

## CONSERVACIÓN Y GENÉTICA: SINERGIA NECESARIA EN LATINOAMÉRICA Y EL PAPEL DE REGENEC EN ESE PROCESO

### ANGELA MARTINO

Universidad Nacional Experimental Francisco de Miranda (UNEFM), Santa Ana de Coro, Estado Falcón, Venezuela, martinoa60@yahoo.com

### MARÍA GABRIELA MONTIEL-VILLALOBOS

Red de Genética para la Conservación (RegeneC), La Paz, BCS. México.

### MARÍA ALBERTINA OLIVEIRA-MIRANDA

Red de Genética para la Conservación (RegeneC), Caracas, Venezuela.

114

**Resumen:** El uso de herramientas de genética molecular ha abierto una cantidad de retos en el conocimiento de la diversidad biológica. Así mismo, la actividad de la conservación requiere, cada vez más, de mejores conocimientos sobre el estado de las poblaciones y los ecosistemas, para lograr su permanencia en el planeta, dada la acelerada pérdida de especies y la transformación de los ecosistemas. En este sentido, la interacción entre estas dos disciplinas generó en la década de 1980 el surgimiento de la genética para la conservación. En Latinoamérica, donde se encuentran varios de los países megadiversos y áreas de alta biodiversidad, el desarrollo ha sido más lento, por lo que sigue siendo necesario incentivar la expansión, bien sustentada, de esta disciplina. De allí surgió la Red Latinoamericana de Genética para la Conservación (RegeneC), la cual, desde el 2004, se ha enfocado en apoyar la formación de profesionales que comprendan cómo enlazar las etapas del proceso de conservación con el uso adecuado de herramientas genéticas, para dar soluciones a la urgente preservación de la biodiversidad. El objetivo de la presente reseña es realizar un resumen del estado de esta disciplina en Latinoamérica y sobre cómo la ReGeneC ha contribuido en la transformación de esa conexión en sinergia. Al final, se señalan algunos de los retos que aún quedan por superar en la región para ampliar el impacto de la aplicación de las herramientas genéticas en la conservación de su biodiversidad.

**Palavras-chaves:** Conservación, Biodiversidad, Genética para la conservación.

### CONSERVATION AND GENETICS: A SYNERGY NEEDED IN LATIN AMERICA AND REGENEC'S ROLE IN THIS PROCESS

**Abstract:** The use of molecular genetics tools has opened up a plethora of challenges in understanding biological diversity. Likewise, conservation activity increasingly requires better knowledge about the status of populations and ecosystems to ensure their persistence on the planet, given the accelerated loss of species and ecosystem transformation. In this sense, the integration of these two disciplines gave rise, in the 1980s, to the emergence of conservation genetics. In Latin America, home to several megadiverse countries and areas of high biodiversity, progress has been slower, making it necessary to continue to promote the well-founded expansion of this discipline. Hence arose the Latin American Network of Genetics for Conservation (ReGeneC), which, since 2004, has focused on supporting the training of professionals who understand how to link the stages of the conservation process with the appropriate use of genetic tools to provide solutions for the urgent preservation of biodiversity. The objective of this review is to provide a summary of the state of this

discipline in Latin America and how ReGeneC has contributed to transforming this connection into synergy. Finally, some of the challenges that still need to be overcome in the region to broaden the impact of the application of genetic tools in the conservation of its biodiversity are outlined.

**Keywords:** conservation, biodiversity, genetic conservation.

## INTRODUCCIÓN

En esta era definida como el Antropoceno (Crutzen y Stoermer, 2000; Ellis et al., 2010; Ellis, 2015), la intervención humana en el paisaje, en los procesos ecológicos y en la diversidad de especies se ha hecho omnipresente, como lo han evidenciado las revisiones de Ceballos et al. (2015 y 2020) y Díaz et al. (2019). Dentro de este escenario, quienes estamos interesados y preocupados en la conservación de estos tres elementos de la biodiversidad, necesariamente nos encontramos inmersos en la compleja temática de la biología de la conservación, la cual ha sido definida, por Soulé (1985), como una disciplina para abordar la crisis ambiental que existe a todo nivel en nuestro planeta.

Lograr la conservación de la diversidad biológica es un proceso. Así lo plantean Margoluis y Salafsky (1998) en su libro "Measures of success: designing, managing, and monitoring conservation and development projects". Según estos autores, el alcance de los objetivos planteados en un proyecto de conservación de la diversidad biológica se desarrolla desde la visión del "Manejo Adaptativo", es decir, se visualiza el proyecto en varias etapas que, en conjunto, representan los diferentes momentos de acción para lograr el objeto final de la conservación de cualquier nivel de la biodiversidad. Estas etapas corresponden a: 1) identificar o determinar el foco, 2) identificar el o los problemas que afectan la conservación de ese foco, 3) fijar una meta posible para lograr su conservación, 4) determinar y realizar las acciones que permitan lograr la meta y, finalmente, 5) evaluar el resultado de la aplicación de las acciones. En conjunto, esto permite determinar qué otras acciones es necesario llevar a cabo para lograr la meta de la conservación del foco identificado (Margoluis y Salafsky, 1998) de forma continua y dinámica.

Dada la complejidad de los problemas a resolver para lograr el objetivo de la conservación, la biología para la conservación requiere la integración de diferentes áreas de conocimiento (biológico y no biológico), donde destaca la genética en su sentido amplio. De esta forma, la genética de poblaciones tomó protagonismo

desde mediados de los 1970, cuando se reconoció la importancia de esta disciplina para comprender los mecanismos que interactúan en la viabilidad de las poblaciones y las especies. De esta forma la genética de poblaciones es muy valiosa para atender problemas de conservación relacionados con la recuperación de poblaciones pequeñas bajo alto riesgo de extinción (Frankham et al., 2004; Frankham et al., 2017). Sin embargo, es hasta los años 1990 cuando Frankham (1995) resalta los aportes y retos de la aplicación de la genética en la conservación de las especies y de la biodiversidad como un todo.

En Latinoamérica, es a principios del siglo XXI cuando se comienza a consolidar el desarrollo de estudios de genética aplicada a la conservación, lo que coincide con el desarrollo de marcadores moleculares cada vez más sofisticados y precisos que permitían conocer mejor la estructura genética de las poblaciones de los diferentes organismos (Oliveira-Miranda et al., 2013; Galetti, 2008). Uno de los primeros compendios, a nivel latinoamericano, sobre cómo integrar la genética en la conservación de la biodiversidad fue el libro editado por Mattioli (2001) en Brasil, sobre "Biodiversidade Molecular e Genética da conservação". A partir de esta fecha varios autores han realizado aportes relacionados con el estado de esta disciplina en la región, como las revisiones de síntesis cuantitativas sobre dónde, cómo y quiénes han desarrollado la genética para la conservación en Latino América llevadas a cabo por Oliveira-Miranda et al. (2013), en plantas, y por Torres-Florez et al. (2018), en plantas y animales.

## INTEGRANDO HERRAMIENTAS GENÉTICAS AL PROCESO DE CONSERVACIÓN DE LA BIODIVERSIDAD

Dentro del contexto descrito, en 2004, se realizó en Venezuela el Primer Taller Internacional "La Genética de la Conservación: Un Reto Posible", el cual permitió conocer el estado de esta disciplina en Latino América, y dio pie a la creación de la Red Latinoamericana de Genética para la Conservación (<https://regenec.org/>) (Rodríguez-Clark et al., 2015). Desde entonces,

ReGeneC ha continuado ofreciendo, de manera interrumpida y en diferentes países de la región, cursos anuales para estudiantes latinoamericanos.

Además ha incorporado en el temario de sus cursos, las nuevas herramientas genéticas, a medida que se han ido desarrollado. En los talleres, organizados por ReGeneC, se hace hincapié en cómo las herramientas genéticas pueden ayudar a resolver las problemáticas que surgen ante las diferentes amenazas que enfrenta la diversidad biológica. En este sentido, las etapas descritas del proceso de conservación se acoplan a los diferentes niveles de organización: a) definir o identificar grupos (ya sea unidades evolutivamente significativas (ESU), unidades de manejo (UM) o unidades de conservación (UC)), b) separar diferentes unidades poblacionales o especies c) conocer la estructura genética de cada una de esas poblaciones y, d) establecer genealogías o relaciones de parentesco entre los individuos de una población.

De esta forma, los participantes deben saber si el nivel de organización con el que están trabajando realmente es el adecuado para la etapa del proceso de conservación en la que pretenden intervenir, y de esa forma establecer cuál o cuáles son las herramientas genéticas más adecuadas para responder su pregunta de investigación, en el ámbito de la genética para la conservación, o si hay un desfase entre su objetivo de trabajo, su modelo de estudio y la etapa del proceso de conservación que teóricamente se quiere abordar. Esto se logra mediante la discusión intensiva de sus proyectos de trabajo, los cuales son un requisito indispensable para postular y asistir al curso.

El objetivo de este análisis es ofrecer un resumen del estado de la genética para la conservación en Latinoamérica y sobre cómo la Red de Genética para la Conservación ha impulsado la formación de talento humano en esa área que claramente trabaje desde la sinergia entre conservación biológica y genética.

## MATERIALES Y MÉTODOS

Con la finalidad de conocer el estado del conocimiento de la genética para la Conservación en Latino América, se realizó una búsqueda, mediante Google Scholar, desde el año 2001, sobre revisiones publicadas relacionadas con el desarrollo de esta disciplina en la región. Se utilizaron palabras claves como: genetic, conservation, Latin America (en inglés) y genética, conservación y Latino América (en castellano).

En lo que se refiere al análisis del papel de ReGeneC en la formación de profesionales que conjuguen las herramientas genéticas con el proceso de conservación, se recopilaron datos históricos de las actividades de la Red, y se

describió el universo atendido hasta ahora en los talleres y reuniones científicas, como número de cursos ofrecidos, número de estudiantes que participaron, país de procedencia de los participantes, así como otras actividades colaterales de la red.

Para conocer el impacto que los talleres de ReGeneC han tenido en el desarrollo de los profesionales participantes se aplicó otra encuesta on line donde el objetivo fueron los estudiantes de los cursos realizados entre 2015 y 2019, con base a un instrumento previo diseñado por Rodríguez-Clark et al. (2015) (Anexo 1). En este caso se evaluó: a) el éxito y la trascendencia de los resultados de los proyectos presentados durante los cursos, ya sea en términos de publicaciones, de acciones concretas de conservación o en ambas (Preguntas 1 y 2), b) el área de trabajo actual de cada entrevistado (genética, conservación o ambas)(Preguntas 3 y 4), c) la transmisión, difusión o aplicación del conocimiento y experiencia obtenidos en el taller, como profesores en centros educativos de cuarto nivel, en centros de investigación o que hayan formado parte de un equipo que ha ofrecido entrenamientos relacionados con esa área (Pregunta 5), d) la importancia de los talleres de ReGeneC en la región, mediante una pregunta sobre la posibilidad de obtener la misma formación en su país de origen (Pregunta 6). Finalmente, se les solicitó emitir una opinión personal sobre el principal aporte del curso para su formación profesional (Pregunta 7). El encuestado podía, si lo deseaba, colocar información sobre su identidad y filiación institucional profesional o académica.

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

### ANALIZANDO EL DESARROLLO DE LA GENÉTICA PARA LA CONSERVACIÓN EN LATINOAMÉRICA

En la búsqueda por Google Scholar se identificaron 13 publicaciones, entre el 2008 y 2023, correspondientes a artículos en revistas y libros editados, que en su momento actualizaron el estado de conocimiento del uso de herramientas genéticas para la conservación en Latinoamérica, ya sea de forma global o sobre algún taxón en particular (Tab. 1).

Como se aprecia en la esta tabla, en el ámbito latinoamericano, hay un fuerte sesgo hacia mamíferos, con poca o nula representación de reptiles, anfibios, peces marinos e invertebrados en general. Algunos estudios, como el de Piñero et al. (2008), centrado en México, se orientaron al conocimiento de la diversidad genética de diferentes tipos de especies (de interés agronómico, ecológico, médico, etnobiológico, pesquero, ornamental o evolutivo), en casi toda su escala taxonómica y en diversos niveles de organización. La idea de estos autores era

**Tab. 1.** Lista de publicaciones que han actualizado el estado de conocimiento del uso de herramientas genéticas para la conservación de la biodiversidad en Latinoamérica.

**Tab. 1.** List of publications that have updated the state of knowledge of the use of genetic tools for biodiversity conservation in Latin America.

<b>Autores</b>	<b>Año</b>	<b>Taxa</b>
1. Piñero et al.	2008	Varios taxa
2. Oliveira-Miranda et al.	2013	Plantas
3. Tinoco et al.	2015	Plantas
4. Piorski et al.	2008	Peces de agua dulce
5. Mastrochirico et al.	2018	Peces de agua dulce
6. Mahler	2018	Aves
7. Baus et al.	2019	Aves
8. Oliveira et al.	2012	Mamíferos acuáticos (Carnívoros, Sirénidos y Cetáceos)
9. Gravena et al.	2021	Mamíferos acuáticos
10. Loizaga et al.	2023	Mamíferos acuáticos
11. Ortega & Maldonado	2020	Mamíferos
12. Nardelli & Túnez	2021	Mamíferos
13. Torres-Florez et al.	2018	Varios taxa

que a posteriori esa información fuera útil para resolver problemas de conservación. Los autores, además, señalan que la información recabada permitió identificar poblaciones con fuertes problemas de conservación, lo que sería un insumo útil para las políticas nacionales de conservación.

En el ámbito latinoamericano, Oliveira-Miranda et al. (2013) realizaron una síntesis cuantitativa relacionada con dónde, cómo y quiénes han desarrollado la genética para la conservación en Latinoamérica en plantas. Estos autores analizan en cuáles etapas del proceso de conservación se ubican los trabajos revisados y encuentran que, mayormente, las herramientas genéticas son utilizadas para definir las primeras dos etapas del proceso de conservación, es decir, identificar el foco (unidades de conservación) y evaluar el efecto de la transformación

del hábitat. En lo que respecta a las otras tres etapas, los trabajos publicados fueron muy escasos hasta ese momento.

Por otra parte, Tinoco et al. (2015) realizaron un estudio bibliométrico sobre las contribuciones de la genética de poblaciones en el estudio de diversos grupos de plantas del neotrópico. Aunque esos trabajos no estaban ligados, necesariamente, a su aplicación en conservación, ellos encontraron que, entre 1945 y 2013, Brasil y Costa Rica fueron los países con mayores contribuciones en esta área.

Por su parte, Piorski et al. (2008) y Mastrochirico et al. (2018) evaluaron el uso de herramientas genéticas en estudios poblacionales y filogeográficos en peces de agua dulce, y enfatizaron que la aplicación de marcadores genéticos facilitó la identificación de unidades evolutivamente significativas, un elemento básico

para determinar las unidades de manejo y de conservación, que permitirían realizar y, posteriormente, evaluar la reintroducción de individuos en poblaciones que se han reducido debido a la sobrepesca o algún otro impacto ambiental (mayormente químicos). Además, Mastrochirico et al. (2018) resaltan el uso de marcadores genómicos para el estudio de especies de peces. Sin embargo, ambos trabajos recalcan que hay pocos artículos publicados donde se evalúe la trazabilidad de los individuos introducidos frente a la sobrepesca o los impactos ambientales que generan la reducción poblacional.

En aves, Mahler (2018) realiza una revisión retrospectiva del uso de la genómica en conservación de aves, donde cita publicaciones realizadas por grupos de trabajo latinoamericanos. Por otra parte, Baus et al. (2019) indican la necesidad de intensificar los trabajos relacionados con el efecto de las perturbaciones humanas en las poblaciones de aves, así como el uso de marcadores que permitan ayudar a combatir su tráfico ilegal.

Con respecto a los mamíferos, Oliveira et al. (2012) realizaron una revisión sobre la aplicación de herramientas genéticas en el estudio y conservación de mamíferos acuáticos (Carnívoros, Sirénidos y Cetáceos) en Sur América, donde encuentra que la mayoría de las investigaciones se han enfocado en la discriminación de especies o la detección de ESU y MU. Gravena et al. (2021) y Loizaga et al. (2023) llegan a una conclusión similar en su evaluación sobre estudios genéticos en mamíferos acuáticos de la Amazonia y en Latinoamérica, respectivamente.

Ortega & Maldonado (2020) recopilan trabajos realizados en el ámbito mundial sobre genética para la conservación en mamíferos. En esta publicación, el 75% de los artículos se refieren a especies con distribución latinoamericana (Neotrópico y Subtrópico americano). La mayoría de estos trabajos se enfocan sobre las etapas de definición de foco y diagnóstico del objeto de conservación (Por ej. en cómo los problemas de perturbación del hábitat de algunas especies afectan la estructura genética de sus poblaciones).

Nardelli & Túnez (2021) compilan 13 trabajos sobre genética para la conservación en mamíferos neotropicales. La mayoría trata sobre revisiones relacionadas con la aplicación de la genética en problemas de conservación de mamíferos, y describen cómo ha sido el uso de marcadores moleculares, técnicas no invasivas de obtención de muestras y el desarrollo de estudios en forense. Así mismo, incluyen varios estudios de casos con monos (*Cebus albifrons* y *Sanguinus leucopus*), carnívoros (*Potos flavus* y *Nasua spp*) y mamíferos acuáticos amazónicos. En la tercera parte de este libro se destacan revisiones sobre el estado de la genética para la

conservación en varios grupos taxonómicos, como quirópteros, carnívoros, primates y roedores.

Solo se han realizado dos trabajos sobre síntesis cuantitativas relacionadas con dónde, cómo y quiénes han desarrollado la genética para la conservación en Latinoamérica: el de Oliveira-Miranda et al. (2013), con plantas, y el de Torres-Florez et al. (2018) en un amplio grupo de taxa de los reinos animal y vegetal. Torres-Florez et al. (2018) también analizan en qué etapas del proceso de conservación se ubican los artículos revisados, y coincide con Oliveira-Miranda et al. (2013) en que lo más común es que las herramientas genéticas son utilizadas para definir las primeras dos etapas del proceso de conservación, es decir, la identificación de foco (unidades de conservación) y la evaluación del efecto de la transformación del hábitat. Pero, nuevamente, en las otras tres etapas, los trabajos de revisión publicados han sido escasos, sobre todo porque en la mayoría de ellos se requiere la colaboración de entes gubernamentales para su ejecución final.

En síntesis, la mayoría de los trabajos analizados se centran en la identificación del objeto de conservación (ya sea tratando de definir los grupos ESU, UC, UM o especies) o en la evaluación de las consecuencias de la alteración del hábitat sobre la estructura y flujo génico de las poblaciones de las especies evaluadas. En contraposición, los trabajos científicos que pueden apoyar la toma de decisiones o sustentar acciones de conservación son escasos. En este grupo los más comunes son aquellos relacionados con genética forense por sus aplicaciones prácticas más inmediatas, así como aquellos que evalúan la idoneidad de los corredores ecológicos para mantener el flujo génico en poblaciones fragmentadas.

#### **¿CUÁL HA SIDO LA CONTRIBUCIÓN DE LOS TALLERES DE ReGENEC PARA FAVORECER LA SINERGIA ENTRE HERRAMIENTAS GENÉTICAS Y EL PROCESO DE CONSERVACIÓN DE LA DIVERSIDAD BIOLÓGICA EN LATINOAMÉRICA?**

La red ha realizado, desde el año 2004, quince talleres, en cinco países, los cuales, a excepción del primero que fue una evaluación del estado de esta disciplina en Latino América, han sido cursos con temáticas estructuradas, que se han actualizado a lo largo del tiempo, según los desarrollos propios de esta disciplina, así como las evaluaciones de cada curso.

Desde el 2005 se han realizado 15 talleres y han participado 377 estudiantes. Todos los países de habla hispana o portuguesa, con la excepción de El Salvador, han estado presentes en estos cursos. Los países con mayor representación en el tiempo han sido Argentina, Bra-

sil y Chile. En cuatro oportunidades hemos tenido estudiantes de programas europeos y estadounidenses, que por ser de Latinoamérica y estar trabajando en la región fueron aceptados.

Además de las 15 ediciones del curso, ReGeneC ha organizado dos congresos, lo que ha permitido apreciar el interés de la comunidad latinoamericana en el tema y, también, cómo los ex-participantes de los talleres se han involucrado con el progreso de la genética para la conservación en la región y cómo ha permeado la sinergia necesaria entre genética y la conservación en su formación y desempeño profesional.

En la Tab. 2 se indica el número total de trabajos presentados en los dos congresos de Genética para la Conservación (CLaGeneC) organizados por la red, así como cuál fue su enfoque en términos de la etapa de conservación atendida y nivel de organización trabajado. Además, se discrimina donde los ex-alumnos de ReGeneC son autores principales o colaboradores. Así mismo, se indica cuántos de ellos fueron invitados a participar en actividades especiales en cada congreso, como foros y simposios.

El aumento de trabajos presentados en el área de genética para la conservación fue modesto (solo 12 %) entre los dos congresos, y más bien se observa una disminución del número de trabajos presentados por los participantes de los talleres ReGeneC (de 25 en 2014 a 18 en 2021). Por otra parte, es interesante ver que el número de coautores se mantuvo. En cuanto a los Simposios, en el II CLaGeneC intervinieron siete ex-alumnos de los talleres, quienes han desarrollado líneas de investigación independientes y con alguna orientación hacia la conservación.

En cuanto a la etapa del proceso de conservación atendido por los trabajos presentados en los congresos, en el segundo se observó un menor sesgo hacia la identificación del foco de conservación (45%) y un aumento en el número de trabajos que diagnosticaron el problema de conservación (40%). Sin embargo, aún se mantienen en un porcentaje muy bajo las investigaciones relacionadas con las otras tres etapas del proceso de conservación orientadas al manejo, aunque se destaca en el segundo congreso la aparición de trabajos orientados a fijar metas de conservación. El número de investigaciones orientadas a ejecutar acciones de conservación y evaluar el éxito de medidas de conservación se mantuvo en el mismo orden de magnitud entre ambos congresos, aunque en 2014, de los ocho trabajos relacionados con estas fases, cinco fueron llevados a cabo por ex-participantes de ReGeneC, mientras en 2021 fueron tres de ocho.

En lo que se refiere a los niveles de organización estudiados, entre los dos congresos, hubo un aumento del 60% del número de tra-

bajos enfocados en estudios entre especies (de 7 a 17), el número de estudios dentro y entre poblaciones se mantuvo similar, y se observa una ligera disminución de trabajos enfocados al uso de herramientas genéticas para la conservación de individuos y comunidades.

Un hecho a resaltar es que en el II CLaGeneC hubo un aumento sustancial de investigaciones donde se emplearon herramientas genéticas de desarrollo reciente para responder preguntas en conservación, como la genómica (dos trabajos 2014 y 12 en 2021) y el uso de ADN ambiental (8%).

Uno de los productos del primer congreso fue un número especial en la revista *Journal of Heredity*, dedicado al estado de la genética para la conservación en Latino América. En ese volumen, editado por Rodríguez-Clark et al. (2015), se recopilaron 15 artículos con 87 participantes, entre ellos siete fueron ex-participantes de ReGeneC, y, cuatro fueron autores principales de los artículos. En cuanto al contenido de los mismos: siete se concentraron en la identificación de unidades de conservación, tres en el diagnóstico del problema de conservación de la especie en estudio y dos trabajos propusieron metas para lograr el objetivo de la conservación de plantas y animales. Con relación a tomar acciones en pro de la conservación de especies, dos artículos se enfocaron en diseñar técnicas para identificación de muestras con miras a combatir el comercio ilegal de mamíferos acuáticos y de aves, y, finalmente, uno de los trabajos se centró en la importancia de evaluar una estrategia de conservación mediante herramientas genéticas.

Dos hitos que resaltan en el ámbito latinoamericano, ellos son la aparición de dos libros, uno editado por Nardelli & Túnez (2021), *Molecular Ecology and Conservation Genetics of Neotropical Mammals*, donde siete de los 53 colaboradores fueron participantes de los cursos o de los congresos de ReGeneC, y otro, publicado en 2023, editado por Galetti et al. titulado *Conservation Genetics in the Neotropics*, con la participación de tres ex-alumnos de cursos ReGeneC. Además, en la revisión que realizan Saranholi et al. (2023) sobre ecología molecular aplicada a mamíferos neotropicales y su conservación, publicada en este libro, citan al menos cuatro publicaciones cuyos autores o coautores corresponden a ex participantes de cursos ReGeneC.

La encuesta realizada para evaluar el impacto de ReGeneC en la formación de profesionales que integren efectivamente las herramientas genéticas con la problemática de la conservación, fue enviada a 66 participantes de los últimos cinco cursos ofrecidos por ReGeneC (2015-2019). El éxito de respuesta fue del 26%, el doble del obtenido en el trabajo de Rodríguez-Clark et al. (2015), para el período 2004-2013.

**Tab. 2.** . Resumen del número de total de abstracts presentados en los Congresos sobre Genética para la Conservación (CLaGeneC), discriminando el número de invitados a simposios, número de abstracts presentados por participantes de talleres organizados por ReGeneC, como autor principal y como coautores, número de abstracts ubicados por etapa del proceso de conservación y por nivel de organización estudiado.

**Tab. 2.** Summary of the total number of abstracts presented at each Congress on Conservation Genetics (CLaGeneC), discriminating by number of guests invited to symposiums, number of abstracts presented by participants in workshops organized by ReGeneC as main author and co-authors, number of abstracts located by stage of the conservation process and by level of organization studied.

Característica	Categoría	CLaGeneC I 2014	CLaGeneC II 2021
Nro total de trabajos presentados por congreso		57	64
Nro. de invitados a simposios o conferencias magistrales	Externos	6	2
	Ex-participantes ReGeneC	0	7
Nro de trabajos presentados por participantes de cursos de ReGeneC como autor principal		25 (44%)	18 (28%)
Nro de trabajos presentados por participantes de cursos de ReGeneC como coautores		6 (10%)	7 (11%)
Ubicados según la etapa del proceso de conservación	Identificar Foco	32	28
	Diagnóstico Problema	11	25
	Fijar metas		3
	Ejecutar una Acción	7	6
	Evaluación de éxito	1	2
Ubicados según nivel de organización	Entre ssp	7	17
	Entre poblaciones	24	25
	Dentro poblaciones	15	16
	Individuos	4	2
	Comunidad	3	1

En la Fig. 1 se destaca que el 76,5% logró publicar sus resultados, mientras el 35,3% ha visto que el producto de su investigación trabajada en el marco de los talleres de ReGeneC ha sido aplicado en alguna actividad de conservación. Por otro lado, el 29% publicó sus resultados y los mismos fueron aplicados en resolver un problema de conservación. Entre las aplicaciones mencionan: 1) síntesis de feromonas linaje específicas para monitoreo y control de plagas, 2) creación de un Plan de Manejo Regional para una especie de Zygothryx, 3) reconexión de áreas aisladas para el manejo de poblaciones del ciervo de los pantanos (*Blastocerus dichotomus*), 4) uso de la información generada por parte de empresas públicas para el manejo de la especie íctica *Brycon henni*, y 5) insumo para proponer nuevas investigaciones con diferentes enfoques para la conservación de fauna silvestre, en particular de los venados temazate rojo y cola blanca.

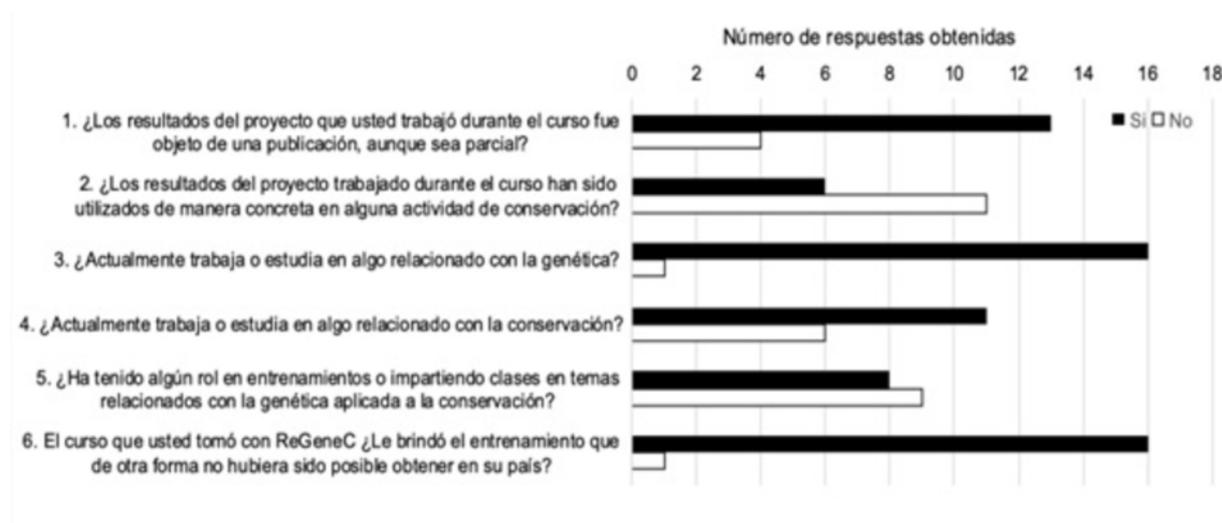
Por otro lado, el 94,1% de participantes permanece en el campo de los estudios genéticos, bien porque aún se encuentran en cursos de doctorado o porque están trabajando en universidades y centros de investigación donde imparten cursos de genética a nivel de pre y postgrado. No obstante, en lo que se refiere a la conservación, 64,7% se mantiene vinculado con este campo, aunque la relación con el mismo no se indica de manera precisa. En conjunto, solo el 29% mantiene vínculos con trabajos

en genética y en conservación. Del universo muestreado, 47,1% ha sido parte o ha impartido cursos relacionados con genética para la conservación.

Un aspecto que resaltó fue que todos los participantes, excepto uno, señalaron que el entrenamiento ofrecido en los talleres de ReGeneC no lo hubieran obtenido en su país de origen. Así mismo, todos destacaron entre los aspectos más importantes de los cursos: 1) la interacción entre estudiantes y profesores, 2) los vínculos creados con sus compañeros de curso, 3) la posibilidad de discutir sus propuestas con los diferentes facilitadores y 4) entender como conjugar apropiadamente temas genéticos con problemas de conservación. Estos dos últimos aspectos han sido altamente apreciados por los participantes (94,1%). En este sentido hemos tenido propuestas de investigación que experimentaron pocas modificaciones con respecto al planteamiento original hasta un vuelco total de las mismas, para poder responder a un problema real de genética aplicada en conservación.

## REFLEXIONES FINALES, DESAFÍOS PENDIENTES Y PERSPECTIVAS FUTURAS ¿QUÉ RESTA POR HACER?

Una inmensa cantidad de especies de América Latina, bajo diferentes condiciones de amenaza, requiere análisis genéticos específicos



**Fig 1.** Respuestas obtenidas en la encuesta realizada para conocer el impacto de los Talleres ReGeneC en la formación de profesionales que utilizan herramientas genéticas para la resolución de problemas de conservación. N encuestados: 66, N respuestas: 17.

**Fig 1.** Responses obtained in the survey carried out to know the impact of ReGeneC Workshops on the training of professionals who use genetic tools to solve conservation problems. N respondents: 66, N responses: 17.

para poder apoyar su proceso de conservación, de acuerdo con la circunstancia que las rodea. Por ejemplo, son necesarios análisis genéticos y genómicos para poder seguir identificando especies crípticas, unidades taxonómicas, en general, así como procesos de diferenciación. Del mismo modo, cada vez serán mayores los efectos de las perturbaciones humanas (la pérdida y fragmentación del hábitat, sobreexplotación, contaminación, cambio climático, entre otras) sobre el flujo génico y la estructura genético-poblacional de las especies, en particular de las amenazadas. Afortunadamente, la aplicación de herramientas moleculares para alcanzar estos objetivos ha ido progresando en los últimos años. Queda aún avanzar con las aproximaciones que permitan ahondar en las otras tres fases del proceso de conservación. P. ej., identificación de especies o poblaciones sujetas a tráfico ilegal, establecimiento de metas para lograr la preservación de una o un conjunto de especies, la evaluación de medidas de manejo en el tiempo, con miras a poder definir correctivos o mejoras, según el caso.

En la Tab 3 se presenta una lista de algunas iniciativas, distintas a ReGeneC, que brindan o han brindado formación sobre genética para la conservación en América Latina. Las mismas incluyen cursos de pregrado y postgrado (Argentina, Brasil y México), y otros cursos de formación más amplios, pero de incidencia puntual. Afortunadamente esta oferta ha aumentado en los últimos años. En el caso de Brasil, la oferta es bastante más amplia que lo que observamos en la Tabla 3. Un elemento interesante es que los programas disponibles no sólo relacionan la genética con la conservación, sino que incorporan otras áreas de forma explícita, como la evolución. Brasil es, también, el país que lidera la producción científica en esta disciplina en Latinoamérica (ver Oliveira-Miranda et al. 2013, por ej.).

Sin embargo, el enfoque interdisciplinario que ofrecen los cursos de ReGeneC no es una constante entre las ofertas que se encuentran en América Latina. En muchos casos, quienes han participado en los talleres de la red, tienen una formación sesgada a las herramientas moleculares o provienen del área de la conservación con un escaso entendimiento de cómo las herramientas genéticas y la evolución pueden ser el mejor instrumento para dar respuesta a sus problemas.

A pesar de este progreso, Taft et al. (2020) y Napolitano et al. (en 2024) señalan la existencia de una desconexión entre los investigadores que generan datos y los actores que deben incorporar información genética en la toma de decisiones.

En este sentido, ReGeneC mantiene el curso anual, interdisciplinario, donde involucra elementos que van desde la formulación de proyectos, los aspectos científicos, metodológicos, sociales y legales asociados al problema

que se aborda. Esto sigue siendo el valor agregado más importante, además de la estrecha posibilidad de discutir el proyecto con personas de las diferentes áreas y, por tanto, con diferentes perspectivas. En los años donde se han celebrado los Congresos, el curso amplio se divide en cursos cortos de diferentes temas para estudiantes en fases tempranas del postgrado y en cursos de actualización. No obstante no es suficiente, como también lo evidencian los datos presentados en este trabajo.

Es necesario ir más allá. Esa aproximación interdisciplinaria usada en los cursos de Genética para la Conservación, organizados por ReGeneC, es requerida dentro de los programas de postgrado. Los tomadores de decisión y quienes investigan deben tener espacios de comunicación efectiva. Los grupos de investigación deben plantear metas y acciones concretas para la conservación de especies y ecosistemas, con incidencia en las instancias de decisión en el ámbito nacional e internacional.

Espacios como la Conferencia de las Partes sobre Diversidad Biológica, la Convención Internacional sobre Tráfico de Especies de Fauna y Flora Silvestres Amenazadas (CITES), la Convención de Cambio Climático y los grupos de especialistas de la Unión Internacional para la Conservación de la Naturaleza (UICN), entre otros, son poco útiles si no son alimentados por especialistas de diferentes áreas del conocimiento que además estén articulados con tomadores de decisión en sus países. Organizaciones de la Sociedad Civil, académicos y administradores de la diversidad biológica necesitan tener un vínculo articulador, así como hemos dicho que la genética puede ser una herramienta fundamental en conservación, pero no la única.

Es crucial que las instancias involucradas en la protección de biodiversidad incorporen aceleradamente información genética que les ayude a lograr los objetivos de conservación que requiere el planeta. El proceso de conservación requiere transdisciplinariedad, porque es un proceso científico, que se alimenta de diferentes ramas del saber, pero también es un proceso de orden social. La acción conjunta es sustantiva para lograr cambios de fondo y vencer a los menos entendidos en la materia. En muchos casos la genética de poblaciones será la respuesta a los problemas de conservación, por lo que científicos de diversas áreas y administradores de la diversidad biológica necesitan poder conversar en la implementación de esos conocimientos en los planes de conservación.

La comunidad científica tiene que acercarse y estar involucrada con los técnicos de las instancias públicas de decisión en todos los países, para poder dar respuesta y generar cambios ante la crisis mundial de extinción de especies que enfrentamos, la cual tiene impactos en todos los ámbitos de la vida humana, más allá de las transformaciones ecológicas que llevan implícitas.

**Tab. 3.** . Lista de algunas iniciativas latinoamericanas de formación relacionadas con la incorporación del uso de herramientas genéticas en la Conservación de la Biodiversidad, indicando que tipo de vinculación existe entre genética y conservación.

**Tab. 3.** List of some Latin American training initiatives related to the incorporation of genetic tools in Biodiversity Conservation, indicating which kind of link exists between genetics and conservation.

Denominación	País	Año	Institución	Sitio web	Vinculación conservación y genética
Taller de ecología molecular: aplicaciones para la conservación de la biodiversidad"	Uruguay	2014	Programa de Desarrollo de las Ciencias Básicas (PEDECIBA)	<a href="https://www.gub.uy/ministerio-educacion-cultura/politicas-y-gestion/docencia-del-departamento-biodiversidad-genetica">https://www.gub.uy/ministerio-educacion-cultura/politicas-y-gestion/docencia-del-departamento-biodiversidad-genetica</a>	Si
Programa de Pós-graduação em Ecologia, Conservação e Manejo de Vida Silvestre.	Brasil	2015	Universidade Federal de Minas Gerais.	<a href="https://ufmg.br/cursos/pos-graduacao/mestrado/2520/91797">https://ufmg.br/cursos/pos-graduacao/mestrado/2520/91797</a>	Genética da Conservação. Curso Optativo del segundo semestre, con 60 horas académicas.
Ecología molecular aplicada a la conservación.	Uruguay	2016	Facultad de Ciencias- Programa de Desarrollo de las Ciencias Básicas (PEDECIBA), Universidad de la República (Udelar), Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable (IIBCE)	<a href="https://www.gub.uy/ministerio-educacion-cultura/politicas-y-gestion/docencia-del-departamento-biodiversidad-genetica">https://www.gub.uy/ministerio-educacion-cultura/politicas-y-gestion/docencia-del-departamento-biodiversidad-genetica</a>	Si

Continuación de la Tabla 3

Denominación	País	Año	Institución	Sitio web	Vinculación conservación y genética
Maestría en Ciencias: Genética de la Biodiversidad	México	2018	Universidad del Mar	<a href="https://www.umar.mx/mc_genetica_biodiversidad.html">https://www.umar.mx/mc_genetica_biodiversidad.html</a>	En la lista de temas selectos existe una asignatura llamada Genética de la Conservación
Curso Internacional "Ecología, ecofisiología y genética de la conservación en un mundo cambiante"	Chile	2018	Universidad Austral de Chile	<a href="https://www.biologiachile.cl/2017/10/02/cursos-internacional-ecologia-ecofisiologia-y-genetica-de-la-conservacion-en-un-mundo-cambiante/">https://www.biologiachile.cl/2017/10/02/cursos-internacional-ecologia-ecofisiologia-y-genetica-de-la-conservacion-en-un-mundo-cambiante/</a>	Tema: ¿Qué es la genética de la conservación? Genómica poblacional y conservación.
Curso Genética aplicada à Conservação	Brasil	2020	Unversidade Estadual Paulista "Julio de Mesquita Filho", Faculdade de Ciências Agronômicas.	<a href="https://www.fca.unesp.br/#!/noticia/1948/cursos-genetica-aplicada-a-conservacao-inscricoes-abertas/">https://www.fca.unesp.br/#!/noticia/1948/cursos-genetica-aplicada-a-conservacao-inscricoes-abertas/</a>	Si, curso virtual de 18 horas presenciales
Curso en Genética para la Conservación	Colombia	2020	Universidad del Quindío, Armenia	<a href="https://www.uniquindio.edu.co/programas/publicaciones/637/curso-en-genetica-para-la-conservacion/">https://www.uniquindio.edu.co/programas/publicaciones/637/curso-en-genetica-para-la-conservacion/</a>	Introducción a la genética para la conservación y Genética para



Continuación de la Tabla 3

Denominación	País	Año	Institución	Sitio web	Vinculación conservación y genética
					la conservación en el Neotrópico
Genética Aplicada a la Conservación de la Biodiversidad	Argentina	2023	Centro Científico Tecnológico (CCT) CONICET Mendoza	<a href="https://www.mendoza.gov.ar/genetica-aplicada-a-la-conservacion-de-la-biodiversidad/">https://www.mendoza.gov.ar/genetica-aplicada-a-la-conservacion-de-la-biodiversidad/</a>	Tema: Criterios genéticos que apoyan la clasificación del estado de conservación.
GenoTropics Workshop 2024 Colaborações igualitárias para o futuro da Genômica da Biodiversidade	Brasil	2024	Consórcio GenoTropics e UNICAMP	<a href="https://www.genotropics.org/pt/workshop-2024?fbclid=IwAR3wCbNc2ra0DzACPRWW4JPBoejGOEIN5XUur626xWRNBF6SnVpYOLgPqso_aem_AbmQT4hN0s6jJEUlpXzGKzq0uaJXhXsUFS4r004sDgjx0bjCnQRT0sYmBMMh5AA6Ba6ytOhvZadgSRYwmmZ-PKA">https://www.genotropics.org/pt/workshop-2024?fbclid=IwAR3wCbNc2ra0DzACPRWW4JPBoejGOEIN5XUur626xWRNBF6SnVpYOLgPqso_aem_AbmQT4hN0s6jJEUlpXzGKzq0uaJXhXsUFS4r004sDgjx0bjCnQRT0sYmBMMh5AA6Ba6ytOhvZadgSRYwmmZ-PKA</a>	Conferencias relacionadas con los protocolos de acceso a recursos genéticos
Programa de Pós-Graduação em Ecologia e Recursos Naturais.	Brasil	S/F	Universidade Federal de São Carlos	<a href="https://www.ppgern.ufs.br/alunos/disciplinas/ecologia-molecular-e-genetica-da-conservacao">https://www.ppgern.ufs.br/alunos/disciplinas/ecologia-molecular-e-genetica-da-conservacao</a>	Curso complementario : Ecologia Molecular e Genética da Conservação, con foco en animales. 60 horas académicas.



Continuación de la Tabla 3

Denominación	País	Año	Institución	Sitio web	Vinculación conservación y genética
Programa de Pós-Graduação em Ciências Ambientais	Brasil	S/F	Universidade Federal de Goiás	<a href="https://files.cercomp.ufg.br/weby/up/104/o/TCACA_GeneticaConservacao.pdf">https://files.cercomp.ufg.br/weby/up/104/o/TCACA_GeneticaConservacao.pdf</a>	Tópicos Especiais - Genética da Conservação con 64 horas académicas
Ingeniería en Biodiversidad y Recursos Genéticos	Ecuador	S/F	Universidad de Especialidades del Espíritu Santo	<a href="https://uees.edu.ec/grado/ingenieria/biodiversidad-recursos-geneticos/">https://uees.edu.ec/grado/ingenieria/biodiversidad-recursos-geneticos/</a>	Dentro de su malla curricular existe una Unidad Curricular denominada "Genética de la Conservación" con 144 h académicas

126

**REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS**

**Baus, I., C. I. Miño & O. Monge.** 2019. Current trends in the application of non-invasive genetic sampling to study Neotropical birds: Uses, goals, and conservation potential. *Avian Biol. Res.* 12: 125-132. DOI: <https://doi.org/10.1177/1758155919848229>

**Ceballos, G., P. R. Ehrlich & P.H. Raven.** 2020. Vertebrates on the brink as indicators of biological annihilation and the sixth mass extinction. *PNAS* 117: 13596-13602.

**Ceballos, G., P. R. Ehrlich, A. D. Barnosky, A. García, R. M. Pringle, T. M. Palmer.** 2015. Accelerated modern human-induced species losses: Entering the sixth mass extinction. *Sci. Adv.* 1: e1400253.

**Crutzen P. J. & E. F. Stoermer.** 2000. The 'Anthropocene'. *IGBP Newslett.* 41:17-18. Disponible en: <http://www.igbp.net/download/<18.316f18321323470177580001401/1376383088452/NL41.pdf>>. Acceso en 18 ago. 2023.

**Díaz, S., J. Settele, E. S. Brondízio, H. T. Ngo, J. Agard, A. Arneth, P. Balvanera, K. A. Brauman, Stuart H. M. Butchart, K. M. A. Chan, L. A. Garibaldi, K. Ichii, J. Liu, S. M. Subramanian, G. F. Midgley, P. Miloslavich, Z. Molnár, D. Obura, A. Pfaff, S. Polasky, A. Purvis, J. Razzaque, B. Reyers, R. Roy Chowdhury, Y-J. Shin, I. Visseren-Hamakers, K. J. Willis & C. N. Zayas.** 2019. Pervasive human-driven decline of life on Earth points to the need for transformative change. *Science* 366, eaax3100. DOI: 10.1126/science.aaw3100



- Ellis, E. C.** 2015. Ecology in an anthropogenic biosphere. *Ecol. Monogr.* 85(3): 287-331.
- Ellis, E. C., K. Klein Goldewijk, S. Siebert, D. Lightman & N. Ramankutty.** 2010. Anthropogenic transformation of the biomes, 1700 to 2000. *Global Ecol. & Biogeog.* 19: 589-606.
- Frankham, R. J.** 1995. Conservation genetics. *Ann. Rev. Genetics.* 29: 305-27.
- Frankham, R., J. D. Ballou, D.A. Briscoe & K. H. McInnes.** 2004. A primer in conservation genetics. Cambridge, University Press.
- Frankham, R., J. D. Ballou, K. Ralls, M.D. B. Eldridge, M. R. Dudash, C. B. Fenster, R.C. Lacy & P. Sunnucks.** 2017. Genetic management of fragmented animal and plant populations. Oxford, University Press.
- Galetti Jr, P. M., F. P. Rodrigues, A. Solé-Cava, C. Y. Miyaki, D. Carvalho, E. Eizirik, E. A. Veasey, F. R. Santos, I. P. Farias, J. A. Vianna, L. R. Oliveira, L. I. Weber, L. F. Almeida-Toledo, M. R. Francisco, R. A. F. Redondo, S. Siciliano, S. N. Del Lama, T. R.O. Freitas, T. Hrbek, & W. F. Molina.** 2008. Genética da conservação brasileira. pp.244-274. En: *Fundamentos de Genética da Conservação*. Ribeirão Preto, Editora SBG.
- Galetti Jr, P. M. (Ed)** 2023. Conservation genetics in the Neotropics. Springer Cham. DOI: <https://doi.org/10.1007/978-3-031-34854-9>.
- Gravena W., M. da S. Nunes & I. da S. de Souza.** 2021. Chapter 9: Aquatic mammals of the Amazon: A review of gene diversity, population structure and phylogeography applied to conservation. pp. 199-225. En: Nardelli, M. & J. I. Túnez (Eds). *Molecular ecology and conservation genetics of Neotropical mammals*. Springer Nature, Switzerland AG. DOI: [https://doi.org/10.1007/978-3-030-65606-5\\_9](https://doi.org/10.1007/978-3-030-65606-5_9)
- Loizaga, R., S. Caballero, H. A. Cunha, W. Gravena, O. Herrera-Trujillo, F. Lopes, L. Milmann, P. H. Ott, M. J. Pérez-Alvarez, J. I. C. A. Túnez, Durante & L. R. Oliveira.** 2023. Latin American aquatic mammals: an overview of 20 years focusing on molecular techniques applied to conservation. *Latin Amer. J. Aquat. Mamm.* 18: 66-95. DOI: <https://doi.org/10.5597/lajam00303>
- Mahler, B.** 2018. La conservación de las aves en la era de la genómica. *Hornero* 33: 85-96,
- Margoluis, R. & N. Salafsky.** 1998. Measures of success: designing, managing, and monitoring conservation and development projects. Washington, Island Press, Washington, D.C..
- Mastrochirico F., V. A., M. V. Freitas, R. B. Ariede, L. V. G. Lira, N. J. Mendes & D. T. Hashimoto.** 2018. Chapter 12. Genetic applications in the conservation of Neotropical freshwater fish. En: Ray, S. (Ed). *Biological Resources of Water*. InTech. DOI: 10.5772/Intechopen.69758. Disponible en: <http://dx.doi.org/10.5772/intechopen.73207>. Acceso en 20 jul. 2023.
- Mattioli, S. (Ed).** 2001. *Biologia molecular e evolução*. São Paulo, Holos Press.
- Nardelli, M. & J. I. Túnez (Eds).** 2021. *Molecular ecology and conservation genetics of Neotropical mammals*. Springer Nature Switzerland.
- Oliveira L. R., R. Loizaga De Castro, S. Cárdenas-Alayza & S. L. Bonatto.** 2012. Conservation genetics of South American aquatic mammals: an overview of gene diversity, population structure, phylogeography, non-invasive methods and forensics. *Mammal Rev.* 42: 275-303.
- Oliveira-Miranda, M. A, A. M. Martino, R. M. De Oliveira-Miranda, K. Balboa & M. Aguilera.** 2013. Conserving the genetic diversity of plants in Austral and Neotropical America (ANA): A metanalysis of published studies using samples of the region. *Bot. Rev.* 79: 449-468. DOI: 10.1007/s12229-013-9128-5
- Ortega J. & J. E. Maldonado (Eds).** 2020. Conservation genetics in mammals. Integrative research using novel approaches. Smithsonian Institution, Springer Nature Switzerland. Disponible en: [https://doi.org/10.1007/978-3-030-33334-8\\_1](https://doi.org/10.1007/978-3-030-33334-8_1). Acceso en 6 jul. 2023.
- Piorski, N.M., A. Sanches, L.F. Carvalho-Costa, T. Hatanaka, M. Carrillo-Avila, P.D. Freitas, & P.M. Galetti Jr.** 2008. Contribution of conservation genetics in assessing neotropical freshwater fish biodiversity. *Braz. J. Biol.* 68: 1039-1050.

- Piñero, D., J. Caballero-Mellado, D. Cabrera-Toledo, C. E. Canteros, A. Casas, A. Castañeda S., A. Castillo, R. Cerritos, O. Chassin-Noria, P. Colunga-García, P. Delgado, P. Díaz-Jaimes, L. E. Eguarte, A. E. Escalante, B. Espinoza, A. Fleury, S. Flores Ramírez, G. Fragoso, J. González-Astorga, V. Islas Villanueva, E. Martínez, F. Martínez, J. Martínez-Castillo, A. Mastretta Y., R. Medellín, L. Medrano-González, F. Molina-Freaner, B. Morales Vela, A. n Murguía Vega, E. Payró de la Cruz, M. del R. Reyes-Montes, M. R. Robles Saavedra, G. Rodríguez-Arellanes, L. Rojas Bracho, R. Romero-Martínez, J.H. Sahaza-Cardona, R. Salas Lizana, E. Scitutto, C. Scott Baker, Y. Schramm U., Claudia Silva, V. Souza • M. L. Taylor, J. Urbán R., M. Uribe-Alcocer, M, de J. Vázquez Cuevas, E. Vázquez-Domínguez, A. P. Vovides, A. Wegier, A. Zaldívar Riverón & G. Zúñiga.** 2008. La diversidad genética como instrumento para la conservación y el aprovechamiento de la biodiversidad: estudios en especies mexicanas, en *Capital natural de México*, vol. I : Conocimiento actual de la biodiversidad. C, México, pp. 437-494.
- Rodríguez-Clark, K.M., M. A. Oliveira-Miranda, M. Aguilera M., A. Martino, M. A. Méndez, C. Miyaki, M.G. Montiel-Villalobos, R. M.de Oliveira-Miranda, E. Poulin, D. Ruzzante & A. Solé-Cava.** 2015. Finding the “Conservation” in conservation genetics— Progress in Latin America. *J. Hered.* 2015: 423-427.
- Saranholi, B.H., C.C. Gestich & M.E. de Oliveira.** 2023. Molecular ecology in Neotropical mammals: key aspects for conservation. pp. 411-437. En: Galetti Jr, P. M. (Ed). *Conservation genetics in the Neotropics*. Springer Cham. DOI: <https://doi.org/10.1007/978-3-031-34854-9>.
- Soulé, M. E.** 1985. What Is Conservation Biology? *BioScience* 35: 727-734.
- Taft, H. R., D. N. McCoskey, J. M. Miller, S. K. Pearson, M. A. Coleman, N. K. Fletcher, C. S. Mittan, M. H. Meek & S. Barbosa.** 2020. Research-management partnerships: An opportunity to integrate genetics in conservation actions. *Conser. Sci. & Pract.* 2: 1-8. DOI: <https://doi.org/10.1111/csp2.218>
- Tinoco, C. F., N. E. Lima, M. S. Lima-Ribeiro & R. G. Collevatti.** 2015. Research and partnerships in studies on population genetics of Neotropical plants: A scientometric evaluation. *Bioch. Syst. & Ecol.* 61: 357-365.
- Torres-Florez, J.P., W. E. Johnson, M. F. Nery, E. Eizirik, M. A. Oliveira-Miranda & P. M. Galetti Jr.** 2018. The coming of age of conservation genetics in Latin America: what has been achieved and what needs to be done. *Conserv. Genet.* 19: 1-15. DOI: [10.1007/s10592-017-1006-y](https://doi.org/10.1007/s10592-017-1006-y).

**Editor Científico / Scientific Editor:** Edson Ferreira Duarte, Universidade Federal de Goiás (UFG), Goiânia, Brasil; Bettina Mahler, Universidad de Buenos Aires (UBA), Buenos Aires, Argentina

**Recibido / Recibido / Received:** 31.08.2023

**Revisado / Revised:** 19.07.2024

**Aceito / Aceptado / Accepted:** 25.07.2024

**Publicado / Published:** 15.12.2024

**DOI:** 10.5216/rbn.v21i2.77179

**Dados disponíveis / Datos disponibles / Available data:** Repository not informed