E. M. (2016). Sixteen years of change in the global terrestrial human footprint and implications for biodiversity conservation. *Nature Communications*, 7. <https://doi.org/10.1038/ncomms12558>
- Voskamp, A., Baker, D. J., Stephens, P. A., Valdes, P. J., & Willis, S. G. (2017). Global patterns in the divergence between phylogenetic diversity and species richness in terrestrial birds. *Journal of Biogeography*, 44(4), 709–721. <https://doi.org/10.1111/jbi.12916>
- Ward, R. D. (2009). DNA barcode divergence among species and genera of birds and fishes. *Molecular Ecology Resources*, 9(4), 1077–1085. <https://doi.org/10.1111/j.1755-0998.2009.02541.x>
- Wickham, H., Vaughan, D., & Girlich, M. (2024). *tidyr: Tidy Messy Data. R package version 1.3.1*. Retrieved from <https://cran.r-project.org/package=tidyr>
- Wiens, J. J. (2004). Speciation and ecology revisited: Phylogenetic niche conservatism and the origin of species. *Evolution*, 58(1), 193–197. <https://doi.org/10.1111/j.0014-3820.2004.tb01586.x>
- Winter, M., Devictor, V., & Schweiger, O. (2013, April). Phylogenetic diversity and nature conservation: Where are we? *Trends in Ecology and Evolution*, Vol. 28, pp. 199–204. <https://doi.org/10.1016/j.tree.2012.10.015>
- Xu, F. L., Jørgensen, S. E., & Tao, S. (1999). Ecological indicators for assessing freshwater ecosystem health. *Ecological Modelling*, 116(1), 77–106. [https://doi.org/10.1016/S0304-3800\(98\)00160-4](https://doi.org/10.1016/S0304-3800(98)00160-4)
- Yáñez, P., Bolívar, S., & Fernández, J. (2016). Las Áreas Naturales Protegidas del Ecuador: Características y Problemática General. *Qualitas*, 11, 41–55.
- Yarberry, W. (2021). DPLYR. In *CRAN Recipes* (pp. 1–58). Berkeley, CA: Apress. https://doi.org/10.1007/978-1-4842-6876-6_1
- Yi, S., Jin, W., Yuan, Y., & Fang, Y. (2018). An Optimized CTAB Method for

Genomic DNA Extraction from Freshly-picked Pinnae of Fern, *Adiantum capillus-veneris* L. *BIO-PROTOCOL*, 8(13).
<https://doi.org/10.21769/BioProtoc.2906>

ANEXOS

ANEXO 1: Especies de estudio

Tabla 1. Especies de estudio para determinar las áreas de conservación de peces del occidente del Ecuador. Se incluye los códigos de acceso a GenBank y BOLD, el estatus en la lista roja, el tipo de especie y la distribución.

Orden	Familia	Especie	# Acceso COI	Lista Roja		Tipo de especie	Distribución				
				UICN	Nacional		I	SC	E	G	C
Characiformes	Acestrorhamphidae	Pseudochalceus bohlkei	Este estudio	DD	EN	Endémica	X	X			
Characiformes	Acestrorhamphidae	Pseudochalceus lineatus	OR395319.1	LC	LC	Endémica	X	X	X		
Characiformes	Acestrorhamphidae	Rhoadsia altipinna	MZ820714.1	LC	LC	Nativa	X	X	X	X	
Characiformes	Acestrorhamphidae	Rhoadsia minor	MZ820750.1	LC	DD	Endémica	X		X	X	
Characiformes	Anostomidae	Leporinus ecuadorensis	KY524544	LC	NT	Endémica	X		X		
Characiformes	Bryconidae	Brycon alburnus	BRY217-19	NT	LC	Endémica		X	X	X	
Characiformes	Bryconidae	Brycon atrocaudatus	OR395328.1	LC	LC	Nativa	X	X	X	X	
Characiformes	Bryconidae	Brycon dentex	BRY254-19	LC	LC	Nativa	X	X	X	X	
Characiformes	Bryconidae	Brycon oligolepis	PQ233773.1	LC	LC	Nativa	X	X	X	X	
Characiformes	Bryconidae	Brycon posadae	Este estudio	NT	LC	Nativa	X	X			
Characiformes	Characidae	Roeboides occidentalis	MG937248.1	LC	-	Nativa	X	X			
Characiformes	Curimatidae	Pseudocurimata boehlkei	MH537319.1	DD	VU	Endémica		X	X		
Characiformes	Curimatidae	Pseudocurimata bouleengeri	MH537320.1	NT	NT	Endémica			X	X	
Characiformes	Curimatidae	Pseudocurimata lineopunctata	MH537322.1	LC	LC	Nativa	X				
Characiformes	Curimatidae	Pseudocurimata troschelii	MH537326.1	LC	LC	Nativa			X	X	
Characiformes	Erythrinidae	Hoplias malabaricus	OR732947.1	LC	-	Nativa	X	X	X	X	
Characiformes	Erythrinidae	Hoplias microlepis	OR395348.1	LC	-	Nativa	X		X	X	
Characiformes	Gasteropelecidae	Gasteropelecus maculatus	MG936920.1	LC	-	Nativa	X				
Characiformes	Lebiasinidae	Lebiasina astrigata	MH921292.1	LC	-	Nativa	X	X	X		
Characiformes	Lebiasinidae	Lebiasina aureoguttata	Este estudio	LC	-	Endémica		X	X	X	
Characiformes	Lebiasinidae	Lebiasina bimaculata	OR395344.1	LC	-	Nativa	X		X	X	
Characiformes	Parodontidae	Saccodon wagneri	ROM	LC	-	Nativa			X	X	
Characiformes	Prochilodontidae	Ichthyoelephas humeralis	ROM	NT	NT	Endémica	X	X			
Characiformes	Stevardiidae	Eretmobycon festae	OR395321.1	LC	-	Nativa	X	X	X	X	
Characiformes	Stevardiidae	Eretmobycon brevisrostris	MH003100.1	LC	-	Nativa	X	X	X	X	
Characiformes	Stevardiidae	Eretmobycon ecuadorensis	OR395320.1	NT	-	Endémica			X	X	
Characiformes	Stevardiidae	Eretmobycon quatarae	MH003158.1	LC	LC	Nativa	X	X	X	X	
Characiformes	Stevardiidae	Eretmobycon peruanus	KF210072.1	LC	-	Nativa	X	X	X	X	
Characiformes	Stevardiidae	Eretmobycon scleroparius	ROM	LC	-	Nativa	X		X	X	
Siluriformes	Astroblepidae	Astroblepus chotae	UDEA024-18	LC	-	Nativa	X				
Siluriformes	Astroblepidae	Astroblepus cyclopus	OR395334.1	LC	LC	Nativa	X	X			
Siluriformes	Astroblepidae	Astroblepus eigenmanni	QQ420764	-	-	Endémica		X			
Siluriformes	Astroblepidae	Astroblepus fissidens	QQ420763	NT	-	Endémica		X			
Siluriformes	Astroblepidae	Astroblepus longifilis	FSWPU033-12	LC	DD	Nativa			X		
Siluriformes	Astroblepidae	Astroblepus mindoensis	OR468318.1	NT	NT	Endémica		X			
Siluriformes	Astroblepidae	Astroblepus regani	MN542108.1	DD	DD	Endémica	X				
Siluriformes	Astroblepidae	Astroblepus theresiae	OQ442811	NT	DD	Endémica		X			
Siluriformes	Cetopsidae	Paracetopsis bleekeri	ROM	NT	DD	Endémica	X	X	X		
Siluriformes	Cetopsidae	Paracetopsis esmeraldas	Este estudio	NT	NT	Endémica	X	X			
Siluriformes	Heptapteridae	Pimelodella elongata	Este estudio	LC	LC	Nativa	X	X	X	X	
Siluriformes	Heptapteridae	Pimelodella modesta	MW830110.1	LC	LC	Nativa	X	X	X	X	
Siluriformes	Heptapteridae	Rhamdia quelen	MG496223.1	LC	-	Nativa		X	X	X	
Siluriformes	Heptapteridae	Rhamdia cinerascens	MT469160.1	-	LC	Endémica			X	X	
Siluriformes	Heptapteridae	Rhamdia guatemalensis	OR395345.1	LC	-	Nativa	X		X		
Siluriformes	Loricariidae	Ancistrus clementinae	OQ132523.1	LC	LC	Nativa			X	X	
Siluriformes	Loricariidae	Transancistrus aequinoctialis	ROM	LC	LC	Endémica		X	X	X	
Siluriformes	Loricariidae	Transancistrus santarosensis	OR237842.1	LC	LC	Endémica		X	X	X	
Siluriformes	Loricariidae	Chaetostoma bifurcum	OR395333.1	-	DD	Nativa			X	X	
Siluriformes	Loricariidae	Chaetostoma milesi	PQ233828.1	LC	-	Nativa		X			
Siluriformes	Loricariidae	Chaetostoma fischeri	MG936833.1	LC	-	Nativa	X	X	X	X	
Siluriformes	Loricariidae	Hypostomus annectens	MZ345687.1	VU	LC	Nativa	X	X			
Siluriformes	Loricariidae	Hemiancistrus furtivus	Este estudio	-	-	Endémica		X			
Siluriformes	Loricariidae	Hemiancistrus landoni	ROM	LC	LC	Endémica	X	X	X	X	
Siluriformes	Loricariidae	Isorineloricaria spinosissima	MN854557.1	LC	LC	Endémica		X	X	X	
Siluriformes	Loricariidae	Rineloricaria jubata	UDEA189-18	LC	DD	Nativa	X	X	X	X	
Siluriformes	Pseudopimelodidae	Microglanis variegatus	ROM	LC	LC	Endémica		X	X	X	
Siluriformes	Trichomycteridae	Trichomycterus banneai	PQ233824.1	LC	DD	Nativa	X	X	X	X	
Siluriformes	Trichomycteridae	Trichomycterus taenia	ROM	LC	LC	Nativa	X	X	X	X	
Gymnotiformes	Apteronotidae	Apteronotus rostratus	MK401971.1	LC	-	Nativa		X	X		
Gymnotiformes	Gymnotidae	Gymnotus esmeraldas	ON303391.1	LC	LC	Endémica	X	X	X	X	
Gymnotiformes	Hypopomidae	Brachyhypopomus palenque	KF533329.1	-	DD	Endémica		X	X	X	
Gymnotiformes	Sternopygidae	Sternopygus arenatus	ON303460.1	LC	LC	Endémica		X			
Gymnotiformes	Sternopygidae	Sternopygus macrurus	KF533349.1	LC	-	Nativa	X	X	X		
Cyprinodontiformes	Poeciliidae	Pseudopoecilia fria	OR395356.1	LC	LC	Endémica	X	X	X	X	
Syngnathiformes	Syngnathidae	Pseudophallus starksi	MG937173.1	LC	LC	Nativa	X				
Synbranchiformes	Synbranchidae	Synbranchus marmoratus	MZ051994.1	LC	-	Nativa				X	
Mugiliformes	Mugilidae	Dajaus monticola	JQ060403.1	LC	-	Nativa	X	X	X	X	
Acanthuriformes	Gerreidae	Diapterus brevisrostris	MN756232.2	-	-	Nativa	X				
Cichliformes	Cichlidae	Andinoacara blombergi	ROM	LC	LC	Endémica	X	X			
Cichliformes	Cichlidae	Andinoacara rivulatus	MT505734.1	LC	-	Nativa	X	X	X	X	
Cichliformes	Cichlidae	Mesoheros festae	OR395331.1	-	LC	Nativa	X	X	X	X	
Gobiiformes	Eleotridae	Dormitator latifrons	MG936886.1	LC	LC	Nativa	X	X	X	X	
Gobiiformes	Eleotridae	Eleotris picta	MG496140.1	LC	LC	Nativa	X	X	X		
Gobiiformes	Eleotridae	Gobiomorus maculatus	MG496147.1	LC	-	Nativa	X	X	X	X	
Gobiiformes	Eleotridae	Hemieleotris latifasciata	MG496152.1	LC	-	Nativa	X				
Acanthuriformes	Haemulidae	Rhonciscus bayanus	MF446583.1	LC	-	Nativa		X	X		
Gobiiformes	Oxudercidae	Awaous transandeanus	OR395325.1	LC	-	Nativa	X	X	X		
Gobiiformes	Oxudercidae	Gobionellus microdon	PQ063962.1	LC	-	Nativa	X				
Gobiiformes	Oxudercidae	Sicydium hildebrandi	UTCHB006-24	LC	-	Nativa		X	X		
Gobiiformes	Oxudercidae	Sicydium salvi	MG496238.1	LC	-	Nativa	X	X			
Acanthuriformes	Sciaenidae	Cynoscion albus	OP578238.1	DD	-	Nativa	X		X		
Carangiformes	Cyclopsettidae	Citharichthys gilberti	OR900218.1	LC	-	Nativa	X	X	X	X	

Estatus de la lista roja: NE No Evaluado, DD Datos Insuficientes, LC Preocupación Menor, NT Casi Amenazado, VU Vulnerable, EN En Peligro, CR En Peligro Crítico y CO Colapsado.

Distribución en cuencas Hidrográficas: I Intermareal, SC Santiago Cayapas, E Esmeraldas, G Guayas y C Catamayo.

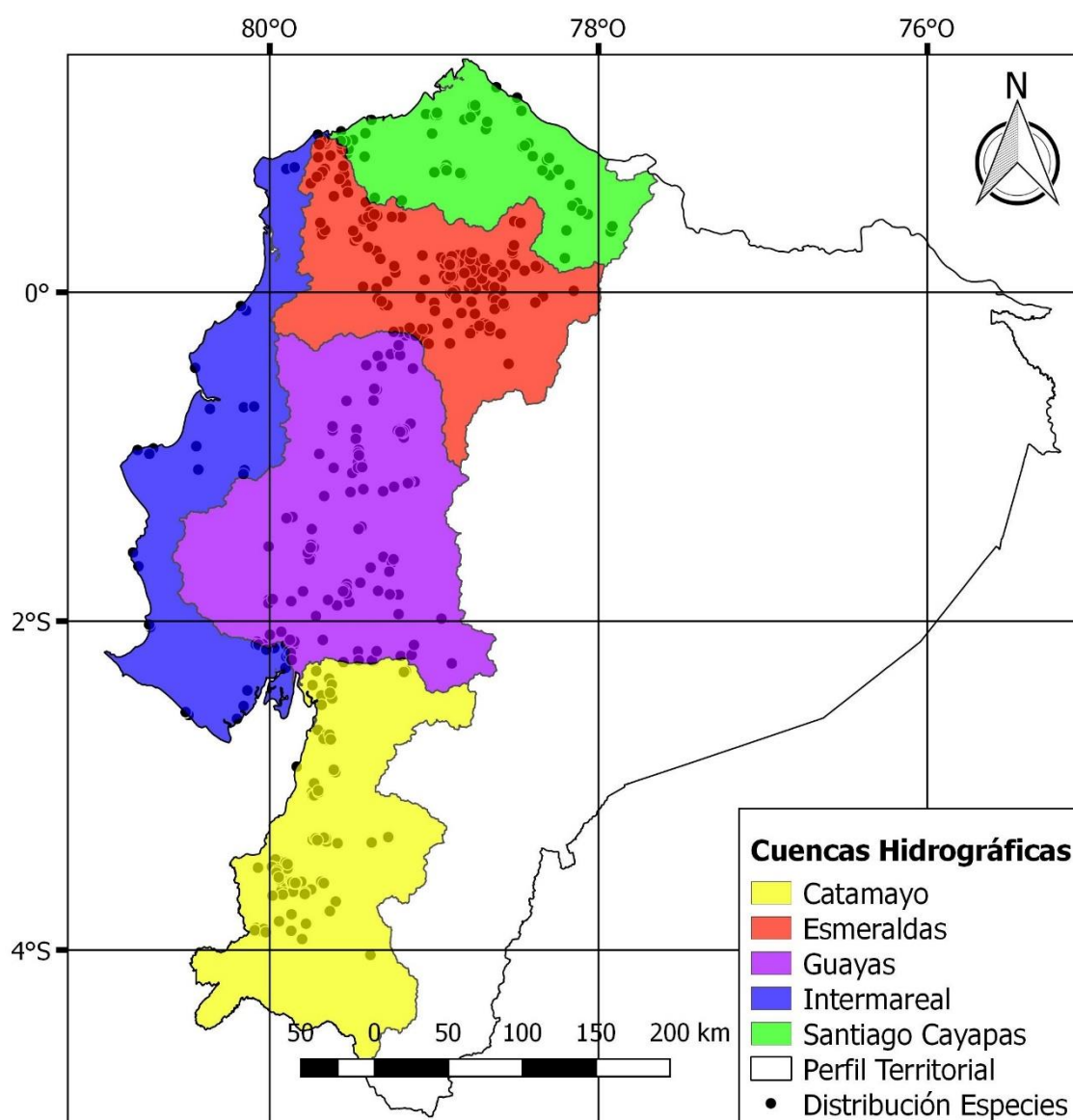
Tabla 2. Especies que no ingresaron en el estudio.

Orden	Familia	Especie
Characiformes	Acestrorhamphidae	Astyanax panamensis
Characiformes	Acestrorhamphidae	Hyphessobrycon ecuadoriensis
Characiformes	Acestrorhamphidae	Grundulus quitoensis
Characiformes	Acestrorhamphidae	Pseudochalceus longianalis
Characiformes	Curimatidae	Pseudocurimata peruana
Characiformes	Parodontidae	Saccodon terminalis
Characiformes	Stevardiidae	Bryconamericus bucayensis
Characiformes	Stevardiidae	Eretmobrycon simus
Characiformes	Stevardiidae	lotabrycon praecox
Characiformes	Stevardiidae	Landonia latidens
Characiformes	Stevardiidae	Phenacobrycon henni
Siluriformes	Astroblepidae	Astroblepus brachycephalus
Siluriformes	Astroblepidae	Astroblepus chimborazoi
Siluriformes	Astroblepidae	Astroblepus ubidiai
Siluriformes	Cetopsidae	Cetopsis amphiloza
Siluriformes	Cetopsidae	Paracetopsis atahualpa
Siluriformes	Heptapteridae	Pimelodella grisea
Siluriformes	Loricariidae	Chaetostoma marginatum
Siluriformes	Loricariidae	Sturisomatichthys frenatus
Siluriformes	Pseudopimelodidae	Batrochoglanis transmontanus
Siluriformes	Pseudopimelodidae	Microglanis berbixae
Siluriformes	Trichomycteridae	Ituglanis laticeps
Siluriformes	Trichomycteridae	Trichomycterus taczanowskii
Cyprinodontiformes	Poeciliidae	Pseudopoecilia festae
Beloniformes	Belontiidae	Strongylura fluviatilis
Cichliformes	Cichlidae	Andinoacara sapayensis
Cichliformes	Cichlidae	Mesoheros ornatus
Gobiiformes	Oxudercidae	Gobioides peruanus
Gobiiformes	Oxudercidae	Sicydium rosenbergii

Tabla 3. Especies usadas como grupo externo, con el código de acceso a GenBank.

Orden	Familia	Especie	# Acceso COI
Salmoniformes	Salmonidae	Salmo trutta	MK785003.1
Salmoniformes	Salmonidae	Oncorhynchus mykiss	MW564411.1

ANEXO 2: Mapa de distribución de todas las especies de estudio



ANEXO 3: Contrato Marco de Acceso a Recursos Genéticos

Debido a las restricciones impuestas por la institución que me proporcionó el contrato marco, no es posible compartirlo en su totalidad; por ello, solo se presenta una captura de pantalla como evidencia.



CONTRATO MARCO DE ACCESO A LOS RECURSOS GENÉTICOS DEL PROYECTO DE INVESTIGACIÓN CIENTÍFICA DENOMINADO: "ANÁLISIS MOLECULARES DE LAS COLECCIONES DE VERTEBRADOS DEPOSITADAS EN EL MUSEO DE HISTORIA NATURAL "GUSTAVO ORCÉS V" CELEBRADO ENTRE EL MINISTERIO DEL AMBIENTE, AGUA Y TRANSICIÓN ECOLÓGICA, A TRAVÉS DE LA SUBSECRETARÍA DE PATRIMONIO NATURAL; Y LA ESCUELA POLITÉCNICA NACIONAL

MAATE-DBI-CM-2022-0262

COMPARECIENTES:

A la suscripción del presente **Contrato Marco de Acceso a los Recursos Genéticos** comparecen, por una parte el **Ministerio del Ambiente, Agua y Transición Ecológica**, a través de la Subsecretaría de Patrimonio Natural, legalmente representado por la Ing. **GLENDIA GIVABEL ORTEGA SÁNCHEZ**, en su calidad de Subsecretaria de Patrimonio Natural, conforme Acción de Personal Nro. 0354 de 16 de Marzo de 2021, y delegación contenida en el Acuerdo Ministerial Nro. MAATE-2020-24 de 31 de agosto de 2020, a quien en adelante se le denominará "**MAATE**"; y, por otra parte, la **Escuela Politécnica Nacional**, legalmente representada por la Dra. **FLORINELLA MUÑOZ BISESTI**, Ph.D, en su calidad de Rectora, conforme copia certificada de la Acción de Personal Nro. 3139-2018, rige a partir de 13 de diciembre de 2018, que se agrega como documento habilitante y a quien en adelante se le denominará "**EPN**".

ANEXO 4: Resultados HITE

Tabla. 1. Resultados de las métricas utilizadas para el calculo de HITE para cada especie.

Especies	TBL	Rango	Score	TE	HITE
Pseudocurimata boehlkei	0.041	8	0.702	0.005	0.058
Pseudocurimata lineopunctata	0.069	2	0.824	0.035	0.084
Pseudocurimata boulengeri	0.110	9	0.532	0.012	0.207
Pseudocurimata troschelii	0.127	16	0.600	0.008	0.212
Leporinus ecuadorensis	0.194	10	0.431	0.019	0.449
Hoplias microlepis	0.031	20	0.580	0.002	0.054
Hoplias malabaricus	0.042	5	0.712	0.008	0.058
Pimelodella modesta	0.122	28	0.677	0.004	0.181
Rhamdia quelen	0.002	13	0.692	0.000	0.003
Rhamdia guatemalensis	0.013	4	0.541	0.003	0.024

<i>Rhamdia cinerascens</i>	0.039	8	0.540	0.005	0.071
<i>Eretmobrycon festae</i>	0.000	28	0.629	0.000	0.000
<i>Eretmobrycon brevirostris</i>	0.002	19	0.662	0.000	0.003
<i>Eretmobrycon ecuadorensis</i>	0.013	3	0.541	0.004	0.023
<i>Eretmobrycon peruanus</i>	0.007	34	0.655	0.000	0.011
<i>Eretmobrycon guaytarae</i>	0.020	24	0.694	0.001	0.028
<i>Pseudochalceus lineatus</i>	0.142	11	0.695	0.013	0.204
<i>Rhoadsia altipinna</i>	0.003	49	0.658	0.000	0.005
<i>Rhoadsia minor</i>	0.002	17	0.732	0.000	0.003
<i>Roeboides occidentalis</i>	0.210	7	0.735	0.030	0.286
<i>Brycon atrocaudatus</i>	0.003	41	0.685	0.000	0.005
<i>Brycon alburnus</i>	0.005	20	0.610	0.000	0.008
<i>Brycon oligolepis</i>	0.016	8	0.697	0.002	0.023
<i>Brycon dentex</i>	0.165	23	0.654	0.007	0.252
<i>Gasteropelecus maculatus</i>	0.343	1	0.712	0.343	0.482
<i>Sternopygus arenatus</i>	0.064	8	0.476	0.008	0.135
<i>Sternopygus macrurus</i>	0.077	4	0.568	0.019	0.135
<i>Gymnotus esmeraldas</i>	0.225	5	0.696	0.045	0.323
<i>Brachyhypopomus palenque</i>	0.291	9	0.623	0.032	0.467
<i>Andinoacara rivulatus</i>	0.179	45	0.666	0.004	0.269
<i>Mesoheros festae</i>	0.222	18	0.683	0.012	0.325
<i>Rhonciscus bayanus</i>	0.331	3	0.371	0.110	0.893
<i>Dajaus monticola</i>	0.285	9	0.722	0.032	0.394
<i>Diapterus brevirostris</i>	0.004	4	0.600	0.001	0.007
<i>Pseudophallus starksii</i>	0.335	2	0.701	0.167	0.477
<i>Cynoscion albus</i>	0.251	4	0.400	0.063	0.628
<i>Dormitator latifrons</i>	0.169	8	0.493	0.021	0.343
<i>Eleotris picta</i>	0.175	9	0.575	0.019	0.304
<i>Gobiomorus maculatus</i>	0.111	13	0.655	0.009	0.170
<i>Hemieleotris latifasciata</i>	0.173	3	0.877	0.058	0.198
<i>Apteronotus rostratus</i>	0.012	6	0.691	0.002	0.017
<i>Awaous transandeanus</i>	0.025	13	0.673	0.002	0.037
<i>Sicydium salvini</i>	0.129	2	0.840	0.064	0.153
<i>Sicydium hildebrandi</i>	0.083	3	0.712	0.028	0.117
<i>Gobionellus microdon</i>	0.252	2	0.751	0.126	0.336
<i>Brycon posadae</i>	0.240	2	0.751	0.120	0.320
<i>Citharichthys gilberti</i>	0.406	4	0.560	0.101	0.724
<i>Pseudopoecilia fria</i>	0.426	24	0.674	0.018	0.632
<i>Synbranchus marmoratus</i>	0.435	1	0.456	0.435	0.953
<i>Lebiasina astrigata</i>	0.145	9	0.764	0.016	0.190
<i>Lebiasina bimaculata</i>	0.078	31	0.609	0.003	0.128
<i>Trichomycterus banneau</i>	0.213	3	0.664	0.071	0.321

Ancistrus clementinae	0.166	16	0.703	0.010	0.236
Hypostomus annectens	0.053	6	0.672	0.009	0.078
Isorineloricaria spinosissima	0.070	11	0.536	0.006	0.130
Transancistrus santarosensis	0.083	13	0.724	0.006	0.114
Chaetostoma bifurcum	0.033	14	0.710	0.002	0.046
Chaetostoma fischeri	0.035	6	0.693	0.006	0.050
Chaetostoma milesi	0.061	1	0.776	0.061	0.078
Rineloricaria jubata	0.167	10	0.723	0.017	0.231
Astroblepus cyclopus	0.063	19	0.723	0.003	0.087
Astroblepus regani	0.000	4	0.524	0.000	0.000
Astroblepus eigenmanni	0.026	13	0.632	0.002	0.041
Astroblepus mindoensis	0.005	17	0.770	0.000	0.007
Astroblepus chotae	0.026	3	0.637	0.009	0.040
Astroblepus theresiae	0.025	14	0.715	0.002	0.035
Astroblepus longifilis	0.081	3	0.611	0.027	0.133
Astroblepus fissidens	0.047	11	0.772	0.004	0.061

ANEXO 5: Curva de análisis Zonation

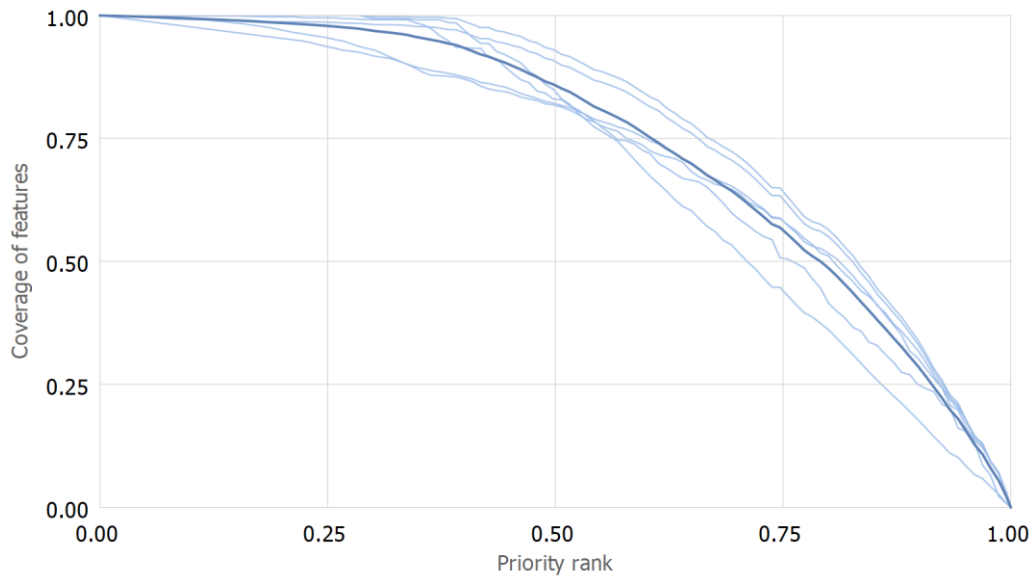


Fig. 1. Curva de pérdida acumulativa del valor de conservación durante la remoción progresiva del paisaje del análisis Zonation