

**PONTIFICIA UNIVERSIDAD CATÓLICA DEL ECUADOR**

**FACULTAD DE CIENCIAS EXACTAS Y NATURALES**

**ESCUELA DE CIENCIAS BIOLÓGICAS**

**DIVERSIDAD GENÉTICA Y RELACIONES GENEALÓGICAS DEL  
MURCIÉLAGO ROSTRO DE FANTASMA *Mormoops megalophylla* Peters, 1864  
(Chiroptera: Mormoopidae) EN ECUADOR.**

Disertación previa a la obtención del título de Licenciada en Ciencias Biológicas

**VERÓNICA PATRICIA LEIVA DÍAZ**

**QUITO 2016**

Quito, 13 de Abril de 2016

### **CERTIFICADO**

Yo, Ma. Alejandra Camacho M., directora de la Disertación, certifico: que la Disertación de Licenciatura en Ciencias Biológicas de la Srta. Verónica Patricia Leiva Díaz, ha sido concluida de conformidad con las normas establecidas; por lo tanto, puede ser presentada para la calificación correspondiente.

M.Sc. Ma. Alejandra Camacho M.

Directora de la Disertación

*A mi familia*

## AGRADECIMIENTOS

- A Alejandra Camacho por brindarme la oportunidad de ser su primera tesista y por tener paciencia en el proceso.
- A Santiago Burneo por permitirme ser parte del QCAZ-M, por sugerir el trabajo con esta especie tan maravillosa y por las correcciones en el trabajo.
- A Alexandra Narváez por sus aportes y correcciones en el manuscrito.
- A la Dirección de Investigación de la Pontificia Universidad Católica del Ecuador por financiar el proyecto.
- A las Direcciones Provinciales de Pichincha y Carchi del Ministerio del Ambiente del Ecuador (MAE) por otorgar los permisos necesarios para realizar la investigación.
- A Daniel Chávez, por animarme a realizar esta investigación.
- A José Luis Rivera, por las recomendaciones y comentarios en el manuscrito.
- A Dianita B, por su invaluable ayuda en la revisión del trabajo y por su amistad.
- A mis asistentes de campo: Alex Défaz, Javier Pinto, José Tinajero, Diego Tirira, Liset Tufiño, Andrea García, Max Araujo, Anaid Cueva, Tamia Otálora, Vane Centeno.
- A mis profesores y amigos de la UAM-I: Ricardo Lopez-Wilchis, Luis Guevara-Chumacero, Ale Serrato, Domingo, Dafne, Mayela, Yanin, Angie, Karen y Eloiza que fueron un pilar fundamental en el aprendizaje de las técnicas de laboratorio y manejo de programas.
- Grupo de mamíferos y al LDBM de la UAM-I por permitirme ser parte de su grupo de trabajo y realizar la fase de laboratorio de la investigación.
- A mis padres: Hugo y Rosa Alicia y a mi hermana Ruth por estar siempre conmigo.
- A Ricardo Zambrano por ser parte de mi vida y darme su apoyo.
- A mis amigos por estar a mi lado: Gaby, Vane, Ricky, Luna, Pao y Esteban.

## TABLA DE CONTENIDOS

1. RESUMEN .....	1
2. ABSTRACT .....	2
3. REVISIÓN BIBLIOGRÁFICA.....	3
4. MANUSCRITO PARA PUBLICACIÓN.....	11
5. ANEXOS .....	34

## LISTA DE FIGURAS

- Figura 1. Localidades de recolección y marcaje de *Mormoops megalophylla* en Ecuador.** GP (Gruta de la Paz – Carchi) en rojo y SAP (San Antonio de Pichincha - Pichincha) en verde.....36
- Figura 2. Distribución geográfica de los haplotipos de D-Loop en las dos localidades.** Los pasteles muestran la ubicación geográfica de los haplotipos y su distribución en las dos localidades. Los colores indican que el haplotipo es compartido y el blanco indica que son exclusivos a cada localidad. Cada haplotipo indica su nombre con la H y el número correspondiente.....37
- Figura 3. Red de haplotipos Median-Joining para las poblaciones de las dos localidades de *Mormoops megalophylla* en Ecuador.** Los círculos representan a los nueve haplotipos, el color rojo representa a los haplotipos que se encuentran presentes en la Gruta de la Paz y el verde a los que están en San Antonio de Pichincha. Cada haplotipo está representado por la letra H y su número correspondiente. Las líneas sobre las barras que separan los haplotipos representan a los pasos mutacionales entre un haplotipo y otro y los puntos representan haplotipos imaginarios.....38

## LISTA DE TABLAS

<b>Tabla 1.</b> Estimadores de diversidad del D-Loop, distribución y frecuencia de los haplotipos dentro de las localidades.....	39
<b>Tabla 2.</b> Sitios variables en los nueve haplotipos obtenidos a partir del D-Loop y frecuencia de cada uno de los haplotipos en las dos localidades. Los puntos representan igualdad con la base de la primera fila (Haplotipo 1). Los números representan la posición de la base variable en la secuencia.....	40
<b>Tabla 3.</b> Estimadores de diversidad del Citocromo b, distribución y frecuencia de los haplotipos dentro de las localidades.....	41
<b>Tabla 4.</b> Análisis de varianza molecular (AMOVA) de D-Loop en las dos poblaciones.....	42

## LISTA DE APÉNDICES

<b>Apéndice 1.</b> Individuos capturados y marcados durante la investigación.....	43
---	----

**RESUMEN:** El murciélago rostro de fantasma (*Mormoops megalophylla*) es un murciélago cavernícola distribuido desde el sur de Estados Unidos a través de Centroamérica hasta el norte de Perú. En Ecuador ocurre al norte en siete localidades ubicadas en las provincias de Carchi y Pichincha. Su estado de conservación a nivel mundial es de Preocupación Menor; sin embargo, en Ecuador es Vulnerable. En el presente estudio se analizaron los valores de estructura y diversidad genética de dos poblaciones (Gruta de la Paz-Carchi y San Antonio de Pichincha-Pichincha), mediante el análisis de secuencias pertenecientes a la porción de desplazamiento (D-Loop) de la región control mitocondrial y del gen mitocondrial Citocromo b, con el fin de evaluar los índices de diversidad haplotípica y nucleotídica, distancias genéticas y relaciones genealógicas. Los estimadores de diversidad demuestran que hay diversidad haplotípica alta y nucleotídica baja. El estimador de flujo genético determinó que Carchi y Pichincha conforman una sola población cohesionada. La red de haplotipos indica que aquellos de mayor frecuencia están compartidos en ambas localidades; sin embargo, se observa mayor número de haplotipos únicos en la localidad de San Antonio de Pichincha. Finalmente, a partir de los resultados obtenidos, se sugiere diseñar estrategias de conservación para la población de *Mormoops megalophylla* en Ecuador.

**Palabras clave:** Citocromo b, D-Loop, estructuración, haplotipo, *Mormoops megalophylla*.

**ABSTRACT:** The ghost-faced bat is a cave bat distributed from southern United States through Central America to northern Peru. In northwest Ecuador it occurs in seven known locations in the provinces of Carchi and Pichincha. It's listed as Least Concern on the IUCN Red List of Threatened Species; however, in Ecuador it is considered Vulnerable. In this study genetic structure and diversity values were estimated from two populations (Gruta de la Paz-Carchi y San Antonio de Pichincha-Pichincha) by analyzing sequences of the displacement loop (D-Loop) of the mitochondrial control region and the Cytochrome b gene. The diversity values showed that the haplotype diversity is high in contrast with the low nucleotide diversity. The value of gene flow between Carchi and Pichincha determined that these two locations form a single cohesive population. The haplotype network shows that the most frequent haplotypes are shared in both locations; however, unique haplotypes were observed in San Antonio de Pichincha. From these results it is suggested to design conservation strategies for the ghost-faced bat population in Ecuador.

**Key words:** Cytochrome b, D-Loop, structure, haplotipe, *Mormoops megalophylla*.

## **REVISIÓN BIBLIOGRÁFICA**

La genética de poblaciones estudia la forma en la que se constituye una población (Hoenisberg, 1992) y tiene como objetivo describir la diversidad genética de las poblaciones a través del estudio de la variación de frecuencias alélicas y genotípicas, y explicar dichas variaciones en términos de procesos evolutivos como mutación, flujo genético, selección natural y deriva génica. La genética de poblaciones entiende a los genes como la fuente necesaria para que haya evolución poblacional bajo los términos de adaptación y especiación; al estudiar las frecuencias alélicas se podría explicar la distribución de la variación genética de forma espacial en las poblaciones (Hartl y Clark, 2007) para, entre otras acciones, proponer políticas de conservación en unidades por debajo del nivel de especie (Domínguez-Domínguez y Vázquez-Domínguez, 2009).

La diversidad genética se define como la cantidad de las variaciones heredables que ocurren en los organismos, entre individuos de una población y entre poblaciones de una especie, usualmente cuantificada mediante parámetros como la heterocigosidad esperada o riqueza alélica y la diversidad haplotípica y de genes (Beebee y Rowe, 2008). La diversidad genética explica el principio fundamental de la evolución a través del proceso adaptativo. Las especies que poseen altos niveles de variación genética tienen mayor capacidad de adaptarse al medio, dado que los alelos beneficiosos están disponibles de inmediato y usualmente se encuentran en altas frecuencias; además estos pudieron haber sido previamente probados en condiciones ambientales anteriores (Barret y Schluter, 2007); mientras que las especies con baja variación genética se ven amenazadas a corto o largo plazo (Fuller et al., 1999).

Para realizar los estudios de diversidad genética se utilizan regiones genéticas específicas. Dado que la estructura genética de una población es la distribución no aleatoria de la variación de alelos entre los individuos, secuencias de regiones específicas de los individuos muestreados son analizadas en busca de una posible heterogeneidad en el flujo

genético y, por lo tanto, en los patrones de variación genética. De acuerdo a Nei (1972; 1978) los estimadores de la diversidad genética en las poblaciones de una especie son: número de sitios segregantes (S), que corresponde al número o proporción de sitios variables en las secuencias analizadas; número de haplotipos (k), que corresponde al número de secuencias con un arreglo específico que se diferencia de otros por pasos mutacionales; diversidad haplotípica (h), que mide la diversidad en función de su frecuencia en una población y tiene valores de 0-1, siendo  $< 0.5$  baja y  $> 0.5$  alta diversidad; diversidad nucleotídica ( $\pi$ ), que es la probabilidad de que al analizar dos nucleótidos homólogos en las secuencias, estos sean diferentes, esta puede tener valores entre 0 - 1 y se interpreta de la misma forma que la diversidad haplotípica (Nei, 1972; 1978).

La estructuración genética poblacional se refiere a la cantidad y distribución genética dentro y entre poblaciones de una especie que viene determinada por su historia evolutiva. Cuando una especie está dividida en el espacio, generalmente presenta diferencias en las frecuencias alélicas y genotípicas en las diferentes poblaciones. Esta diferenciación genética depende principalmente de los niveles de flujo genético que exista entre las poblaciones (Nei, 1987). Las poblaciones, usualmente, se comportan como unidades; sin embargo, pueden subdividirse debido a factores ecológicos (como discontinuidad de hábitat) o de comportamiento (reubicación provocada o accidental) (IPGRI y Cornwell University, 2004).

Los análisis de diferenciación permiten entender la dinámica poblacional, identificar metapoblaciones y estimar las tasas de migración de los individuos en diferentes áreas o localidades (Beebee y Rowe, 2008).

El flujo genético consiste en el movimiento de genes o segmentos extra nucleares (Slatkin, 1985) entre poblaciones, mediado por organismos o sus gametos, individuos o grupos de individuos (Slatkin, 1987). Si el flujo genético entre dos poblaciones es alto, estas

tendrán frecuencias genéticas similares (Beebee y Rowe, 2008); este se explica mediante el número de migrantes efectivos por generación ( $Nm$ ) de una población utilizando el modelo de islas de Hudson et al. (1992), que identifica similitud o diferenciación entre los pares de poblaciones analizadas. Si el valor de  $Nm$  es mayor a 1, significa que hay más de un migrante por generación, de tal manera que no hay fijación de alelos en las poblaciones; si  $Nm$  es menor que 1, no existen migrante por generación y hay fijación de algún alelo; adicionalmente, cuando el valor  $Nm$  resulta negativo se interpreta como que las poblaciones analizadas en realidad conforman subpoblaciones de una sola población separada en varias localidades (Hudson et al., 1992; Slatkin, 1999; Freeland, 2014).

El índice de fijación  $F_{ST}$  (Wright, 1950) es una medida ampliamente utilizada en estudios poblacionales que mide el grado de estructuración o diferenciación a nivel de poblaciones y subpoblaciones de una misma especie, indica la probabilidad de que dos alelos tomados al azar en la población pertenezcan al mismo individuo, y provee las bases para responder preguntas sobre flujo genético; este tiene valores mínimos y máximos de 0 y 1, siendo 0 el valor que indica panmixia o reproducción al azar en la población y 1 fijación de alelos con consecuente estructuración.

El Análisis de Varianza Molecular (AMOVA) es un método que sirve para estimar diferenciación poblacional a partir de las secuencias obtenidas, permite probar las hipótesis sobre esa diferenciación e indica, en porcentajes, si la diferenciación se debe a diferencias encontradas dentro o entre poblaciones (Excoffier et al., 1992).

Las redes de haplotipos son diagramas reticulados con múltiples nodos que evalúan la relación genealógica entre los haplotipos de los individuos analizados y representan la estructura genética de una población. Se ha determinado la utilidad de las redes a nivel intraespecífico ya que estas trazan las relaciones evolutivas entre haplotipos que permiten

reconstruir los procesos evolutivos mediante el proceso de coalescencia, basado en el concepto de que los haplotipos de una población pueden ser rastreados hacia atrás en el tiempo hacia el punto en el que coalescen en un haplotipo ancestral común (Aguirre-Planter, 2007). En una red de haplotipos, éstos se representan con círculos, cuyo color varía de acuerdo a las localidades de estudio, su tamaño representa su frecuencia de ocurrencia y los pasos mutacionales entre haplotipos se representan con líneas sobre las barras que los conectan, los puntos entre los círculos corresponden a haplotipos imaginarios.

El ADN mitocondrial es una porción de material genómico extra nuclear que se encuentra en las mitocondrias, que son organelos presentes en el citoplasma de la mayoría de organismos eucariotes (Beebee y Rowe, 2008). Estructuralmente, es una molécula circular formada por una cadena ligera (L) que presenta abundantes pirimidinas y una cadena pesada (H) complementaria que presenta mayor cantidad de purinas, con una longitud aproximada de 16 000 a 18 000 pares de bases (Wilkinson y Chapman, 1991). El ADN mitocondrial se caracteriza por tener una alta tasa de cambios mutacionales, ser generalmente de herencia materna y no presentar recombinación (Moritz et al., 1987). Está conformado por 37 genes: 13 ARN mensajeros (mRNA), dos ARN ribosomales (rRNA), 22 ARN de transferencia (tRNA) y una región no codificante en vertebrados y equinodermos que es conocida como región control que posee cerca de 1000 pares de bases (Beebee y Rowe, 2008). Los genes codificantes se encuentran en su mayoría en la cadena pesada (Wilkinson y Chapman, 1991; Lunt et al., 1998). Por estas características, el ADN mitocondrial es particularmente útil en estudios filogenéticos, de procesos poblacionales y de cuantificación de la diversidad intraespecífica (Melnick y Hoelser, 1993; Pesole et al., 1999). Las secuencias variantes de ADN mitocondrial se conocen como haplotipos (Avisé, 2000; 2008).

La región control es una secuencia no codificante que contiene información esencial para el inicio de la replicación y transcripción del ADN mitocondrial; evoluciona cinco veces

más rápido que aquellas que sí codifican y muestra, frecuentemente, gran variabilidad (Brown et al., 1986; Wolfe et al., 1989; Billington y Hebert, 1991; Pesole et al., 1999). Por tales razones, la región control es especialmente informativa en estudios de evolución humana, pruebas de identidad forenses y genética poblacional (Parsons et al., 1997). Esta región está dividida en tres dominios, uno central conservado y dos periféricos variables: el dominio ETAS adyacente al ARNt<sup>Pro</sup> y el dominio CBS que se encuentra junto al ARNt<sup>Fen</sup>, el cual además contiene un bloque de secuencias conservadas (Sbisà et al., 1997). También incluye una región que muestra una importante tasa de sustitución nucleotídica y un alto nivel de polimorfismo a nivel intraespecífico, conocida en vertebrados como región Loop de desplazamiento o D-Loop (Saccone et al., 1987; Sbisà et al., 1997; Wilkinson et al., 1997; Avise, 2000). Actualmente, los análisis de esta región son ampliamente utilizados para diferenciar genéticamente a las poblaciones de muchas especies de mamíferos.

Entre los genes mitocondriales más utilizados para estudios de diversidad genética se encuentra el Citocromo b, gen que forma parte de la cadena de transporte de electrones en la respiración mitocondrial, que provee una combinación de posiciones nucleotídicas que evolucionan muy rápido, pero a su vez tiene posiciones conservadas del primer y segundo codón (Lewis-Oritt et al., 2001; Floyd et al., 2009; Ortega et al., 2009; Guevara-Chumacero et al., 2010).

En la actualidad los estudios de caracterización genética con murciélagos mormópidos son escasos; sin embargo, en México se han realizado investigaciones de diversidad genética y estructuración poblacional con murciélagos del género *Pteronotus* (Guevara-Chumacero, 2009; Zárate-Martínez, 2013; Ruiz- Ortiz, 2014) y en Venezuela y el Caribe de filogeografía con el género *Mormoops* (Caraballo, 2012). Hasta la fecha no hay reportes sobre diversidad genética con esta familia en el Ecuador.

La familia Mormoopidae está conformada por los murciélagos bigotudos, de espalda desnuda y rostro de fantasma; contiene ocho especies de murciélagos insectívoros aéreos distribuidas en los géneros *Pteronotus* (Gray, 1838) y *Mormoops* (Leach, 1821). Su monofilia ha sido ampliamente estudiada a nivel molecular y morfológico (Smith, 1972; Lewis-Oritt et al., 2001; Van Den Bussche et al., 2002; Dávalos, 2006). Esta familia se encuentra distribuida exclusivamente en América, desde Texas (Estados Unidos) a través de México y Centro América, hasta el sur de Brasil y las Antillas Mayores y Menores (Dávalos, 2006).

Dentro de la familia, *Mormoops megalophylla* Peters, 1864 o Murciélago rostro de fantasma es la única de 3 especies del género *Mormoops* que ocurre en el Ecuador. Se trata de un murciélago de tamaño mediano (antebrazo 51 – 60 mm; peso 12 – 20 g) que se caracteriza por presentar pliegues cutáneos complejos en el rostro, el mentón con placas dérmicas grandes y cóncavas, orejas redondeadas y cortas conectadas por un pliegue de piel y ojos pequeños rodeados por las orejas. El color del pelaje varía entre marrón anaranjado, castaño, marrón chocolate o marrón grisáceo inclusive en individuos de una misma población (Rezsutek y Cameron, 1993; Tirira, 2007). Son insectívoros estrictos que capturan a sus presas mediante ecolocalización y son, al parecer, exclusivamente cavernícolas (Rezsutek y Cameron, 1993; Boada et al., 2011).

La especie tiene una amplia distribución en América, desde el sur de Estados Unidos a través de Centroamérica hasta el norte de Perú (Rehn, 1902; Simmons, 2005). A lo largo de este rango existen 4 subespecies reconocidas, siendo *Mormoops megalophylla carteri* la que está presente en Ecuador (Dávalos, 2006).

En Ecuador, *Mormoops megalophylla* habita en la sierra norte en ambientes templados y altoandinos y se ha reportado en siete localidades del país: Gruta de la Paz, Rumichaca, Guandera y Loma Guagua en la provincia del Carchi y en San Antonio de Pichincha, Lloa y

Jesusalem, en la provincia de Pichincha (Boada et al., 2003; 2011). A excepción de las localidades Gruta de la Paz y San Antonio de Pichincha, no se han vuelto a registrar individuos en las localidades mencionadas, posteriores a su primer registro.

De acuerdo al mapa de cobertura vegetal del Distrito Metropolitano de Quito (2011) la formación ecológica que rodea San Antonio de Pichincha pertenece a Bosque seco interandino, el cual, generalmente, se desarrolla en climas con baja humedad y de poca precipitación anual. La vegetación está conformada, en su mayoría, por árboles y arbustos de tamaño pequeño a mediano, esclerófilos o suculentos. Este tipo de formación ecológica juega un importante papel en la estabilización del suelo y en el mantenimiento de condiciones ambientales para la reproducción y nutrición de especies únicas; sin embargo, al encontrarse en suelos aptos para la agricultura y urbanización este tipo de áreas naturales corren un grave riesgo ya que se encuentran altamente fragmentadas (MDMQ, 2011).

La formación ecológica que rodea a la Gruta de La Paz es mixta y se conforma de remanentes de Bosque Seco Interandino y Bosque Húmedo Montano Bajo. La vegetación está, en su mayoría, representada por árboles pequeños y medianos, esclerófilos o suculentos, pero también existen árboles grandes de más de 12 metros de altura que rodean la entrada a la gruta (MAE, 2012). Ambos ecosistemas son importantes ya que al encontrarse en las cuencas medias de los ríos que nacen de los altos andes proveen estabilidad a los suelos y equilibrio ecológico en la región. Pese a esto, tanto el Bosque Seco Interandino como el Bosque Húmedo Montano Bajo de esta zona se encuentran fragmentados por la alta actividad agrícola, ganadera y el desarrollo urbano naciente.

La Gruta de la Paz y San Antonio de Pichincha se encuentran aproximadamente a 88 km de distancia.

A nivel mundial, esta especie está clasificada como Preocupación Menor en la Lista Roja de Especies Amenazadas de la IUCN (Dávalos et al., 2008); sin embargo, para Ecuador, la especie ha sido clasificada como Vulnerable, es decir, presenta una alta probabilidad de extinción en vida silvestre debido a que se estima que su área de ocupación es menor a 2000 km<sup>2</sup>, se conocen menos de diez localidades de registro y se estima que pueden existir fluctuaciones extremas en sus poblaciones (Boada et al., 2011).

La destrucción del hábitat y la contaminación del agua, además de alterar los potenciales lugares de descanso, afectan a los murciélagos y a su conservación, haciendo que las poblaciones declinen con el tiempo (Altringham, 1996; Kunz y Racey, 1998).

Estudios recientes realizados en murciélagos de la familia Mormoopidae han demostrado que cuando existen barreras geográficas entre las poblaciones de los murciélagos, éstos presentan estructuración genética (Guevara-Chumacero, 2009; Caraballo, 2012; Zárate-Martínez, 2013; Ruiz-Ortiz, 2014). Al no haber registros actuales del murciélago en lugares intermedios entre la Gruta de la Paz y San Antonio de Pichincha se propone que las 2 poblaciones ecológicas estudiadas de esta especie en Ecuador pueden presentar algún tipo de estructuración genética.

Este estudio analiza la diversidad genética e infiere los patrones de estructuración genética entre las poblaciones de *Mormoops megalophylla* en las localidades Gruta de La Paz y San Antonio de Pichincha, Ecuador. Particularmente, se busca aportar información sobre esta especie en el entendimiento de los patrones de variación genética y flujo genético, mediante el uso de regiones mitocondriales.

## MANUSCRITO PARA LA PUBLICACIÓN

Revista: Mastozoología Neotropical

DIVERSIDAD GENÉTICA Y RELACIONES GENEALÓGICAS DEL MURCIÉLAGO ROSTRO DE FANTASMA *Mormoops megalophylla* PETERS, 1864 (CHIROPTERA: MORMOOPIDAE) EN ECUADOR.

Autores: Verónica P. Leiva-D.<sup>1</sup>, M. Alejandra Camacho<sup>1</sup>.

<sup>1</sup> Museo de Vertebrados- Sección Mastozoología (QCAZ-M), Escuela de Ciencias Biológicas, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Pontificia Universidad Católica del Ecuador. Av. 12 de Octubre 1076 y Roca. 91700. Quito, Ecuador. Telf.: (593) 02 299 17 00 ext. 1058

Título breve: DIVERSIDAD GENÉTICA DE *Mormoops megalophylla* EN ECUADOR.

Correspondencia: Verónica Leiva D. leivadiazv@gmail.com

1 **RESUMEN:** El murciélago rostro de fantasma (*Mormoops megalophylla*) es un murciélago  
2 cavernícola distribuido desde el sur de Estados Unidos a través de Centroamérica hasta el  
3 norte de Perú. En Ecuador ocurre al norte en 7 localidades ubicadas en las provincias de  
4 Carchi y Pichincha. Su estado de conservación a nivel mundial es de Preocupación Menor; sin  
5 embargo, en Ecuador es Vulnerable. En el presente estudio se analizaron los valores de  
6 estructura y diversidad genética de dos poblaciones (Gruta de la Paz-Carchi y San Antonio de  
7 Pichincha-Pichincha), mediante el análisis de secuencias pertenecientes a la porción de  
8 desplazamiento (D-Loop) de la región control mitocondrial y del gen mitocondrial Citocromo  
9 b, con el fin de evaluar los índices de diversidad haplotípica y nucleotídica, distancias  
10 genéticas y relaciones genealógicas. Los estimadores de diversidad demuestran que hay  
11 diversidad haplotípica alta y nucleotídica baja. El estimador de flujo genético determinó que  
12 Carchi y Pichincha conforman una sola población cohesionada. La red de haplotipos indica  
13 que aquellos de mayor frecuencia están compartidos en ambas localidades; sin embargo, se  
14 observa mayor número de haplotipos únicos en la localidad de San Antonio de Pichincha.  
15 Finalmente, a partir de los resultados obtenidos, se sugiere diseñar estrategias de conservación  
16 para la población de *Mormoops megalophylla* en Ecuador.

17 **ABSTRACT:** The ghost-faced bat is a cave bat distributed from southern United States  
18 through Central America to northern Peru. In northwest Ecuador it occurs in 7 known  
19 locations in the provinces of Carchi and Pichincha. It's listed as Least Concern on the IUCN  
20 Red List of Threatened Species; however, in Ecuador it is considered Vulnerable. In this  
21 study genetic structure and diversity values were estimated from two populations (Gruta de la  
22 Paz-Carchi y San Antonio de Pichincha-Pichincha) by analyzing sequences of the  
23 displacement loop (D-Loop) of the mitochondrial control region and the Cytochrome b gene.  
24 The diversity values showed that the haplotype diversity is high in contrast with the low  
25 nucleotide diversity. The value of gene flow between Carchi and Pichincha determined that

26 these two locations form a single cohesive population. The haplotype network shows that the  
27 most frequent haplotypes are shared in both locations; however, unique haplotypes were  
28 observed in San Antonio de Pichincha. From these results it is suggested to design  
29 conservation strategies for the ghost-faced bat population in Ecuador.

30 **Palabras clave:** Citocromo b, D-Loop, estructuración, haplotipo, *Mormoops megalophylla*.

31 **Key words:** Cytochrome b, D-Loop, structure, haplotipe, *Mormoops megalophylla*.

## 32 INTRODUCCIÓN

33 *Mormoops megalophylla* (Peters, 1864), llamado murciélago rostro de fantasma, es un  
34 murciélago insectívoro de tamaño mediano (antebrazo 51 – 60 mm) distinguido por presentar  
35 pliegues cutáneos complejos en el rostro, el mentón con placas dérmicas grandes y cóncavas,  
36 y ojos pequeños rodeados por orejas cortas redondeadas conectadas en la frente por un  
37 pliegue de piel (Rezsutek y Cameron, 1993; Tirira, 2007). La especie tiene una amplia  
38 distribución en América, desde el sur de Estados Unidos a través de Centroamérica hasta el  
39 norte de Perú (Rehn, 1902; Simmons, 2005). Se reconocen 4 subespecies: *M. megalophylla*  
40 *megalophylla*, *M. m. tumidiceps*, *M. m. intermedia* y *M. m. carteri*; siendo esta última la que  
41 está presente en Ecuador (Dávalos, 2006). A nivel mundial, esta especie está clasificada como  
42 Preocupación Menor en la Lista Roja de Especies Amenazadas de la IUCN (Dávalos et al.,  
43 2008); sin embargo, en Ecuador, la especie ha sido clasificada como Vulnerable (Boada et al.,  
44 2011).

45 *Mormoops megalophylla carteri* habita en la sierra norte de Ecuador en ambientes  
46 templados y altoandinos, ha sido reportada en 7 localidades del país: Gruta de la Paz,  
47 Rumichaca, Guandera y Loma Guagua en la provincia del Carchi y en San Antonio de  
48 Pichincha, Lloa y Jesusalem, en la provincia de Pichincha (Boada et al., 2003; 2011); estas  
49 localidades corresponden a Bosque seco interandino (MDMQ, 2011) y Bosque húmedo

50 montano bajo (MAE, 2012). A excepción de las localidades Gruta de la Paz y San Antonio de  
51 Pichincha, no se han vuelto a registrar individuos en las otras localidades mencionadas,  
52 después de su primer registro.

53 Para realizar estudios poblacionales se ha reconocido al ADN mitocondrial por su  
54 utilidad en estudios filogenéticos, de procesos poblacionales y diversidad intraespecífica  
55 (Melnick y Hoelser, 1993; Pesole et al., 1999) debido a que se caracteriza por tener una alta  
56 tasa de sustitución nucleotídica, ser generalmente de herencia materna y no presentar  
57 recombinación (Moritz et al., 1987; Brown, 1992). Estudios realizados con especies de la  
58 familia Mormoopidae se han enfocado principalmente en 2 regiones mitocondriales. Por un  
59 lado el Loop de desplazamiento o D-Loop (Guevara-Chumacero, 2009; Caraballo, 2012;  
60 Zárate-Martínez, 2013; Ruiz- Ortiz, 2014), una región con una importante tasa de sustitución  
61 nucleotídica y un alto nivel de polimorfismo a nivel intraespecífico, el cual es parte de la  
62 región control que se caracteriza por ser no codificante, contener información esencial para el  
63 inicio de la replicación y transcripción del ADN mitocondrial; evolucionar 5 veces más rápido  
64 que aquellas que sí codifican y mostrar, frecuentemente, gran variabilidad (Brown et al.,  
65 1986; Wolfe et al., 1989; Billington y Hebert, 1991; Pesole et al., 1999).

66 De modo similar se utiliza el gen Citocromo b (Zárate-Martínez, 2013), que provee una  
67 combinación de posiciones nucleotídicas con altas tasas de evolución, pero a su vez tiene  
68 posiciones conservadas en el primer y segundo codón (Lewis-Oritt et al., 2001; Floyd et al.,  
69 2009; Ortega et al., 2009; Guevara-Chumacero et al., 2010).

70 Estudios previos han demostrado que cuando existen barreras geográficas entre las  
71 poblaciones de los murciélagos, éstos presentan estructuración genética (Guevara-Chumacero,  
72 2009; Caraballo, 2012; Zárate-Martínez, 2013; Ruiz-Ortiz, 2014). Al no haber registros  
73 actuales de *Mormoops megalophylla carteri* en lugares intermedios entre la Gruta de la Paz y

74 San Antonio de Pichincha se piensa que las 2 poblaciones estudiadas de esta especie en  
75 Ecuador podrían presentar algún tipo de estructuración genética.

76 Este estudio es el primer esfuerzo que evalúa la diversidad genética e infiere los  
77 patrones de estructuración genética entre las poblaciones de *Mormoops megalophylla carteri*  
78 de las localidades Gruta de La Paz y San Antonio de Pichincha, Ecuador. Particularmente,  
79 busca aportar información sobre esta especie en el entendimiento de los patrones de variación  
80 genética y flujo genético, mediante el uso de regiones mitocondriales.

## 81 MATERIALES Y MÉTODOS

### 82 Área de estudio, marcaje de individuos y recolección de muestras

83 Se estudiaron las 2 localidades reportadas dentro del área de distribución de *Mormoops*  
84 *megalophylla* en Ecuador: La Gruta de la Paz (GP, Carchi) 0.516660N; -77.866670 O y San  
85 Antonio de Pichincha (SAP, Pichincha) -0.016000N; -78.450000E (Fig. 1). En cada localidad  
86 se capturaron murciélagos siguiendo las técnicas de captura y manipulación de Kunz et al.  
87 (2009) utilizando redes de niebla desde las 18:30 hasta las 23:30 (5 horas/red/día) en sitios  
88 cercanos a los refugios de las 2 localidades por un total de doce noches repartidas en 8 meses  
89 para cada localidad.

90 Siguiendo el mismo protocolo de manipulación se tomaron muestras de membrana alar  
91 de los murciélagos, que iban a ser marcados y liberados, con punzones de biopsia de 3 mm;  
92 dichas muestras fueron almacenadas en microtubos previamente etiquetados, preservadas en  
93 etanol al 70% y mantenidas a 4°C hasta el momento previo a la extracción de ADN. Se  
94 marcaron especímenes, con anillos (National Band & Tag Company ©) en el antebrazo y/o  
95 tatuajes numerados en el plagiopatagio, siguiendo la metodología propuesta por Kunz y  
96 Weise (2009) para evidenciar migración y posible flujo genético.

97 Se recolectaron 4 especímenes testigo, 2 machos y 2 hembras de cada localidad  
98 siguiendo el protocolo de recolección, preparación y fijación de especímenes y tejidos de  
99 murciélagos de Simmons y Voss (2009). Los especímenes testigo fueron ingresados en la  
100 Sección de Mastozoología del Museo de Zoología de la Pontificia Universidad Católica del  
101 Ecuador (QCAZ-M) y los tejidos fueron almacenados en refrigeración a 4° C.

102 Para trabajar en las áreas especificadas se contó con la autorización de las direcciones  
103 provinciales del Ministerio de Ambiente correspondientes (Permisos de investigación MAE-  
104 DPAC-UPN-BD-IC-FAU-2014-002 para la Gruta de la Paz y 09-2014-IC-FAU-DPAP-MA  
105 para San Antonio de Pichincha).

#### 106 Extracción, amplificación y secuenciamiento de ADN mitocondrial

107 Se extrajo material genético de 20 individuos de cada una de las localidades. La  
108 extracción de ADN se realizó siguiendo el protocolo de extracción de Lopera-Barrero et al.  
109 (2008).

110 La amplificación para el D-Loop se realizó siguiendo el protocolo de Zhong et al.  
111 (2013) utilizando los cebadores L16517 5'-CAT CTG GTT CTT ACT TCA GG-3' y HSC 5'-  
112 TGT TTT AGG GGT TTG GCA G-3' diseñados por Fumagalli et al. (1996) con el perfil  
113 térmico: desnaturalización inicial de 94 °C por 1 minuto, 35 ciclos de 94 °C por 1 minuto, 50°  
114 C por 45 segundos para alineación, 72 °C durante 1 minuto y 30 s de extensión, seguido de 72  
115 °C por 4 minutos.

116 Para el Citocromo b se siguió el protocolo de Guevara-Chumacero et al. (2010)  
117 utilizando los cebadores L14724. 5' CGA AGC TTG ATA TGA AAA ACC ATC GTT G3' y  
118 H. 5' CTT TTC TGG TTT ACA AGA CCA G3' con un perfil térmico de 94 °C por 3  
119 minutos, 35 ciclos de 93 °C durante 45 segundos, 50° C de 45 segundos, 72 °C durante 1  
120 minuto, seguido de 72 °C por 5 minutos. Las amplificaciones fueron comprobadas mediante

121 electroforesis en geles de agarosa al 0.5% y fotodocumentadas en el equipo Gel Logic 2200  
122 Pro (Carestream).

123 Los productos amplificados fueron purificados mediante el estuche comercial Amicon  
124 Ultra-0.5 mL Centrifugal Filters for DNA Purification and Concentration - UFC503096  
125 (Millipore) de acuerdo al protocolo sugerido por el fabricante.

126 Se realizó la reacción de secuenciación para las hebras sentido y antisentido utilizando  
127 el Big Dye Terminator Kit (Applied Biosystems) con un perfil térmico de 96 °C por 1 minuto,  
128 35 ciclos de 96 °C por 10 segundos, 50° C por 5 segundos, 60 °C durante 4 minutos, seguido  
129 por 60 °C por 1 segundo y una temperatura final de 10 °C. Las muestras fueron secuenciadas  
130 en el equipo ABI PRISM 3130XL.

131 Los procedimientos de extracción, amplificación, fotodocumentación, purificación y  
132 secuenciamiento fueron realizados en el laboratorio divisional de biología molecular (LDBM)  
133 de la Universidad Autónoma Metropolitana unidad Iztapalapa- México (UAM-I).

134 Las secuencias fueron revisadas, editadas y alineadas mediante el algoritmo Clustall W  
135 en el programa Geneious versión 8.1.3 (Kearse et al., 2012).

#### 136 Diversidad genética intrapoblacional

137 Se determinaron los estimadores de diversidad en cada una de las localidades: número  
138 de sitios polimórficos o segregantes (S), número de haplotipos (k), diversidad haplotípica (h)  
139 y diversidad nucleotídica ( $\pi$ ), utilizando el programa DNAsp v.5 (Librado y Rozas et al.,  
140 2009).

141 Estructuración y flujo genético

142 Para estimar la diferenciación genética se calculó el índice de fijación ( $F_{ST}$ ) entre las dos  
143 poblaciones utilizando el programa MEGA 5.05 (Tamura et al., 2011). Para calcular el índice  
144 de fijación para el D-Loop se utilizó el modelo de Tamura-Nei (Tamura y Nei, 1993), el cual  
145 considera las diferencias tanto en tasas de sustitución (transiciones y transversiones) como las  
146 diferentes frecuencias de las bases nucleotídicas.

147 Para el Citocromo b se utilizó el modelo Kimura-2 parámetros (Kimura, 1980), que  
148 toma en cuenta las tasas de sustitución de transición y transversión, asumiendo que las 4  
149 frecuencias presentan valores equivalentes y que las tasas de sustitución no varían entre sitios.

150 Para determinar la variación molecular dentro y entre las poblaciones se realizó el  
151 análisis de varianza molecular (AMOVA) utilizando el programa Arlequin v.3 (Excoffier et  
152 al., 1992).

153 El análisis de flujo genético se realizó en el programa DNAsp v.5 (Librado y Rozas et  
154 al., 2009) mediante el Modelo de Islas de Hudson et al. (1992). Este análisis se computó  
155 utilizando información acerca del genoma del organismo, y teniendo en consideración que la  
156 información a analizar corresponde a haplotipos pertenecientes a regiones no codificantes por  
157 tratarse del D-Loop (Nei, 1973).

158 Generación de red de haplotipos

159 Se analizó la relación de los diferentes haplotipos entre las poblaciones a través de una  
160 red de haplotipos siguiendo el método Median Joining o Red de uniones promediadas  
161 (Bandelt et al., 1999), que consiste en la generación de una única red haplotípica construida a  
162 partir de la combinación más parsimónica (Máxima Parsimonia o MP) de árboles. Para  
163 generar la red se utilizó el programa PopArt 5.0.

## 164 RESULTADOS Y DISCUSIÓN

### 165 Área de estudio, marcaje de individuos y recolección de muestras

166 Durante los 8 meses de muestreo hubo un esfuerzo total de 60 horas/red en cada  
167 localidad, en las cuales se capturaron 473 individuos, 93 correspondientes a GP (42 machos y  
168 51 hembras) y 380 a SAP (226 machos y 154 hembras). De los individuos capturados se  
169 marcaron 72 en GP y 338 en SAP (Apéndice 1), se recolectó tejido de membrana alar de 53  
170 individuos en GP y 98 en SAP (Apéndice 1).

171 Durante el estudio no se encontraron individuos que fueron marcados en una localidad,  
172 presentes en la otra.

173 El esfuerzo de muestreo en horas/red fue igual en las dos localidades; sin embargo, el  
174 número de individuos capturados en GP fue equivalente al 24.5% respecto a aquellos  
175 capturados en SAP debido a que el acceso a GP es restringido por factores como la altura de  
176 la cámara mayor de la cueva, la cercanía a quebradas, sitios de pastoreo y cultivos y por la  
177 crecida permanente del río Apaquí durante los meses de Junio a Septiembre que impidió  
178 realizar el muestreo en todos los meses.

### 179 Extracción, amplificación, secuenciamiento de ADN mitocondrial

180 Para los análisis moleculares se contó con un total de 20 muestras de tejidos para cada  
181 localidad (GP: 7 machos, 13 hembras; SAP: 16 machos, 4 hembras). De estos tejidos se  
182 extrajo exitosamente ADN de 36 individuos: 17 de GP y 19 de SAP.

183 Tras la amplificación y secuenciamiento de las regiones escogidas, se obtuvieron 33  
184 secuencias editadas de D-Loop con una longitud final de 273 pares de bases (pb) y 34 de  
185 Citocromo b con 876 pb; se trabajó únicamente con las secuencias sentido (5'-3') porque las  
186 hebras antisentido (3'-5') mostraron baja calidad por lo que fueron descartadas.

187 Diversidad genética intrapoblacional

188 De las 33 secuencias del D-Loop, una vez editadas, de 273 pares de bases (pb), se  
189 encontraron fragmentos de 264 pb constantes y 9 variables que, corresponden al número de  
190 sitios segregantes ( $S = 9$ ). Los datos obtenidos de los estimadores de diversidad en las  
191 localidades al analizar el D-Loop se muestran en la Tabla 1. La población GP muestra menor  
192 número de sitios segregantes en relación a SAP, diversidad haplotípica, nucleotídica. Sin  
193 embargo, en ambas localidades, la diversidad haplotípica es alta ( $> 0.5$ ) y la diversidad  
194 nucleotídica baja ( $< 0.5$ ), siendo SAP la localidad con valores más altos en ambos casos.

195 Se identificaron un total de 9 haplotipos ( $k=9$ ) (codificados como H1-H9) para ambas  
196 localidades. Se encontraron 8 haplotipos en SAP, 4 de estos únicos (H6, H7, H8 y H9). En GP  
197 se reconocieron 5 haplotipos con tan solo uno único (H4) (Fig. 2). De estos 9 haplotipos, 3  
198 (H1, H2 y H3) presentan la mayor frecuencia entre los 33 individuos analizados. La ubicación  
199 de los sitios segregantes de los 9 haplotipos identificados se encuentra en la Tabla 2.

200 Los estimadores de diversidad para el Citocromo b en ambas localidades indican  
201 valores muy bajos de diversidad haplotípica y nucleotídica (Tabla 3). De las 34 secuencias de  
202 Citocromo b, una vez editadas en 876 pb, únicamente se encontró un sitio segregante en la  
203 posición 646, por lo tanto, únicamente se registraron 2 haplotipos ( $k=2$ ), codificados como  
204 HA y HB). HA es común a las dos localidades, mientras que HB se encuentra únicamente en  
205 SAP (Tabla 3).

206 El número de sitios segregantes que se obtuvo con el D-Loop fue 9 (Tabla 1), mientras  
207 que para el Citocromo b fue 1 (Tabla 3); esto concuerda con lo esperado ya que el D-Loop  
208 muestra mayor nivel de variación por no ser codificante en comparación con el Citocromo b  
209 (Klicka et al., 1999; Milà et al., 2007; Beebee y Rowe, 2008; McCormack et al., 2008). Los  
210 análisis de estimadores de diversidad se pudieron realizar con las regiones secuenciadas; sin

211 embargo, con el Citocromo b no fue posible realizar los análisis de varianza molecular ni  
212 generar una red de haplotipos debido al bajo número de sitios segregantes.

213 Las 2 regiones analizadas presentan menor diversidad genética en GP que en SAP; esta  
214 baja diversidad podría ser consecuencia de posibles reducciones históricas en el tamaño  
215 poblacional en GP provocando, así, cuellos de botella con pérdida de diversidad (Frankham,  
216 1995). Los valores mayores de diversidad en SAP podrían deberse, entre otros factores, a que  
217 SAP pudo haber experimentado una reciente expansión poblacional debida a efecto fundador  
218 (Beebee y Rowe, 2008); esto podría concordar con la historia de la cueva de San Antonio de  
219 Pichincha, que es una cueva de origen artificial donde se explotaba lignito hasta hace 92 años,  
220 se cree que a partir del año 1937 los murciélagos comenzaron a utilizar la cueva (Boada,  
221 2000); y con el patrón de expansión, diversificación y dispersión de mormópidos que tuvo su  
222 origen al Norte de Sudamérica (Dávalos, 2006).

223 Resulta difícil comparar con otros estudios de murciélagos mormópidos porque hasta el  
224 momento no se han realizado estudios de diversidad genética con murciélagos que hayan  
225 experimentado los mismos procesos de fragmentación de hábitat o con patrones de  
226 distribución similares a los del Ecuador; sin embargo, encontrar valores de diversidad  
227 haplotípica alta y nucleotídica baja es un patrón que se ha observado en otros murciélagos de  
228 la familia Mormoopidae (Guevara-Chumacero, 2009; Caraballo, 2012; Zárate-Martínez,  
229 2013; Ruiz- Ortiz, 2014). En estos estudios la explicación que se da a estos estimadores de  
230 diversidad es que las poblaciones de murciélagos atravesaron un cuello de botella seguido de  
231 expansión poblacional.

232 La diversidad haplotípica encontrada con D-Loop fue alta en comparación al Citocromo  
233 b, pero, es baja al compararla con resultados obtenidos en otros estudios utilizando la misma  
234 región mitocondrial; en este caso, 9 haplotipos en 33 muestras, mientras que en otros estudios

235 se han encontrado valores de 35 haplotipos en 53 muestras (Wilkinson y Fleming, 1996); 86  
236 haplotipos en 94 muestras (Russel et al., 2005); y 67 haplotipos en 105 muestras (Guevara-  
237 Chumacero, 2009); estas diferencias podrían atribuirse a que se conoce que 2 de las 3 especies  
238 de los estudios mencionados son migratorias y a que se realizaron en un mayor número de  
239 localidades.

240 En base a lo publicado por Nei et al. (1975) y Avise (2000) se podría inferir que los  
241 valores de diversidad haplotípica alta y nucleotídica baja en Ecuador, se deben a que el  
242 murciélago rostro de fantasma pudo haber atravesado un período de crecimiento poblacional  
243 rápido a partir de un tamaño efectivo poblacional bajo, habiendo tenido, de esta forma,  
244 suficiente tiempo para acumular diversidad haplotípica por mutación, pero tiempo insuficiente  
245 para aumentar la diversidad nucleotídica.

#### 246 Estructuración y flujo genético

247 La magnitud de diferenciación genética promedio entre poblaciones indicó un bajo nivel  
248 de estructura genética: el valor del índice de fijación  $F_{ST}$  para el D-Loop fue de 0.04 y el valor  
249  $Nm=-15.62$ . El análisis de varianza molecular (AMOVA) indicó que el bajo nivel de  
250 diferenciación que existe se debe únicamente a las diferencias dentro de grupos (103.46%)  
251 (poblaciones) y no entre ellos (-3.46%) el análisis presentó una significancia de  $p=0,75$  (Tabla  
252 4).

253 El valor  $F_{ST}$  para el Citocromo b fue de 0, por lo que no se realizaron análisis  
254 posteriores.

255 El valor del índice de fijación es muy cercano a cero (0.04) indicando que no hay  
256 estructuración poblacional, mientras que el número de migrantes que, en este caso, al ser  
257 negativo muestra que las dos poblaciones ecológicas conforman una única población genética  
258 (IPGRI y Cornell University, 2004).

259 Los resultados del análisis de varianza molecular (AMOVA) muestran que no hay  
260 diferenciación genética entre las poblaciones (Tabla 4) y, además, reflejan que se han usado  
261 pocos loci y pocos individuos. El valor negativo entre poblaciones indica que no existe  
262 variación, mientras que el valor superior al 100% muestra que la variación total se encuentra  
263 dentro de las poblaciones (Beebee y Rowe, 2008).

#### 264 Red de haplotipos

265 A partir de los haplotipos obtenidos para el D-Loop se generó una red Median Joining  
266 que muestra que no hay estructuración ni separación por grupos y que las dos poblaciones  
267 muestran similitud genética, esto se evidencia porque los haplotipos H1, H2 y H3 son los  
268 más frecuentes y se encuentran distribuidos de manera muy uniforme entre las localidades, se  
269 observa que existe 1 haplotipo único para GP y 3 para SAP.

270 De acuerdo con lo encontrado por Oliveras de Ita et al. (2011) se propone que, la poca  
271 diferenciación entre los haplotipos sugiere que en el pasado la especie en el Ecuador  
272 conformaba una sola población panmítica que se ha visto recientemente separada por la  
273 destrucción y posible fragmentación del hábitat. Los haplotipos compartidos son los más  
274 frecuentes, pero debido a la información presentada se asume que esto se debe a que eran  
275 polimorfismos ancestrales compartidos en lugar de ser muestra de flujo genético reciente. Los  
276 haplotipos únicos dentro de cada localidad podrían ser muestra de que las dos poblaciones se  
277 están empezando a diferenciar.

278 Las secuencias obtenidas de Citocromo b no permitieron realizar la red de haplotipos ya  
279 que en 34 muestras analizadas se presentaba únicamente un sitio segregante dando como  
280 resultado dos haplotipos.

281 Las especies amenazadas a menudo existen en un número reducido de poblaciones  
282 aisladas (Harrison y Bruna, 1999); esta situación es la que se ha observado en las poblaciones  
283 ecológicas del murciélago rostro de fantasma dentro del Ecuador. Se considera importante

284 conservar las dos poblaciones porque se observó que, por la presencia de haplotipos únicos,  
285 comienzan a diferenciarse una de la otra, y bajo este contexto, mantener la diversidad genética  
286 es importante por dos razones principales: las diferencias individuales tienen la mayor  
287 importancia, porque son heredables, y por lo tanto, proporcionan materiales para que opere y  
288 se acumule la selección natural (Darwin, 1859); además, la diversidad genética reduce la  
289 heredabilidad de rasgos desfavorables, ya que en poblaciones aisladas de organismos, los  
290 individuos se ven obligados a reproducirse con otros emparentados (endogamia), provocando  
291 consecuentemente la uniformidad genética de los descendientes.

292 A partir del año 2013, San Antonio de Pichincha fue declarado como un Sitio  
293 Importante para la Conservación de Murciélagos (SICOM) (RELCOM, 2011), debido a que  
294 este lugar contiene un refugio para esta especie catalogada como Vulnerable; sin embargo,  
295 para la Gruta de la Paz, hasta el momento, no se ha implementado ningún esfuerzo de  
296 conservación. La información obtenida en esta investigación podría ser parte de las  
297 herramientas necesarias para cumplir los esfuerzos de conservación propuestos en el Plan de  
298 Acción para la Conservación de los Murciélagos del Ecuador (Burneo et al., 2015).

## 299 CONCLUSIONES

300 Las poblaciones de *Mormoops megalophylla* en Ecuador presentan valores de  
301 estimación de diversidad bajos en relación a otros murciélagos mormópidos para las dos  
302 regiones analizadas (D-Loop y Citocromo b).

303 Los tres indicadores de estructuración genética ( $F_{ST}$ , Nm y el AMOVA) para el D-Loop  
304 muestran que las dos poblaciones ecológicas conforman una sola población genética que,  
305 según la red de haplotipos empieza a diferenciarse; mientras que el Citocromo b resultó poco  
306 informativo.

307           Es importante, para la conservación de la especie en el país, continuar con el monitoreo  
308 mediante el marcaje de los murciélagos para evidenciar procesos migratorios, al igual que  
309 evaluar la posible fragmentación del hábitat entre las dos localidades estudiadas y realizar  
310 esfuerzos de muestreo en sitios intermedios y en las localidades con registros históricos, así  
311 como analizar otras regiones genéticas como marcadores de origen nuclear.

## 312 AGRADECIMIENTOS

313           A la Dirección de Investigación de la Pontificia Universidad Católica del Ecuador por  
314 financiar la investigación, al Museo de Zoología- Sección Mastozoología de la PUCE por el  
315 apoyo logístico, al Laboratorio de Investigación de mamíferos y al Laboratorio Divisional de  
316 Biología Molecular (LDBM) de la Universidad Autónoma Metropolitana-Iztapalapa (UAM-I)  
317 por prestar sus instalaciones para realizar los análisis moleculares y al Ministerio del  
318 Ambiente del Ecuador (MAE) por otorgar los permisos de investigación.

319 LITERATURA CITADA

- 320 AGUIRRE-PLANTER E. 2007. Flujo génico: métodos para estimarlo y marcadores  
321 moleculares. Pp. 49-61, en : Ecología Molecular (LE Eguiarte, V Souza y X Aguirre,  
322 comps.). Semarnat, Conabio, UNAM. México.
- 323 ALTRINGHAM J. 1996. Bats: biology and behaviour. Oxford University Press, New York.
- 324 AVISE J. 2000. Phylogeography: The history and formation of species. Harvard University  
325 Press, Cambridge.
- 326 AVISE J. 2008. Phylogeography: retrospect and prospect. *Journal of Biogeography*. 36:3-15.
- 327 BANDELT HJ, P FORSTER, y A RÖHL. 1999. Median-Joining Networks for Inferring  
328 Intraspecific Phylogenies. *Molecular biology and evolution*. 16: 37-48.
- 329 BARRETT RD y D SCHLUTER. 2008. Adaptation from Standing Genetic Variation. *Journal*  
330 *of Trends in Ecology and Evolution* 23: 38–44. DOI 10.1016/j.tree.2007.09.008.
- 331 BEEBEE TJC y G ROWE. 2008. An Introduction to Molecular Ecology. Oxford University  
332 Press, New York.
- 333 BILLINGTON N y PDN HEBERT. 1991. Mitochondrial DNA diversity in fishes and its  
334 implications for introductions. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*  
335 48:80-94.
- 336 BOADA CE. (2000). Aspectos ecológicos del murciélago rostro de fantasma: *Mormoops*  
337 *megalophylla* (Chiroptera: Mormoopidae) en San Antonio de Pichincha, Pichincha,  
338 Ecuador. Tesis de pregrado. Pontificia Universidad Católica del Ecuador. Quito,  
339 Ecuador.

340 BOADA CE, S BURNEO, TD VRIES y D TIRIRA. 2003. Notas ecológicas y reproductivas  
341 del murciélago rostro de fantasma *Mormoops megalophylla* (Chiroptera: Mormoopidae)  
342 en San Antonio de Pichincha, Pichincha, Ecuador. Mastozoología Neotropical 10:21-26.

343 BOADA CE, JP CARRERA y DG TIRIRA. 2011. Murciélago rostro de fantasma  
344 (*Mormoops megalophylla*). Pp. 204-205 en: Libro rojo de los mamíferos del Ecuador  
345 (DG TIRIRA). Fundación Mamíferos y conservación, Quito.

346 BROWN G, G GADALETA, G PEPE, C SACCONI y E SBISÀ. 1986. Structural  
347 conservation and variation in the D-loop-containing region of vertebrate mitochondrial  
348 DNA. Journal of Molecular Biology 192:503-11.

349 BROWN J, A Beckenbach y M SMITH. 1992. Mitochondrial DNA length variation and  
350 heteroplasmy in populations of white sturgeon (*Acipenser transmontanus*). Genetics  
351 132:221–228.

352 BURNEO S, MD PROAÑO y D TIRIRA. (2015). Plan de acción para la conservación de  
353 los murciélagos del Ecuador. Programa para la conservación de los murciélagos del  
354 Ecuador y Ministerio del Ambiente. Quito.

355 CARABALLO V. 2012. Análisis filogeográfico de *Mormoops megalophylla* (Chiroptera:  
356 Mormoopidae) en el norte de Venezuela y Caribe Sur. Tesis de posgrado. Universidad  
357 Simón Bolívar. Caracas, Venezuela.

358 DÁVALOS LM. 2006. The geography of diversification in the mormoopids (Chiroptera:  
359 Mormoopidae). Biological Journal of the Linnean Society 88:101-18.  
360 <http://doi.wiley.com/10.1111/j.1095-8312.2006.00605.x>.

361 DÁVALOS L, J MOLINARI, H MANTILLA, C MEDINA, J PINEDA y B RODRIGUEZ.  
362 2008. *Mormoops megalophylla*. The IUCN Red List of Threatened Species 2008.  
363 T13878A4360307.

364 DARWIN C. 1859. On the origin of species by means of natural selection. Murray, London.

365 DOMÍNGUEZ-DOMÍNGUEZ O y E VÁZQUEZ-DOMINGUEZ. 2009. Filogeografía:  
366 aplicaciones en taxonomía y conservación. Animal Biodiversity and Conservation.  
367 ISSN:1578-665X

368 EXCOFFIER L, PE SMOUSE y JM QUATTRO. 1992. Analysis of molecular variance  
369 inferred from metric distances among DNA haplotypes: application to human  
370 mitochondrial DNA restriction data. Genetics 131:479-491.

371 FLOYD CH, JJ FLORES-MARTÍNEZ, LG HERRERA, O MEJIA y B MAY. 2009.  
372 Conserving the endangered Mexican fishing bat (*Myotis vivesi*): genetic variation  
373 indicates extensive gene flow among islands in the Gulf of California. Conservation  
374 Genetics 11:813-22.

375 FRANKHAM R. 1995. Inbreeding and extinction: a threshold effect. Journal of  
376 Conservation Biology 9:792–799.

377 FREELAND JR. 2014. Molecular Ecology, en: eLS John Wiley and Sons. DOI:  
378 10.1002/9780470015902.a0003268.

379 FULLER SJ, P CHAVIGNY, L LAPCHIN, y F VANLERBERGHE-MASUTTI. 1999.  
380 Variation in clonal diversity in glasshouse infestations of the aphid, *Aphis gossypii*  
381 Glover in southern France. Molecular Ecology 8:1867-77.

382 FUMAGALLI L, P TABERLET, L FAVRE y J HAUSSER. 1996. Origin and evolution of  
383 homologous repeated sequences in the mitochondrial DNA control region of shrews.  
384 Society for Molecular Biology and Evolution 17:200-206.

385 GUEVARA-CHUMACERO LM. 2009. Patrones filogeográficos de *Pteronotus davyi*  
386 (Chiroptera: Mormoopidae) en México, basados en la región control. Tesis de posgrado.  
387 Universidad Autónoma Metropolitana-Iztapalapa. Ciudad de México, México.

388 GUEVARA-CHUMACERO LM, R LOPEZ-WILCHIS, FF PEDROCHE, J JUSTE, C  
389 IBÁÑEZ e IDLA BARRIGA-SOSA. 2010. Molecular phylogeography of *Pteronotus*  
390 *davyi* (Chiroptera : Mormoopidae) in Mexico. *Journal of Mammalogy* 91:220-32.

391 GRAY JE. 1838. A revision of the genera of bats (Vespertilionidae) and the description of  
392 some new genera and species. *Magazine of Zoology and Botany* 2:483–505.

393 HARTL DL y AG CLARK. 2007. *Principles of Population Genetics*. Sinauer Association  
394 Inc, Massachusetts.

395 HARRISON S y E BRUNA. 1999. Habitat fragmentation and large-scale conservation: what  
396 do we know for sure? *Ecography* 22:225–232.

397 HOENISBERG H. 1992. *Genética de Poblaciones*. Instituto de Genética. Universidad de los  
398 Andes. Editora Géminis, Santafé de Bogotá.

399 HUDSON RR, M SLATKIN y WP MADDISON. 1992. Estimation of levels of gene flow  
400 from DNA sequence data. *Genetics* 132:583-89.

401 IPGRI y CORNWELL UNIVERSITY. 2004. *Conceptos básicos de genética de poblaciones*.  
402 <http://bit.ly/1Xo7nNN>.

403 KEARSE M, R MOIR, A WILSON, S STONES-HAVAS, M CHEUNG, S STURROCK, S  
404 BUXTON, A COOPER, S MARKOWITZ, C DURAN, T THIERER, B ASHTON, P  
405 MEINTJES y A DRUMMOND. 2012. Geneious Basic: An Integrated and Extendable  
406 Desktop Software Platform for the Organization and Analysis of Sequence Data.  
407 *Journal of Bioinformatics* 28:1647-1649.

408 KIMURA M. 1980. A simple method for estimating evolutionary rates of base substitutions  
409 through comparative studies of nucleotide sequences. *Journal of molecular evolution*  
410 16:111-20.

411 KLUCKA JR, M ZINK, JC BARLOW, WB MCGILLIVRAY y TJ DOYLE. 1999. Evidence  
412 Supporting the Recent Origin and Species Status of the Timberline Sparrow. *Condor*  
413 101:577–588.

414 KUNZ TH y PA RACEY. 1998. *Bat Biology and Conservation*. Smithsonian Institution  
415 Scholarly Press, Chicago.

416 KUNZ TH y CD WEISE. 2009. Methods and devices for marking bats. Pp 36-56 en:  
417 *Ecological and behavioral methods for the study of bats* (TH Kunz y S Parsons). 2nd.  
418 Edition. The Johns Hopkins University Press.

419 KUNZ TH, R HODGKISON y CD WEISE. 2009. Methods for capturing and handling  
420 bats. Pp 3-35 en: *Ecological and behavioral methods for the study of bats* (TH Kunz y  
421 S Parsons). 2nd. Edition. The Johns Hopkins University Press.

422 LEACH RP. 1821. The characters of three new genera of bats without foliaceous  
423 appendages to the nose. *Transactions Linnean Society* 13:69-72.

424 LEWIS-ORITT N, C PORTER y RJ BAKER. 2001. Molecular systematics of  
425 Mormoopidae (Chiroptera) Based on Cytochrome b and Recombination Activating  
426 Gene 2 Sequences. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 20: 426-36.

427 LIBRADO P y J ROZAS. 2009. DnaSP v5: A software for comprehensive analysis of DNA  
428 polymorphism data. *Bioinformatics*: 10. 1093.

429 LOPERA-BARRERO NM, JA POVH, RP RIBEIRO, PC GOMES, CB JACOMETO y TDS  
430 LOPES. 2008. Comparación de protocolos de extracción de ADN con muestras de

431 aleta y larva de peces: extracción modificada con cloruro de sodio. Ciencia e  
432 Investigación Agraria 35:77-86.

433 LUNT DH, LE WHIPPLE y BC HYMAN. 1998. Mitochondrial DNA variable number  
434 tandem repeats (VNTRs): utility and problems in molecular ecology. Molecular  
435 Ecology 7:1441-55. <http://doi.wiley.com/10.1046/j.1365-294x.1998.00495>.

436 MCCORMACK JE, AT PETERSON, E BONACCORSO Y TB SMITH. 2008. Speciation  
437 in the highlands of Mexico: genetic and phenotypic divergence in the Mexican jay  
438 (*Aphelocoma ultramarina*). Journal of Molecular Ecology 17:2505–2521.

439 MELNICK DJ y GA HOELSER. 1993. What is mtDNA good for the study of primate  
440 evolution?. Evolutionary Anthropology. 2:2-10

441 MDMQ. 2011. Memoria Técnica del Mapa de Cobertura Vegetal del Distrito Metropolitano  
442 de Quito (DMQ). Secretaría de Ambiente. Quito. ISBN: 978- 9978-353-52-3.

443 MILÁ B, SMITH TB, WAYNE RK. 2007. Speciation and rapid phenotypic differentiation  
444 in the yellow-rumped warbler *Dendroica coronata* complex. Journal of Molecular  
445 Ecology 16:159–173.

446 MINISTERIO DEL AMBIENTE DEL ECUADOR (MAE). 2012. Sistema de clasificación  
447 de los ecosistemas del Ecuador continental. Subsecretaría de Patrimonio Natural.  
448 Quito.

449 MORITZ C, TE DOWLING, y W M BROWN. 1987. Evolution of Animal Mitochondrial  
450 DNA: Relevance for Population Biology and Systematics. Annual Review of Ecology  
451 and Systematics 18:269-92.

452 NEI M. 1972. Genetic Distance between Population. The American Naturalist 106: 283-  
453 292553.

454 NEI M. 1973. Analysis of gene diversity in subdivided populations. Proceedings of the  
455 National Academy of Sciences 70:3321-3323.

456 NEI M, T MARUYAMA y R CHAKRABORTY. 1975. The bottleneck effect and genetic  
457 variability. Journal of Evolution: 29:1-10.

458 NEI M. 1978. Estimation of Average Heterozygosity and Genetic distance from a small  
459 number of individuals. Genetics 89:583-90.

460 NEI M. 1987. Molecular evolutionary genetics. Columbia University Press, New York.

461 OLIVERAS DE ITA A, K OYAMA, TB SMITH, RK WAYNE y B MILÁ. 2011. Genetic  
462 evidence for recent range fragmentation and severely restricted dispersal in the  
463 critically endangered Sierra Madre Sparrow, *Xenospiza baileyi*. Conservation Genetics  
464 13:283-91.

465 ORTEGA J, M TSCHAPKA, TP GONZALEZ-TERRAZAS, G SUZÁN y RA MEDELLÍN.  
466 2009. Phylogeography of *Musonycteris harrisoni* along the Pacific Coast of Mexico.  
467 Acta Chiropterologica 11:259-69.

468 PARSONS TJ, DS MUNIEC, K SULLIVAN, N WOODYAT, R ALLISTON-GREINER,  
469 MR WILSON, DL BERRY, KA HOLLAND, VW WEEDN, P GILL y MM  
470 HOLLAND. 1997. A high observed substitution rate in the human mitochondrial  
471 DNA control region. Nature genetics 15:363-68.

472 PETERS W. 1864. Berichtete über einege säugetheire (*Mormoops*, *Macrotus*, *Vesperus*,  
473 *Molossus*, *Capromys*), amphibien (*Platydactylus*, *Otocryptis*, *Euprepes*, *Ungalia*,

474 *Dromicus, Tropicodontus, Xenodos, Hylodes*) und fische (*Sillago, Sebastes, Channa,*  
475 *Myctophum, Carassius, Barbus, Capoëta, Poecilia, Saurenehelys, Leptocephalus*).  
476 Monatsbericht des Akademie der zur Berlin. 1864:381-399.

477 PESOLE G, C GISSI, A DE CHIRICO y C SACCONI. 1999. Nucleotide substitution rate  
478 of mammalian mitochondrial genomes. *Journal of Molecular Evolution* 48:427-34.

479 REHN J. 1902. A revision of the genus *Mormoops*. *Proceedings of the Natural Academy of*  
480 *Sciences of Philadelphia*. 54:160-72.

481 RELCOM. 2011. Criterios y normativa para el establecimiento de Áreas importantes para la  
482 conservación de los murciélagos (AICOMs) y Sitios importantes para la conservación  
483 de los murciélagos (SICOMs).  
484 [www.relcomlatinoamerica.net/estrategia/pdfs/2dareunion\\_relcom/Criterios\\_AICOM\\_](http://www.relcomlatinoamerica.net/estrategia/pdfs/2dareunion_relcom/Criterios_AICOM_SICOMS_2011.pdf)  
485 [SICOMS\\_2011.pdf](http://www.relcomlatinoamerica.net/estrategia/pdfs/2dareunion_relcom/Criterios_AICOM_SICOMS_2011.pdf).

486 REZSUTEK M. y G CAMERON. 1991. *Mormoops megalophylla*. *Mammalian Species*,  
487 448:1-5.

488 RUIZ-ORTIZ JD. 2014. Variación y estructura genética de *Pteronotus parnellii*  
489 (*Mormoopidae*: *Chiroptera*) en México, con base en las secuencias del dominio HVII  
490 de la región control del ADN mitocondrial. Tesis de pregrado. Universidad Autónoma  
491 Metropolitana-Iztapalapa. Ciudad de México, México.

492 RUSSELL AL, R MEDELLÍN y GF MCCRACKEN. 2005. Genetic variation and migration  
493 in the Mexican free-tailed bat (*Tadarida brasiliensis mexicana*). *Molecular Ecology*  
494 14:2207–2222. DOI 10.1111/j.1365-294X.2005.02552.x

495 SACCONI C, M ATTIMONELLI, E SBISÁ. 1987. Structural elements highly preserved  
496 during the evolution of the D-loop containing regions in vertebrate mitochondrial  
497 DNA. *Journal Molecular Evolution* 26:205–211.

498 SBISÀ E, F TANZARIELLO, A REYES, G PESOLE y C SACCONE. 1997. Mammalian  
499 mitochondrial D-loop region structural analysis: identification of new conserved  
500 sequences and their functional and evolutionary implications. *Gene* 205:125-40.

501 SIMMONS NB. 2005. Order Chiroptera. Pp. 312-529, en: *Mammal species of the World: a*  
502 *taxonomic and geographic reference.* (WILSON DE y DM REEDER, eds). Third  
503 Edition. Volume 1. The Johns Hopkins University Press, Baltimore, Maryland, USA.  
504 ISBN 0-8018-8221-4.

505 SIMMONS NB y RT VOSS. 2009. Collection, preparation, and fixation of bat specimens  
506 and tissues. Pp 850-867 en: *Ecological and behavioral methods for the study of bats*  
507 *(TH Kunz y S Parsons).* 2nd. Edition. The Johns Hopkins University Press.

508 SLATKIN M. 1985. Gene flow in natural populations. *Annual Review of Ecology and*  
509 *Systematics.* 16:393-430.

510 SLATKIN M. 1987. Gene flow and the geographic structure of natural populations. *The*  
511 *American Journal of Tropical Medicine and Hygiene* 236:787-92.

512 SLATKIN M. 1999. Flujo génico en poblaciones naturales, en: *Evolución Biológica* (JN  
513 Farfán y LE Eguiarte). UNAM. México.

514 SMITH JD. 1972. Systematics of the chiropteran family Mormoopidae. *Miscellaneous*  
515 *Publications* 56:1-132. Museum of Natural History, University of Kansas.

516 TAMURA K y M NEI. 1993. Estimation of the number of base nucleotide substitutions in  
517 the control region of mitochondrial DNA in humans and chimpanzees. *Molecular*  
518 *Biology and Evolution* 10:512-26.

519 TAMURA K, D PETERSON, N PETERSON, G STECHER, M NEI y S KUMAR. 2011.  
520 MEGA5: Molecular evolutionary genetics analysis using maximum likelihood,

521 evolutionary distance, and maximum parsimony methods. *Molecular Biology and*  
522 *Evolution* 28:2731– 2739.

523 TIRIRA D. 2007. *Guía de campo de los Mamíferos de Ecuador*. Murciélago Blanco, Quito.

524 VAN DEN BUSSCHE R, SR HOOFFER, y NB SIMMONS. 2002. Phylogenetic  
525 relationships of mormoopid bats using mitochondrial gene sequences and morphology.  
526 *Journal of Mammalogy* 83:40-48.

527 WILKINSON GS y AM CHAPMAN. 1991. Length and sequence variation in evening bat  
528 D-loop mtDNA. *Genetics* 128:607-17.

529 WILKINSON GS y TH FLEMING. (1996). Migration and evolution of lesser long-nosed  
530 bat *Leptonycteris curasoae*, inferred from mitochondrial DNA. *Molecular Ecology*,  
531 5:329–339.

532 WILKINSON GS, F MAYER, G KERTH y B PETRI. 1997. Evolution of repeated sequence  
533 arrays in the D-loop región of bat mitochondrial DNA. *Genetics* 146:1035-1048.

534 WOLFE KH, PM SHARP y WH LI. 1989. Mutation rates differ among regions of the  
535 mammalian genome. *Nature* 337:283-85.

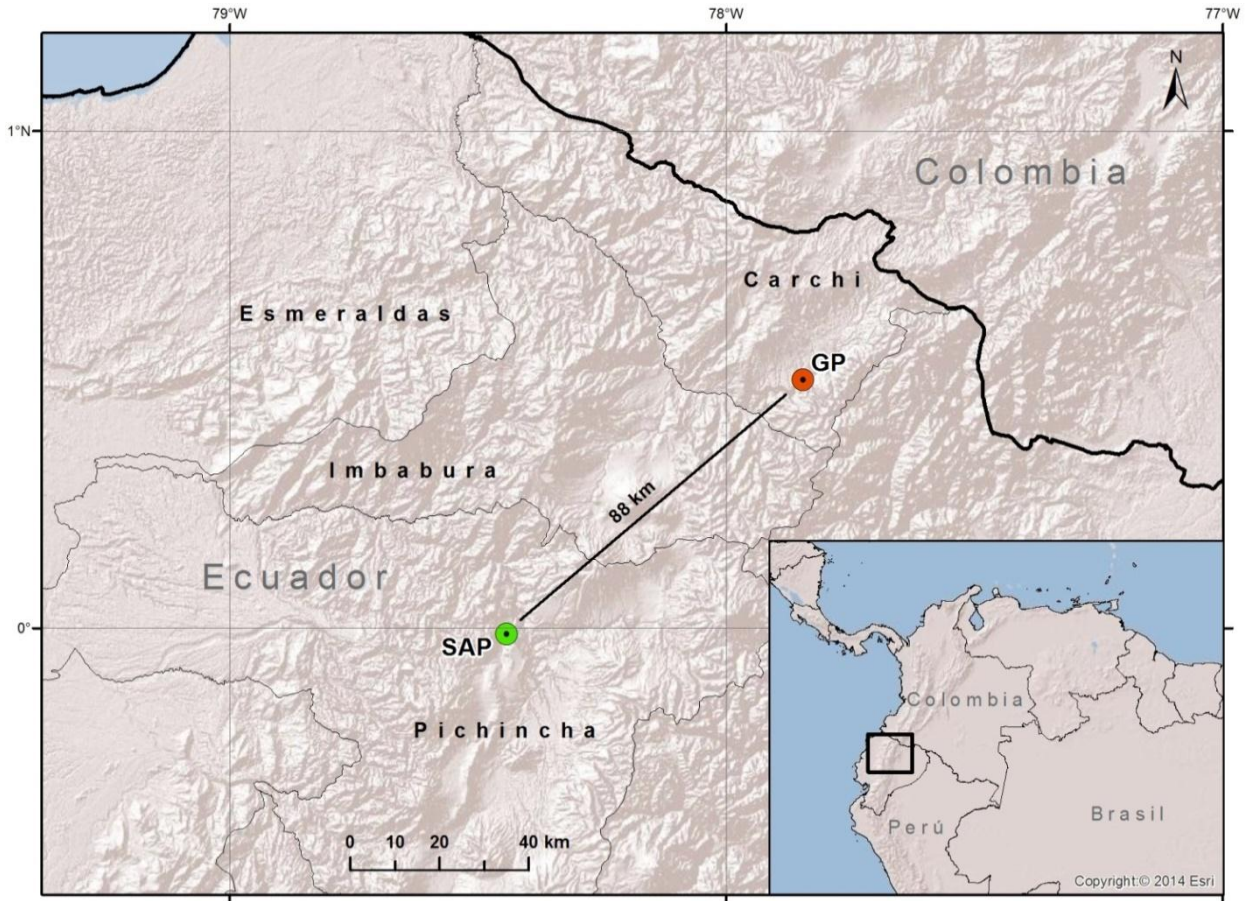
536 WRIGHT, S. 1950. Genetical structure of populations. *Nature* 166:247-49.

537 ZÁRATE-MARTÍNEZ DG. 2013. Variación genética entre poblaciones de *Pteronotus*  
538 *personatus* (Chiroptera : Mormoopidae) en México. Tesis de posgrado. Universidad  
539 Autónoma Metropolitana Iztapalapa. Ciudad de México, México.

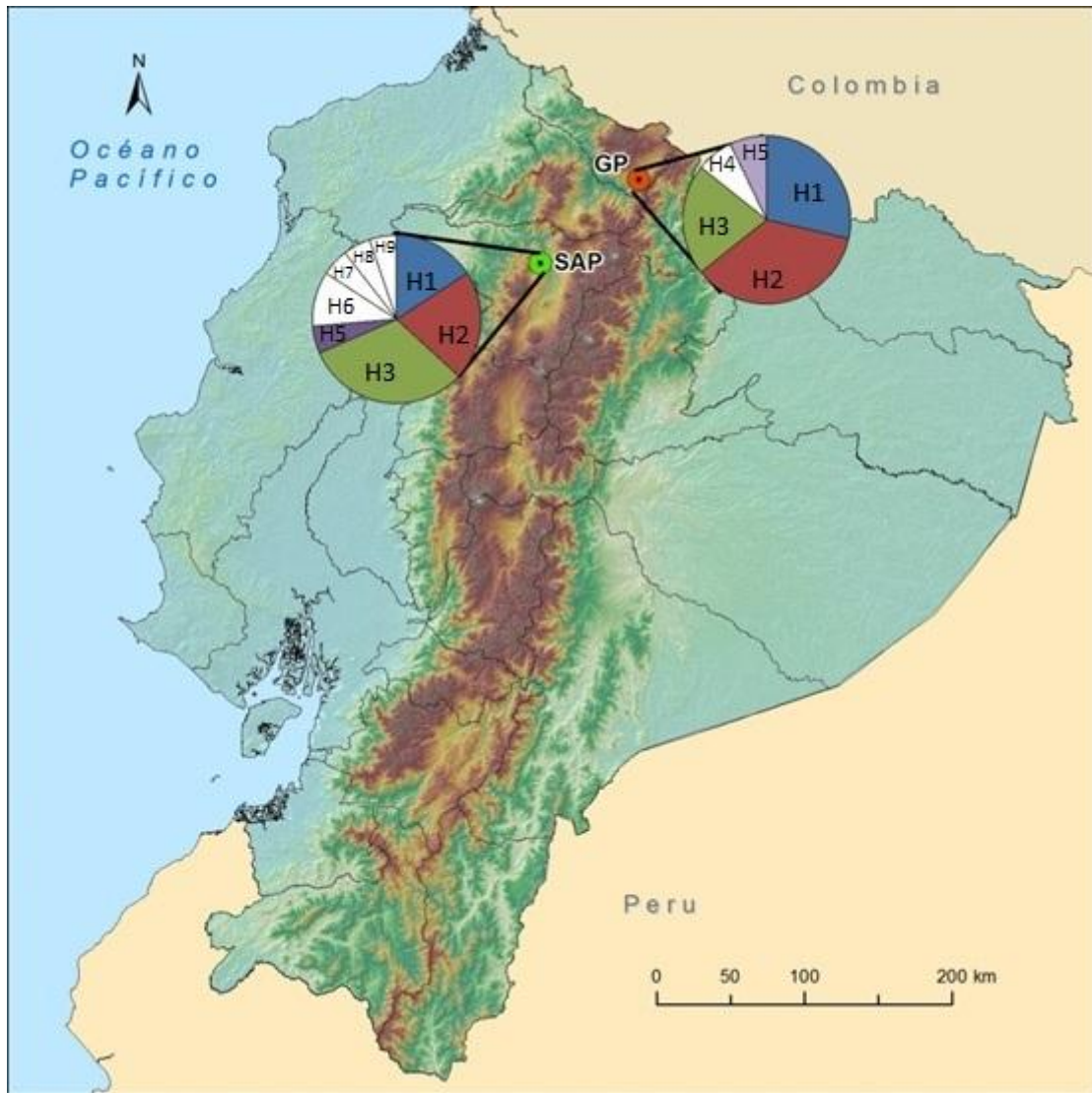
540 ZHONG LJ, MW ZHANG, YF YAO, QY NI, J MU, CQ LI y XL XU. 2013. Genetic  
541 diversity of two Tibetan macaque (*Macaca thibetana*) populations from Guizhou and  
542 Yunnan in China based on mitochondrial DNA D-loop sequences. *Genes and*  
543 *Genomics* 35: 205-14.

ANEXOS

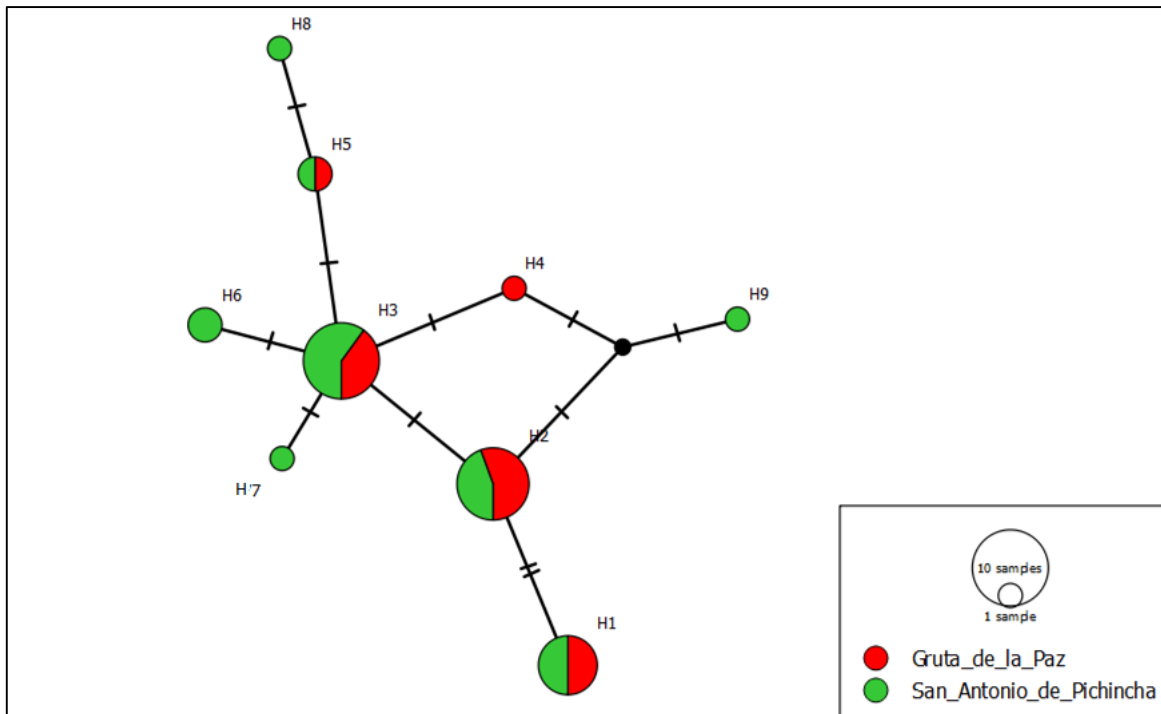
FIGURAS



544 Figura 1. Localidades de recolección y marcaje de *Mormoops megalophylla* en Ecuador. GP  
545 (Gruta de la Paz- Provincia de Carchi) en rojo y SAP (San Antonio de Pichincha- Provincia  
546 de Pichincha) en verde.



547 Figura 2. Distribución geográfica de los haplotipos de D-Loop en las dos localidades. Los  
 548 pasteles muestran la ubicación geográfica de los haplotipos y su distribución en las dos  
 549 localidades. Los colores indican que el haplotipo es compartido y el blanco indica que son  
 550 exclusivos a cada localidad. Cada haplotipo indica su nombre con la H y el número  
 551 correspondiente.



552 Figura 3. Red de haplotipos Median-Joining para D-Loop en las poblaciones estudiadas de  
 553 *Mormoops megalophylla* en Ecuador. Los círculos representan a los 9 haplotipos, el color rojo  
 554 representa a los haplotipos que se encuentran presentes en la Gruta de la Paz y el verde a los  
 555 que están en San Antonio de Pichincha. Cada haplotipo está representado por la letra H y su  
 556 número correspondiente. Las líneas sobre las barras que separan los haplotipos representan a  
 557 los pasos mutacionales entre un haplotipo y otro y los puntos representan haplotipos  
 558 imaginarios.

## TABLAS

559 Tabla 1. Estimadores de diversidad del D-Loop, distribución y frecuencia de los haplotipos  
 560 dentro de las localidades. (n): tamaño de muestra; (S): número de sitios segregantes; (k):  
 561 número de haplotipos; (h): diversidad haplotípica; ( $\pi$ ): diversidad nucleotídica.

Población	(n)	(S)	(k)	(h)	( $\pi$ )	Frecuencia haplotipos
GP	14	5	5	0,791	0,0034	H1(3); H2(5); H3(3); H4 <sup>u</sup> ; H5(1)
SAP	19	9	8	0,854	0,0041	H1(3); H2(4); H3(7); H5(1); H6 <sup>u</sup> (2); H7 <sup>u</sup> (1); H8 <sup>u</sup> (1); H9 <sup>u</sup> (1)
TOTAL	33	9	9	0,814	0,0037	

562 <sup>u</sup>:haplotipo único para la población

563 Tabla 2. Sitios variables en los 9 haplotipos obtenidos a partir del D-Loop y frecuencia de  
 564 cada uno de los haplotipos en las dos localidades. Los puntos representan igualdad con la base  
 565 de la primera fila (H1). Los números representan la posición de la base variable en la  
 566 secuencia. En el lado derecho de la tabla se detalla la frecuencia de cada haplotipo por  
 567 localidad.

	131	139	187	197	200	208	220	222	233	SAP	GP
H1	G	G	A	G	T	C	A	C	T	3	3
H2	.	A	.	.	.	.	.	.	C	4	5
H3	.	A	.	.	C	.	.	.	C	7	3
H4	.	A	G	.	C	.	.	.	C	0	1
H5	.	A	.	A	C	.	.	.	C	1	1
H6	.	A	.	.	C	.	.	G	C	2	0
H7	.	A	.	.	C	.	G	.	C	1	0
H8	A	A	.	A	C	.	.	.	C	1	0
H9	.	A	.	.	.	T	.	.	C	1	0

568 Tabla 3. Estimadores de diversidad del Citocromo b, distribución y frecuencia de los  
 569 haplotipos dentro de las localidades. (n): tamaño de muestra; (S): número de sitios  
 570 segregantes; (k): número de haplotipos; (h): diversidad haplotípica; ( $\pi$ ): diversidad  
 571 nucleotídica.

Población	(n)	(S)	(k)	(h)	( $\pi$ )	Frecuencia haplotipos
GP	17	0	1	0	0	HA (17)
SAP	17	1	2	0,118	0,0013	HA(16); HB <sup>u</sup> (1)
TOTAL	34	1	2	0,059	0,0000 7	

572 Tabla 4. Análisis de varianza molecular (AMOVA) de D-Loop en las 2 poblaciones.

Fuente de variación	g.l	Suma de cuadrados	Componentes de varianza	Porcentaje de variación
Entre poblaciones	1	0,402	-0.02920 Va	-3,46
Dentro de poblaciones	31	27,053	0,87267 Vb	103,46
TOTAL	32	27,455	0,84346	

p=0,75

573

## APÉNDICES

### 574 Apéndice 1. Individuos capturados y marcados durante la investigación.

N. Campo	Localidad	Marcaje	Tejido	Colectado	Anillos	Extracción
QK-M 52871	San Antonio de Pichincha	No	Sí	Sí	No	Sí
QK-M 52872	San Antonio de Pichincha	No	Sí	Sí	No	Sí
QK-M 52873	San Antonio de Pichincha	No	Sí	No	No	Sí
QK-M 52874	San Antonio de Pichincha	No	Sí	No	No	Sí
QK-M 52875	San Antonio de Pichincha	No	Sí	No	No	Sí
QK-M 52876	San Antonio de Pichincha	No	Sí	No	No	Sí
QK-M 52877	San Antonio de Pichincha	No	Sí	No	No	Sí
QK-M 52878	San Antonio de Pichincha	No	Sí	No	No	Sí
QK-M 52879	San Antonio de Pichincha	No	Sí	No	No	Sí
QK-M 52880	San Antonio de Pichincha	No	Sí	No	No	Sí
QK-M 52881	San Antonio de Pichincha	No	Sí	No	No	Sí
QK-M 52882	San Antonio de Pichincha	No	Sí	No	No	Sí
QK-M 52883	San Antonio de Pichincha	No	Sí	No	No	Sí
QK-M 52884	San Antonio de Pichincha	No	Sí	No	No	Sí
QK-M 52885	San Antonio de Pichincha	No	Sí	No	No	Sí
QK-M 52886	San Antonio de Pichincha	No	Sí	No	No	Sí
QK-M 52887	San Antonio de Pichincha	No	Sí	No	No	Sí
QK-M 52888	San Antonio de Pichincha	No	Sí	Sí	No	Sí
QK-M 52889	San Antonio de Pichincha	No	Sí	No	No	Sí
QK-M 52890	San Antonio de Pichincha	No	Sí	No	No	Sí
QK-M 52891	San Antonio de Pichincha	No	Sí	Sí	No	Sí
QK-M 52892	Gruta de la Paz	No	Sí	Sí	No	Sí
QK-M 52893	Gruta de la Paz	No	Sí	Sí	No	Sí
QK-M 52894	Gruta de la Paz	No	Sí	Sí	No	Sí
QK-M 52895	Gruta de la Paz	No	Sí	Sí	No	Sí

VLD001	Gruta de la Paz	No	Sí	No	No	Sí
VLD002	Gruta de la Paz	No	Sí	No	No	Sí
VLD003	Gruta de la Paz	No	Sí	No	No	Sí
VLD004	Gruta de la Paz	No	Sí	No	No	Sí
VLD005	Gruta de la Paz	No	Sí	No	No	Sí
VLD006	Gruta de la Paz	No	Sí	No	No	Sí
VLD007	Gruta de la Paz	No	Sí	No	No	Sí
VLD008	Gruta de la Paz	No	Sí	No	No	Sí
VLD009	Gruta de la Paz	No	Sí	No	No	Sí
VLD010	Gruta de la Paz	No	Sí	No	No	Sí
VLD011	Gruta de la Paz	No	Sí	No	No	Sí
VLD012	Gruta de la Paz	No	Sí	No	No	Sí
VLD013	Gruta de la Paz	No	Sí	No	No	Sí
VLD014	Gruta de la Paz	No	Sí	No	No	Sí
VLD015	Gruta de la Paz	No	Sí	No	No	Sí
VLD016	Gruta de la Paz	No	Sí	No	No	Sí
QK-M 53550	San Antonio de Pichincha	A.0.1.2.3	Sí	No	A0001	No
QK-M 53551	San Antonio de Pichincha	A.0.1.2.4	Sí	No	A0002	No
QK-M 53552	San Antonio de Pichincha	A.0.1.2.5	Sí	No	A0003	No
QK-M 53553	San Antonio de Pichincha	A.0.1.2.6	Sí	No	A0004	No
QK-M 53554	San Antonio de Pichincha	A.0.1.2.7	Sí	No	A0005	No
QK-M 53555	San Antonio de Pichincha	A.0.1.2.8	Sí	No	A0006	No
QK-M 53556	San Antonio de Pichincha	A.0.1.2.9	Sí	No	A0007	No
QK-M 53557	San Antonio de Pichincha	A.0.1.3.2	Sí	No	A0008	No
QK-M 53558	San Antonio de Pichincha	A.0.1.3.4	Sí	No	A0009	No
QK-M 53559	San Antonio de Pichincha	A.0.1.3.5	Sí	No	A0010	No
QK-M 53560	San Antonio de Pichincha	A.0.1.3.6	Sí	No	A0011	No
QK-M 53561	San Antonio de Pichincha	A.0.1.3.7	Sí	No	A0012	No
QK-M 53562	San Antonio de Pichincha	A.0.1.3.8	Sí	No	A0013	No
QK-M 53564	San Antonio de Pichincha	A.0.1.3.9	Sí	No	A0015	No

QK-M 53571	San Antonio de Pichincha	A.0.1.4.2	Sí	No	A0014	No
QK-M 53565	San Antonio de Pichincha	A.0.1.4.3	Sí	No	A0016	No
QK-M 53566	San Antonio de Pichincha	A.0.1.4.5	Sí	No	A0017	No
QK-M 53567	San Antonio de Pichincha	A.0.1.4.6	Sí	No	A0018	No
QK-M 53568	San Antonio de Pichincha	A.0.1.4.7	Sí	No	A0019	No
QK-M 53569	San Antonio de Pichincha	A.0.1.4.8	Sí	No	A0020	No
QK-M 56570	San Antonio de Pichincha	A.0.1.4.9	Sí	No	A0021	No
QK-M 53572	San Antonio de Pichincha	A.0.1.5.2	Sí	No	R0001	No
QK-M 53573	San Antonio de Pichincha	A.0.1.5.3	Sí	No	R0002	No
QK-M 53574	San Antonio de Pichincha	A.0.1.5.4	Sí	No	R0003	No
QK-M 53575	San Antonio de Pichincha	A.0.1.5.6	Sí	No	A0022	No
QK-M 53576	San Antonio de Pichincha	A.0.1.5.7	Sí	No	A0023	No
QK-M 53577	San Antonio de Pichincha	A.0.1.5.8	Sí	No	A0024	No
QK-M 53578	San Antonio de Pichincha	A.0.1.5.9	Sí	No	A0025	No
QK-M 53579	San Antonio de Pichincha	A.0.1.6.2	Sí	No	R0004	No
QK-M 53580	San Antonio de Pichincha	A.0.1.6.3	Sí	No	R0005	No
QK-M 53581	San Antonio de Pichincha	A.0.1.6.4	Sí	No	A0026	No
QK-M 53582	San Antonio de Pichincha	A.0.1.6.5	Sí	No	A0027	No
QK-M 53583	San Antonio de Pichincha	A.0.1.6.7	Sí	No	A0028	No
QK-M 53584	San Antonio de Pichincha	A.0.1.6.8	Sí	No	R0006	No
QK-M 53585	San Antonio de Pichincha	A.0.1.6.9	Sí	No	R0007	No
QK-M 53586	San Antonio de Pichincha	A.0.1.7.2	Sí	No	R0008	No
QK-M 53587	San Antonio de Pichincha	A.0.1.7.3	Sí	No	A0029	No
QK-M 56588	San Antonio de Pichincha	A.0.1.7.4	Sí	No	A0030	No
QK-M 53589	San Antonio de Pichincha	A.0.1.7.5	Sí	No	A0031	No
QK-M 53590	San Antonio de Pichincha	A.0.1.7.6	Sí	No	A0032	No
QK-M 53591	San Antonio de Pichincha	A.0.1.7.8	Sí	No	R0009	No
QKM-53592	San Antonio de Pichincha	A.0.1.7.9	Sí	No	A0033	No
QK-M 53593	San Antonio de Pichincha	A.0.1.8.2	Sí	No	A0034	No
QK-M 53594	San Antonio de Pichincha	A.0.1.8.3	Sí	No	A0035	No

QK-M 53595	San Antonio de Pichincha	A.0.1.8.4	Sí	No	A0036	No
QK-M 53596	San Antonio de Pichincha	A.0.1.8.5	Sí	No	A0037	No
QK-M 53597	San Antonio de Pichincha	A.0.1.8.6	Sí	No	A0038	No
QK-M 53598	San Antonio de Pichincha	A.0.1.8.7	Sí	No	R0010	No
VLD018	San Antonio de Pichincha	A.0.1.8.7	Sí	No	R0011	No
VLD019	San Antonio de Pichincha	A.0.1.8.9	Sí	No	R0012	No
VLD020	San Antonio de Pichincha	A.0.1.9.2	Sí	No	R0013	No
VLD021	San Antonio de Pichincha	A.0.1.9.3	Sí	No	R0014	No
VLD022	San Antonio de Pichincha	A.0.1.9.4	Sí	No	A0039	No
VLD023	San Antonio de Pichincha	A.0.1.9.5	Sí	No	R0015	No
VLD024	San Antonio de Pichincha	A.0.1.9.6	Sí	No	A0040	No
VLD025	San Antonio de Pichincha	A.0.1.9.7	Sí	No	A0041	No
VLD026	San Antonio de Pichincha	A.0.1.9.8	Sí	No	A0042	No
QK-M 52906	San Antonio de Pichincha	A.0.2.1.3	Sí	No	A0043	No
QK-M 52907	San Antonio de Pichincha	A.0.2.1.4	Sí	No	A0044	No
QK-M 52908	San Antonio de Pichincha	A.0.2.1.5	Sí	No	R0016	No
QK-M 52909	San Antonio de Pichincha	A.0.2.1.6	Sí	No	A0045	No
QK-M 52910	San Antonio de Pichincha	A.0.2.1.7	Sí	No	A0046	No
QK-M 52911	San Antonio de Pichincha	A.0.2.1.8	Sí	No	R0017	No
QK-M 52912	San Antonio de Pichincha	A.0.2.1.9	Sí	No	A0047	No
QK-M 52913	San Antonio de Pichincha	A.0.2.3.1	Sí	No	A0048	No
QK-M 52914	San Antonio de Pichincha	A.0.2.3.4	Sí	No	A0049	No
QK-M 52915	San Antonio de Pichincha	A.0.2.3.5	Sí	No	A0050	No
QK-M 52916	San Antonio de Pichincha	A.0.2.3.6	Sí	No	R0018	No
QK-M 52917	San Antonio de Pichincha	A.0.2.3.7	Sí	No	A0051	No
QK-M 52918	San Antonio de Pichincha	A.0.2.3.8	Sí	No	R0019	No
QK-M 52932	San Antonio de Pichincha	A.0.2.3.9	Sí	No	R0021	No
QK-M 52933	San Antonio de Pichincha	A.0.2.4.1	Sí	No	A0063	No
QK-M 52934	San Antonio de Pichincha	A.0.2.4.3	Sí	No	A0064	No
QK-M 52935	San Antonio de Pichincha	A.0.2.4.5	Sí	No	R0022	No

NA	San Antonio de Pichincha	A.0.2.4.6	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.2.4.7	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.2.4.8	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.2.4.9	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.2.5.1	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.2.5.3	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.2.5.4	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.2.5.6	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.2.5.7	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.2.5.8	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.2.5.9	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.2.6.1	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.2.6.3	No	No	No	No
QK-M 52936	San Antonio de Pichincha	A.0.2.6.4	Sí	No	R0023	No
QK-M 52937	San Antonio de Pichincha	A.0.2.6.5	Sí	No	R0024	No
QK-M 52938	San Antonio de Pichincha	A.0.2.6.7	Sí	No	R0025	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.2.6.8	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.2.6.9	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.2.7.1	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.2.7.3	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.2.7.4	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.2.7.5	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.2.7.6	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.2.7.8	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.2.7.9	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.2.8.1	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.2.8.3	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.2.8.4	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.2.8.5	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.2.8.6	No	No	No	No

---

NA	San Antonio de Pichincha	A.0.2.8.7	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.2.8.9	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.2.9.1	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.2.9.3	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.2.9.4	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.2.9.5	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.2.9.6	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.2.9.7	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.2.9.8	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.3.1.2	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.3.1.4	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.3.1.5	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.3.1.6	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.3.1.7	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.3.1.8	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.3.1.9	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.3.2.1	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.3.2.4	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.3.2.5	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.3.2.6	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.3.2.7	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.3.2.8	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.3.2.9	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.3.4.1	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.3.4.2	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.3.4.5	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.3.4.6	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.3.4.7	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.3.4.8	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.3.4.9	No	No	No	No

---

NA	San Antonio de Pichincha	A.0.3.5.1	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.3.5.2	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.3.5.4	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.3.5.6	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.3.5.7	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.3.5.8	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.3.5.9	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.3.6.1	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.3.6.2	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.3.6.4	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.3.6.5	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.3.6.7	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.3.6.8	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.3.6.9	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.3.7.1	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.3.7.2	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.3.7.4	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.3.7.5	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.3.7.6	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.3.7.8	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.3.7.9	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.3.8.1	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.3.8.2	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.3.8.4	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.3.8.5	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.3.8.6	No	No	No	No
QK-M 52940	Gruta de la Paz	A.0.3.8.7	Sí	No	R0026	No
QK-M 52941	Gruta de la Paz	A.0.3.8.9	Sí	No	A0065	No
QK-M 52942	Gruta de la Paz	A.0.3.9.1	Sí	No	A0066	No
QK-M 52943	Gruta de la Paz	A.0.3.9.2	Sí	No	R0027	No

QK-M 52944	Gruta de la Paz	A.0.3.9.4	Sí	No	R0028	No
QK-M 52945	Gruta de la Paz	A.0.3.9.5	Sí	No	R0029	No
QK-M 52946	Gruta de la Paz	A.0.3.9.6	Sí	No	A0067	No
QK-M 52947	Gruta de la Paz	A.0.3.9.7	Sí	No	A0068	No
QK-M 52948	Gruta de la Paz	A.0.3.9.8	Sí	No	A0069	No
QK-M 52949	Gruta de la Paz	A.0.4.1.2	Sí	No	A0070	No
QK-M 52950	Gruta de la Paz	A.0.4.1.3	Sí	No	A0071	No
QK-M 52951	Gruta de la Paz	A.0.4.1.5	Sí	No	A0072	No
QK-M 52952	Gruta de la Paz	A.0.4.1.6	Sí	No	R0030	No
QK-M 52953	Gruta de la Paz	A.0.4.1.7	Sí	No	A0073	No
QK-M 52954	Gruta de la Paz	A.0.4.1.8	Sí	No	R0031	No
QK-M 52955	Gruta de la Paz	A.0.4.1.9	Sí	No	A0074	No
QK-M 52956	Gruta de la Paz	A.0.4.2.1	Sí	No	R0032	No
QK-M 52957	Gruta de la Paz	A.0.4.2.3	Sí	No	R0033	No
QK-M 52958	Gruta de la Paz	A.0.4.2.5	Sí	No	A0075	No
QK-M 52959	Gruta de la Paz	A.0.4.2.6	Sí	No	A0076	No
QK-M 52960	Gruta de la Paz	A.0.4.2.7	Sí	No	A0077	No
QK-M 52961	Gruta de la Paz	A.0.4.2.8	Sí	No	A0078	No
QK-M 52962	Gruta de la Paz	A.0.4.2.9	Sí	No	R0034	No
QK-M 52963	Gruta de la Paz	A.0.4.3.1	Sí	No	A0079	No
QK-M 52964	Gruta de la Paz	A.0.4.3.2	Sí	No	R0035	No
QK-M 52965	Gruta de la Paz	A.0.4.3.5	Sí	No	A0080	No
QK-M 52966	Gruta de la Paz	A.0.4.3.6	Sí	No	A0081	No
QK-M 52967	Gruta de la Paz	A.0.4.3.7	Sí	No	R0036	No
QK-M 52968	Gruta de la Paz	A.0.4.3.8	Sí	No	A0082	No
QK-M 52969	Gruta de la Paz	A.0.4.3.9	Sí	No	R0037	No
QK-M 52970	Gruta de la Paz	A.0.4.5.1	Sí	No	A0083	No
QK-M 52971	Gruta de la Paz	A.0.4.5.2	Sí	No	A0084	No
QK-M 52972	Gruta de la Paz	A.0.4.5.3	Sí	No	R0038	No
NA	Gruta de la Paz	A.0.4.5.6	No	No	No	No

---

NA	Gruta de la Paz	A.0.4.5.7	No	No	No	No
NA	Gruta de la Paz	A.0.4.5.8	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.4.5.9	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.4.6.1	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.4.6.2	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.4.6.3	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.4.6.5	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.4.6.7	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.4.6.8	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.4.6.9	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.4.7.1	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.4.7.2	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.4.7.3	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.4.7.5	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.4.7.6	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.4.7.8	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.4.7.9	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.4.8.1	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.4.8.2	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.4.8.3	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.4.8.5	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.4.8.6	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.4.8.7	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.4.8.9	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.4.9.1	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.4.9.2	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.4.9.3	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.4.9.5	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.4.9.6	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.4.9.7	No	No	No	No

---

---

NA	San Antonio de Pichincha	A.0.4.9.8	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.5.1.2	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.5.1.3	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.5.1.4	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.5.1.6	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.5.1.7	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.5.1.8	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.5.1.9	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.5.2.1	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.5.2.3	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.5.2.4	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.5.2.6	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.5.2.7	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.5.2.8	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.5.2.9	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.5.3.1	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.5.3.2	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.5.3.4	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.5.3.6	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.5.3.7	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.5.3.8	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.5.3.9	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.5.4.1	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.5.4.2	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.5.4.3	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.5.4.6	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.5.4.7	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.5.4.8	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.5.4.9	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.5.6.1	No	No	No	No

---

---

NA	San Antonio de Pichincha	A.0.5.6.2	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.5.6.3	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.5.6.4	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.5.6.7	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.5.6.8	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.5.6.9	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.5.7.1	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.5.7.2	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.5.7.3	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.5.7.4	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.5.7.6	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.5.7.8	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.5.7.9	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.5.8.1	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.5.8.2	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.5.8.3	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.5.8.4	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.5.8.6	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.5.8.7	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.5.8.9	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.5.9.1	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.5.9.2	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.5.9.3	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.5.9.4	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.5.9.6	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.5.9.7	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.5.9.8	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.6.1.2	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.6.1.3	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.6.1.4	No	No	No	No

---

---

NA	San Antonio de Pichincha	A.0.6.1.5	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.6.1.7	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.6.1.8	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.6.1.9	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.6.2.1	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.6.2.3	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.6.2.4	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.6.2.5	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.6.2.7	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.6.2.8	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.6.2.9	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.6.3.1	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.6.3.2	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.6.3.4	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.6.3.5	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.6.3.7	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.6.3.8	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.6.3.9	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.6.4.1	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.6.4.2	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.6.4.3	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.6.4.5	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.6.4.7	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.6.4.8	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.6.4.9	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.6.5.1	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.6.5.2	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.6.5.3	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.6.5.4	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.6.5.7	No	No	No	No

---

NA	San Antonio de Pichincha	A.0.6.5.8	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.6.5.9	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.6.7.1	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.6.7.2	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.6.7.3	No	No	No	No
NA	Gruta de la Paz	A.0.6.7.4	No	No	No	No
NA	Gruta de la Paz	A.0.6.7.5	No	No	No	No
NA	Gruta de la Paz	A.0.6.7.8	No	No	No	No
NA	Gruta de la Paz	A.0.6.7.9	No	No	No	No
NA	Gruta de la Paz	A.0.6.8.1	No	No	No	No
NA	Gruta de la Paz	A.0.6.8.2	No	No	No	No
NA	Gruta de la Paz	A.0.6.8.3	No	No	No	No
NA	Gruta de la Paz	A.0.6.8.4	No	No	No	No
NA	Gruta de la Paz	A.0.6.8.5	No	No	No	No
NA	Gruta de la Paz	A.0.6.8.7	No	No	No	No
NA	Gruta de la Paz	A.0.6.8.9	No	No	No	No
NA	Gruta de la Paz	A.0.6.9.1	No	No	No	No
NA	Gruta de la Paz	A.0.6.9.2	No	No	No	No
NA	Gruta de la Paz	A.0.6.9.3	No	No	No	No
NA	Gruta de la Paz	A.0.6.9.4	No	No	No	No
NA	Gruta de la Paz	A.0.6.9.5	No	No	No	No
NA	Gruta de la Paz	A.0.6.9.7	No	No	No	No
NA	Gruta de la Paz	A.0.6.9.8	No	No	No	No
NA	Gruta de la Paz	A.0.7.1.2	No	No	No	No
NA	Gruta de la Paz	A.0.7.1.3	No	No	No	No
NA	Gruta de la Paz	A.0.7.1.4	No	No	No	No
NA	Gruta de la Paz	A.0.7.1.5	No	No	No	No
NA	Gruta de la Paz	A.0.7.1.6	No	No	No	No
NA	Gruta de la Paz	A.0.7.1.8	No	No	No	No
NA	Gruta de la Paz	A.0.7.1.9	No	No	No	No

---

NA	Gruta de la Paz	A.0.7.2.1	No	No	No	No
NA	Gruta de la Paz	A.0.7.2.3	No	No	No	No
NA	Gruta de la Paz	A.0.7.2.4	No	No	No	No
NA	Gruta de la Paz	A.0.7.2.5	No	No	No	No
NA	Gruta de la Paz	A.0.7.2.6	No	No	No	No
NA	Gruta de la Paz	A.0.7.2.8	No	No	No	No
NA	Gruta de la Paz	A.0.7.2.9	No	No	No	No
NA	Gruta de la Paz	A.0.7.3.1	No	No	No	No
NA	Gruta de la Paz	A.0.7.3.2	No	No	No	No
NA	Gruta de la Paz	A.0.7.3.4	No	No	No	No
NA	Gruta de la Paz	A.0.7.3.5	No	No	No	No
NA	Gruta de la Paz	A.0.7.3.6	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.7.3.8	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.7.3.9	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.7.4.1	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.7.4.2	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.7.4.3	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.7.4.5	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.7.4.6	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.7.4.8	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.7.4.9	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.7.5.1	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.7.5.2	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.7.5.3	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.7.5.4	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.7.5.6	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.7.5.8	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.7.5.9	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.7.6.1	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.7.6.2	No	No	No	No

---

---

NA	San Antonio de Pichincha	A.0.7.6.3	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.7.6.4	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.7.6.5	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.7.6.8	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.7.6.9	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.7.8.1	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.7.8.2	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.7.8.3	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.7.8.4	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.7.8.5	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.7.8.6	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.7.8.9	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.7.9.1	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.7.9.2	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.7.9.3	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.7.9.4	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.7.9.5	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.7.9.6	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.7.9.8	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.8.1.2	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.8.1.3	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.8.1.4	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.8.1.5	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.8.1.6	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.8.1.7	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.8.1.9	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.8.2.1	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.8.2.3	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.8.2.4	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.8.2.5	No	No	No	No

---

NA	San Antonio de Pichincha	A.0.8.2.6	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.8.2.7	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.8.2.9	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.8.3.1	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.8.3.2	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.8.3.4	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.8.3.5	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.8.3.6	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.8.3.7	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.8.3.9	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.8.4.1	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.8.4.2	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.8.4.3	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.8.4.5	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.8.4.6	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.8.4.7	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.8.4.9	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.8.5.1	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.8.5.2	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.8.5.3	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.8.5.4	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.8.5.6	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.8.5.7	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.8.5.9	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.8.6.1	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.8.6.2	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.8.6.3	No	No	No	No
NA	San Antonio de Pichincha	A.0.8.6.4	No	No	No	No

## DECLARACION Y AUTORIZACION

Yo, Verónica Patricia Leiva Díaz, C.I. 1716077597 autora del trabajo de graduación titulado: **DIVERSIDAD GENÉTICA Y RELACIONES GENEALÓGICAS DEL MURCIÉLAGO ROSTRO DE FANTASMA *Mormoops megalophylla* Peters, 1864 (Chiroptera: Mormoopidae) EN ECUADOR.** Previa a la obtención del grado académico de **LICENCIADA EN CIENCIAS BIOLÓGICAS** en la Facultad de **Ciencias Exactas y Naturales:**

1.- Declaro tener pleno conocimiento de la obligación que tiene la Pontificia Universidad Católica del Ecuador, de conformidad con el artículo 144 de la Ley Orgánica de Educación Superior, de entregar a la SENESCYT en formato digital una copia del referido trabajo de graduación para que sea integrado al Sistema Nacional de Información de la Educación Superior del Ecuador para su difusión pública respetando los derechos de autor.

2. Autorizo a la Pontificia Universidad Católica del Ecuador a difundir a través de sitio web de la Biblioteca de la PUCE el referido trabajo de graduación, respetando las políticas de propiedad intelectual de la Universidad.

Quito, 13 de Abril de 2015

Srta. Verónica Leiva

C.I. 1716077597

## NORMAS EDITORIALES

MASTOZOLOGÍA NEOTROPICAL es una publicación periódica semestral (junio y diciembre) dedicada a la difusión de investigaciones originales en las variadas disciplinas que estudian a los mamíferos neotropicales, vivientes o extintos. Los manuscritos son sometidos a evaluación de pares, mediante un sistema de Editores Asociados y revisores especialistas.

MASTOZOLOGÍA NEOTROPICAL acepta manuscritos en español, portugués e inglés. Se consideran 2 tipos principales de manuscritos, en función de su longitud: artículos (máximo 12000 palabras, incluyendo texto y referencias) y notas (máximo 3000 palabras). Para manuscritos más extensos los autores deben comunicarse previamente con el Editor. También se publican, en la medida de su disponibilidad, otras contribuciones como resúmenes de tesis, revisiones de libros, comentarios, noticias, etc.

MASTOZOLOGÍA NEOTROPICAL se publica con fondos de la Sociedad Argentina para el Estudio de los Mamíferos (SAREM), los cuales provienen mayormente del pago de cuotas societarias. Como consecuencia, los socios de SAREM con la cuota societaria anual paga tienen derecho a publicar sin costo. Los autores que no sean socios de SAREM pueden publicar en MASTOZOLOGÍA NEOTROPICAL considerando un costo básico de \$ 15 por página hasta 10 páginas impresas, \$ 10 por página entre 11 a 25 páginas y \$ 20 por página excedente. Resúmenes de tesis y revisiones de libros se publican sin costo.

## ORGANIZACIÓN DEL MANUSCRITO

1. Aspectos generales. Los autores podrán someter los resultados de sus investigaciones para ser publicados en MASTOZOLOGÍA NEOTROPICAL, considerando las siguientes pautas: la información contenida en el trabajo no deberá ser enviada a otra revista y debe ser original. Debe evitarse la fragmentación de los trabajos de investigación. Esto implica que el autor principal debe asegurar que ninguno de los coautores haya enviado una versión del documento para su publicación a otra revista. No se deben reseñar nombres ficticios como autor o coautor. Los autores que someten un manuscrito para publicación aceptan la responsabilidad por las personas que son incluidas.

2. Formato. El manuscrito debe ser remitido a la revista en formato DOC o RTF con tablas y figuras incluidas (asegurándose que estas últimas tengan una calidad razonable para su evaluación pero no de tal magnitud que generen archivos muy grandes). Todo el texto (incluyendo la literatura citada) deberá ser escrito a doble espacio, con letra cuerpo 12 (fuente Times New Roman), en hojas A4 numeradas correlativamente, con 2.5 cm. de márgenes (en todos los casos), sin justificar el margen derecho y con líneas numeradas. Todos los párrafos deben ser indentados con una tabulación de 1 cm. No deben utilizarse negritas en ninguna parte del texto. Las únicas palabras que deben escribirse en cursivas o itálicas son los nombres científicos de categoría genérica o inferior. En el texto, figuras y tablas, utilizar el sistema métrico para la indicación de las medidas y grados Celsius para las temperaturas. Las figuras

deben ser referidas en el texto mediante la abreviatura Fig. o Figs. Para los números con cifras decimales utilice puntos (e. g., 25.6). Los números entre uno y nueve deben escribirse en símbolos (e. g., 1). Designe el tiempo de reloj en el sistema de 24 horas y escríbalo como 06:30 o 20:00. Las diversas expresiones latinas, e. g., et al., vide, fide, i. e., sensu, se escribirán en texto normal. No se aceptarán notas al pie de página.

3. Primera página. Deberá contener el título, autor/es, dirección laboral, título breve y nombre del autor para correspondencia. El título se escribirá justificado a izquierda, en mayúsculas con letra normal, excepto los nombres científicos que se escribirán en cursivas con mayúsculas y minúsculas. Dejando un renglón se escribirá el nombre del/los autores, indicando con superíndice numérico direcciones laborales. Uno de los nombres de cada autor debe escribirse completo, seguido de las iniciales (en caso de tener más de un nombre) y, finalmente, el apellido. La dirección completa de cada autor debe incluir nombre completo de la institución, calle y número, código postal, localidad y país. Indicar el autor para correspondencia y brindar para el mismo la dirección de e-mail. Proveer un título breve (no mayor de 50 caracteres) indicativo de la temática del manuscrito (preferentemente, un abreviado del título completo), EN MAYÚSCULAS.

Ejemplo (primera página): DISTRIBUCIÓN Y SISTEMÁTICA DE LOS MURCIÉLAGOS DEL GÉNERO *Eptesicus* (CHIROPTERA-VESPERTILIONIDAE) EN LAS YUNGAS DE ARGENTINA Alejandro A. Medina<sup>1</sup>, Diego Rodríguez<sup>2</sup> y Juan M. Castaño<sup>1</sup> <sup>1</sup> PIDBA, Facultad de Ciencias Naturales, Universidad Nacional de Tucumán, Miguel Lillo 255, 4000 San Miguel de Tucumán, Tucumán, Argentina. [Correspondencia: Alejandro A. Medina]. <sup>2</sup> Sección Mastozoología, Facultad de Ciencias Naturales, Universidad Nacional de Tucumán, Miguel Lillo 205, 4000 San Miguel de Tucumán, Tucumán, Argentina. Título breve: EL GÉNERO *Eptesicus* EN LAS YUNGAS

4. Segunda página y siguientes. Deberán contener el resumen, palabras clave y el cuerpo principal del texto. Los manuscritos en español deben incluir RESUMEN (en español), ABSTRACT (en inglés norteamericano), Palabras clave (en español) y Key words (en inglés norteamericano), en ese orden; los manuscritos en portugués deben incluir RESUMO (en portugués), ABSTRACT, Palavras chave (en portugués) y Key words; los manuscritos en inglés deben incluir ABSTRACT, RESUMEN o RESUMO (según preferencia de los autores), Key words y Palabras clave o Palavras chave. El título del trabajo deberá traducirse al idioma complementario. La longitud máxima para el resumen es de 250 palabras para artículos y 100 para notas. Las palabras clave no deben ser más de 5 por idioma, deben estar alfabéticamente ordenadas en cada idioma y ser indicativas del contenido del manuscrito, y, en lo posible, no repetir aquellas que conforman el título. El texto de los artículos se dividirá preferentemente en las secciones tradicionales: INTRODUCCIÓN, MATERIALES Y METODOS, RESULTADOS, DISCUSIÓN, CONCLUSIONES, AGRADECIMIENTOS, LITERATURA CITADA. Pueden emplearse otros títulos o combinaciones de estos. Siempre el inicio de una sección de importancia principal debe indicarse a modo de título principal y en MAYUSCULAS. Los subtítulos deben subrayarse, sin punto final y el texto se comienza a escribir, indentado, en el renglón siguiente. En las notas, no se utilizará división por secciones.

5. Literatura citada. Los autores deberán ser cuidadosos de agregar en la literatura citada todos los trabajos indicados en el texto y viceversa. Evite las citas de resúmenes. Para las citas en el texto escriba el nombre del autor y luego de una coma, el año (e. g., Yepes, 1944). Para citas del autor dentro del párrafo: Yepes (1944), es decir, el año se indica entre paréntesis. Para trabajos de dos autores, ambos deben ser incluidos: Cabrera y Yepes (1940). Para trabajos de más de dos autores escriba el primer autor seguido de et al. (Flores et al., 2001) o Flores et al. (2001), según corresponda. Cuando deban citarse numerosos autores en un párrafo ordene las citas cronológicamente: Ameghino (1889), Reig et al. (1987), Pascual (1995), Patton et al. (1996), D'Elía (2003). Cuando la lista de autores va encerrada entre paréntesis, cada cita va separada por punto y coma: (Ameghino, 1889; Reig et al., 1987; Pascual, 1995; Patton et al., 1996; D'Elía, 2003). Algunos ejemplos (para otros, por favor consultar números recientes de la revista): PEARSON OP. 1995. Annotated keys for identifying small mammals living in or near Nahuel Huapi National Park or Lanín National Park, Southern Argentina. *Mastozoología Neotropical* 2:99-148. [Por favor note que no hay coma después del nombre de la revista, ni espacio antes o después de los dos puntos que indican paginación]. MASSOIA E y A FORNES. 1967. El estado sistemático, distribución geográfica y datos etoecológicos de algunos mamíferos neotropicales (Marsupialia y Rodentia) con la descripción de *Cabreramys*, género nuevo (Cricetidae). *Acta Zoológica Lilloana* 23:407-430. SIEGEL S. 1956. *Non-metric statistics for the behavioral sciences*. McGraw-Hill Book Company, New York. [Por favor note que los únicos datos requeridos son editorial y ciudad de la edición y que se separan por coma]. MARES MA, RA OJEDA, JK BRAUN y RM BARQUEZ. 1997. Systematics, distribution, and ecology of the mammals of Catamarca Province, Argentina. Pp. 89-141, en: *Life among the muses: Papers in Honor of James S. Findley* (TL Yates, WL Gannon y DE Wilson, eds.). Special Publication, The Museum of Southwestern Biology 3. [Por favor note el orden de la información requerida y que la preposición “en” se debe a que el manuscrito está escrito en español, si estuviera en inglés debe ser “in”]. PEREIRA JA, MS DI BITETTI, NG FRACASSI, A PAVIOLO, CD DE ANGELO, YE DI BLANCO y AJ NOVARO. 2010. Population density of Geoffroy's cat in scrublands of central Argentina. *Journal of Zoology* (London). DOI 10.1111/j.1469-7998.2010.00746.x TETA P. 2013. Sistemática de la tribu Abrotrichini (Rodentia: Cricetidae). Tesis de doctorado, Facultad de Ciencias Naturales y Museo, Universidad Nacional de La Plata, La Plata, Buenos Aires, Argentina. MYERS P. 2001. *Mammalia*. <http://animaldiversity.ummz.umich.edu>

6. Apéndices. Si correspondiera, luego de la literatura citada se incluirán apéndices (numerados en formato arábigo) para detallar materiales examinados, listados de localidades, etc. No se aceptarán manuscritos de revisión taxonómica o sistemática sin el correspondiente apéndice de especímenes estudiados (o, alternativamente, su listado en alguna sección del texto o tablas).

7. Material suplementario. Los autores que lo deseen pueden agregar material suplementario en archivos separados que serán publicados solo en la versión on-line. *MASTOZOLOGÍA NEOTROPICAL* no editará este material y su responsabilidad se limitará a disponer el acceso en su sitio web.

8. Tablas. Las tablas, numeradas en formato arábigo, se agregarán al final del manuscrito, cada una en hoja aparte encabezada por la leyenda correspondiente, que debe ser concisa y autoexplicativa. Las tablas deberán contener solo las líneas horizontales y no deberán contener líneas verticales en ningún caso.

9. Figuras. Trate de diseñar ilustraciones para una sola columna (ancho preferente 65 mm), columna y media (120 mm) o ancho de caja (140 mm). Al diseñar las imágenes trate de evitar el desperdicio de espacio. Si la figura contiene elementos menores que deben ser indicados, emplee en lo posible letra Arial con cuerpo adecuado al tamaño. Las escalas gráficas no deben llevar unidades (esta información se indica en el epígrafe) excepto en el caso de los mapas. En los gráficos (e. g., curvas, histogramas) emplee letra Arial, nunca Times New Roman. Una vez aceptados los manuscritos, los autores deben enviar los archivos de imagen en formato TIFF o JPG con calidad no inferior a 300 dpi. Las figuras en color son bienvenidas y no tienen costo adicional en la versión digital.

10. Otras contribuciones. En la medida de su disponibilidad, MASTOZOLOGÍA NEOTROPICAL acepta otras contribuciones como resúmenes de tesis, revisiones de libros, comentarios, noticias, etc. Para el caso de resúmenes de tesis, los mismos deben contener la siguiente información: título de la tesis, tipo de tesis y nombre de la carrera (por ejemplo, “Tesis de Doctorado en Ciencias Biológicas”), fecha de defensa de la tesis, número de páginas, nombre y dirección de correo electrónico del tesista, universidad, nombre del/los director/es de tesis, nombres de los miembros del tribunal o comité evaluador y resumen de la tesis (máximo 1200 palabras, preferentemente sin citas bibliográficas). Las revisiones de libros deben contener la siguiente información: nombre completo del libro, autores, año de publicación, editorial, cantidad de páginas y texto principal de la revisión (preferentemente de hasta 1500 palabras); al final, reseñar el nombre y lugar de trabajo de los autores de la revisión y, de corresponder, las citas bibliográficas. Los comentarios, noticias o aportes de otra naturaleza deben ser primero acordados con el Editor.

## ENVÍO DE MANUSCRITOS

El manuscrito debe ser enviado a: Enrique Lessa Editor Mastozoología Neotropical

## EL PROCESO DE REVISIÓN

Los manuscritos que no cumplan con las normas editoriales serán devueltos a los autores antes de ingresar al proceso de revisión para que sean reordenados de acuerdo con estas. Los manuscritos que pasen esta etapa serán enviados a un Editor Asociado, quien a su vez seleccionará al menos dos revisores especialistas en la temática del manuscrito e informará al autor sobre los resultados de la evaluación y los pasos a seguir en caso de que el manuscrito sea aceptado para su publicación.