UNIVERSIDAD MAYOR DE SAN ANDRÉS
FACULTAD DE CIENCIAS PURAS Y NATURALES

Memorias Científicas del

I CONGRESO INTERNACIONAL

De Ciencias Puras y Naturales (CI-FCPN)

19, 20 Y 21 de mayo del 2026







Área de Biología

LA PAZ – BOLIVIA
2026

UNIVERSIDAD MAYOR DE SAN ANDRÉS
FACULTAD DE CIENCIAS PURAS Y NATURALES
MEMORIAS CIENTÍFICAS DEL I CONGRESO INTERNACIONAL DE CIENCIAS PURAS Y NATURALES (CI-FCPN)
- ÁREA DE BIOLOGÍA -

REGISTRO:

ISBN: 978-9917-0-7793-0

DEPOSITO LEGAL: 4-4-35-2026-PO

DIRECCIÓN: AV. VILLAZÓN NO. 1995, MONOBLOCK CENTRAL DE LA UMSA – EDIF. ANTIGUO

EDICIÓN: PRIMERA

EQUIPO TÉCNICO:

DIAGRAMACIÓN:

- M.SC. AUGUSTO CESAR LUNASCO CUSI
- M.SC. WILSON FELIPE ALARCON QUISPE
- UNIV. EFRAIN HUGO CHIPANA TITO
- UNIV. JOSE ANDRES ARUQUIPA COCA
- UNIV. ALEJANDRA BELEN HUANCA CAZAS

DISEÑO DE CUBIERTA: UNIV. ALEJANDRA BELEN HUANCA CAZAS

TODOS LOS DERECHOS RESERVADOS.

ESTÁ PROHIBIDA CUALQUIER REPRODUCCIÓN Y/O DIFUSIÓN TOTAL O PARCIAL DE ESTE LIBRO, EN CUALQUIER FORMA, POR MEDIOS MECÁNICOS, ELECTRÓNICOS, INCLUSIVE POR FOTOCOPIAS GRABACIÓN MAGNETOFÓNICA Y CUALQUIER SISTEMA DE ALMACENAMIENTO DE INFORMACIÓN. PENADO POR LA LEY DE ACUERDO A DISPOSICIONES EN VIGENCIA (DERECHOS DE AUTOR, LEY NRO. 1322 DEL 13 DE ABRIL DE 1992). SALVO CONSENTIMIENTO DEL AUTOR.

LA PAZ – BOLIVIA

UNIVERSIDAD MAYOR DE SAN ANDRÉS

PH.D. MARÍA EUGENIA GARCÍA MORENO
RECTORA

DR. TITO ESTÉVEZ MARTINI
VICERRECTOR

FACULTAD DE CIENCIAS PURAS Y NATURALES

M.SC. ALDO RAMIRO VALDEZ ALVARADO
DECANO

PH.D. ADRIANA MIRIAM MALLEA MORALES
VICEDECANA

COMITÉ CIENTÍFICO (CI – FCPN)

PH.D. ADRIANA MIRIAM MALLEA MORALES	COORDINACIÓN GENERAL
DR. PORFIRIO SUÑAGUA SALGADO	PRESIDENTE DEL COMITÉ CIENTÍFICO – CARRERA DE MATEMÁTICA
M.SC. WINDER ANDRES CANEZO GOMEZ	CARRERA DE BIOLOGÍA
LIC. RAQUEL CHAMA RODRIGUEZ	CARRERA DE CIENCIAS QUÍMICAS
PH.D. EVARISTO MAMANI CARLO	CARRERA DE FÍSICA
PH.D. REYNALDO JAVIER ZEBALLOS DAZA	CARRERA DE INFORMÁTICA
PH.D. MOISES MARTIN SILVA CHOQUE	CARRERA DE INFORMÁTICA
M.SC. FERNANDO ODAY RIVERO SUGUIURA	CARRERA DE ESTADÍSTICA
M.SC. AUGUSTO CESAR LUNASCO CUSI	UNIDAD FACULTATIVA DE FOMENTO A LA INVESTIGACIÓN - UFFI
M.SC. WILSON FELIPE ALARCON QUISPE	UNIDAD DE GESTIÓN E INNOVACIÓN DEL DESARROLLO ACADÉMICO - UGIDA

INDICE

Presentación 1

CONFERENCIAS MAGISTRALES Y PLENARIAS 3

CONSERVACIÓN, MANEJO Y COMERCIALIZACIÓN DE PECES DE LA AMAZONÍA BOLIVIANA: USO DE LA TAXONOMÍA MOLECULAR Y FILOGEOGRAFÍA 4

(Plenaria) 4

M.Sc. Daniela Andrea Arteaga Voigt, Emma Torres Tola & Ruddy Luna Barrón 4

CRANEOSINOSTOSIS SINDRÓMICAS RELACIONADAS CON GENES FGFR: ESTUDIO CLÍNICO Y MOLECULAR 22

(Plenaria) 22

M Beatriz Luna Barrón [a], Emma Torres Tola [b], Ruddy Luna Barrón [c], Rolando Paz Bonilla [a], Salete Queiroz de Tejerina [d], Gonzalo Taboada López [a], Daniel Linares Terrazas[a], Víctor Faundes [e], Lorena Santa Maria 22

PUYA RAIMONDII EN BOLIVIA: INTEGRANDO CIENCIA, RESTAURACIÓN Y COMUNIDAD PARA LA CONSERVACIÓN DE UNA ESPECIE EMBLEMÁTICA 32

(Plenaria) 32

Carla Maldonado, Alfredo Fuentes, Jorge Quezada, Leslie Cayola, Daniela Álvarez, Tatiana Miranda, Esther Mosqueira, Ana Antezana, Daire Lafuente, Lykke Andersen, Daniela Cubas, Andrea Fossati 32

DEFORESTACIÓN Y RESILIENCIA DEL BOSQUE EN LA AMAZONIA BOLIVIANA 61

(Plenaria) 61

VARIABLES AMBIENTALES QUE INFLUENCIAN LA DISTRIBUCIÓN DE ÁRBOLES DE CASTAÑA EN LA CUENCA AMAZÓNICA BOLIVIANA 84

(Plenaria) 84

Molina-Vargas, Sara Ariana; Roque-Marca, Natalio; Pareja, Alejandro; Larrea-Alcázar, Daniel 84

IDENTIFICACION, CUANTIFICACIÓN Y EVALUACION FARMACOLOGICA DE BIFLAVONOIDES EN TRES PODOCARPUS DE BOLIVIA 107

(Plenaria) 107

Marcos Quiroz, Yonny Flores1, Gloria Rodrigo, Giovanna R. Almanza 107

FORMULACIÓN DE LUMINOL CON TRIS-BASE COMO ALTERNATIVA PARA LA DETECCIÓN DE MANCHAS HEMÁTICAS EN EL INSTITUTO DE INVESTIGACIONES TÉCNICO CIENTÍFICAS DE LA UNIVERSIDAD POLICIAL (IITCUP), LA PAZ – BOLIVIA 121

(Plenaria) 121

Salazar K., Sotopeña H., Villca S. y Luna R. 121

GENÉTICA FORENSE DE LA BIODIVERSIDAD: UN NUEVO ENFOQUE PERICIAL EN LA POLICÍA BOLIVIANA CONTRA EL TRÁFICO ILEGAL DE VIDA SILVESTRE 130

(Plenaria) 130

Emma Torres Tola1*, Daniela Arteaga Voigt1, Karina Salazar Chávez1, Vanesa Serrudo Gonzales1, Georgia Poquechoque1, Aneliz Ninahuanca2, Silvana Limache2, Claudia Heredia2, María Esther Chuquimia2, Paulina Huanca3, Javier Huampo3, Alira Quispe3, María Eugenia Mamani3, Eva Chávez3, Vanesa Ramos4, Rusvania Cadena2, Maritza Pacari5 , Fabiola Suarez6 y Ruddy Luna Barrón1. 130

COMUNICACIONES CIENTÍFICAS 142

IMPLEMENTACIÓN Y VALIDACIÓN COMPARATIVA DE DOS SISTEMAS ELECTRÓNICOS PARA LA DETERMINACIÓN CIENTÍFICA DE LA HISTÉRESIS (CELOSIDAD) DE ARMAS DE FUEGO DURANTE LAS INVESTIGACIONES PERICIALES DE LA POLICÍA BOLIVIANA 143

(Comunicación) 143

Tcnl. DEAP. Wilber René Bozo Villca & My. Serv. MSc. Ruddy Luna Barrón 143

LA IMPORTANCIA DE LA HISTORIA DE LA CIENCIA PARA LOS ESTUDIOS DE BIODIVERSIDAD EN BOLIVIA 162

(Comunicación) 162

Garitano-Zavala, Á. 162

SECUENCIACIÓN Y MICROEVOLUCIÓN DEL GEN S (ESPIGA) DEL VIRUS SARS COV-2 EN MUESTRAS DE BOLIVIA: CORRELACIÓN ENTRE SU FILOGENIA Y LAS OLAS DE CONTAGIO 183

(Comunicación) 183

Aneliz Ninahuanca Terán (1), Daniela Andrea Arteaga Voigt (2), Emma Torres Tola (3), Ruddy Luna Barrón (4) 183

INTEGRANDO LA BIODIVERSIDAD EN LA PLANIFICACIÓN TERRITORIAL PARA EL DESARROLLO SOSTENIBLE DEL CORREDOR MADIDI-PILÓN LAJAS-COTAPATA, BOLIVIA 195

(Comunicación) 195

Moya M.I., Meneses R.I., Cuba E., Rico A.*, Palabral A., Thompson N., Gómez M. I., Palabral O., Loayza E., Ocampo M. 195

TRANSICIONES AGROECOLÓGICAS EN BOLIVIA: SOSTENIBILIDAD SOCIOAMBIENTAL, GÉNERO Y RECONFIGURACIÓN TERRITORIAL EN CONTEXTOS PERIURBANOS 214

(Comunicación) 214

Mg. Sc. Daniela Romero Romay 214

EFECTO DE LOS EXTRACTOS DE ALCALOIDES TOTALES DE EVANTA SOBRE LA EXPRESIÓN DEL GEN INTERFERÓN GAMMA EN TEJIDO MURINO INFLAMADO MEDIANTE PCR EN TIEMPO REAL 277

(Comunicación) 277

Limache Valderrama S.M. 277

POSTER CIENTÍFICO 286

ESTUDIO COMPARATIVO DE COLMENAS DE ABEJAS NATIVAS Y MELÍFERAS COMO BIOINDICADORES DE GENES DE RESISTENCIA ANTIMICROBIANA EN LOS YUNGAS BOLIVIANOS 287

(Poster) 287

Apaza-Alvarez Nayla (1), Morales-Belpaire Isabel (2), Salas-Veizaga Daniel1, Alvarez-Aliaga María (1) 287

Caracterización genómica del potencial probiótico de Metschnikowia sp. aislada de miel de Scaptotrigona postica 304

(Poster) 304

Lizeth Pamela Laura Mejia (1), Isabel Morales Belpaire (2), Daniel Salas Veizaga (1), María Teresa Álvarez Aliaga(1). 304

DE LA SABIDURÍA ANCESTRAL A LA BIOTECNOLOGÍA: UN PROTOTIPO DE INVERNADERO ENERGICAMENTE POTENCIADO 323

(Poster) 323

JOSE LUIS RODRIGUEZ TRONCOSO 323

Evaluación del dimorfismo sexual en *Trichomycterus rivulatus* mediante la relación masa/longitud total, factor de condición y morfometría 331

(Poster) 331

Villalobos J.a*, Gonzales R.a, Orellana S.a, Paco W.a y Tapia M.a 331

Presentación

Con gran satisfacción presentamos las Memorias Científicas del I Congreso Internacional de Ciencias Puras y Naturales (CI-FCPN), publicación que reúne y preserva una selección de los trabajos de investigación presentados durante las jornadas académicas desarrolladas los días 19, 20 y 21 de mayo, en el marco de este importante encuentro científico organizado por la Facultad de Ciencias Puras y Naturales de la Universidad Mayor de San Andrés (FCPN–UMSA).

El I Congreso Internacional de Ciencias Puras y Naturales (CI-FCPN) se constituyó en un espacio de encuentro, intercambio y difusión del conocimiento científico, congregando a investigadores, docentes, profesionales y estudiantes en torno a las principales problemáticas, avances y perspectivas de las ciencias puras, la tecnología y la innovación, su desarrollo permitió fortalecer el diálogo académico y científico, generando un escenario propicio para la presentación de resultados de investigación y el establecimiento de vínculos entre diferentes comunidades académicas.

Las presentes memorias constituyen un registro documental de la producción científica presentada durante el Congreso, organizada en las áreas de Biología, Estadística, Física, Informática, Matemáticas y Química, cada una de estas áreas representa un componente fundamental del quehacer científico de la Facultad y, al mismo tiempo, refleja la diversidad de enfoques, metodologías, problemas de investigación y resultados que caracterizan a las ciencias puras y sus aplicaciones.

La recopilación de estos trabajos tiene como propósito fundamental preservar, sistematizar y difundir el conocimiento científico generado y socializado durante el evento, proporcionando a investigadores, docentes, estudiantes y demás miembros de la comunidad académica una fuente de consulta que permita conocer las investigaciones presentadas y favorecer su posterior análisis, discusión y aprovechamiento académico.

La publicación de estas memorias adquiere, además, especial relevancia como instrumento de memoria institucional, puesto que documenta una experiencia académica y científica que contribuye al fortalecimiento de la investigación y la innovación en la Facultad de Ciencias Puras y Naturales, en este sentido, la memoria trasciende la función de recopilar trabajos científicos y se constituye en un testimonio del compromiso institucional con la generación, difusión y transferencia del conocimiento.

El desarrollo del Congreso fue posible gracias a la participación y colaboración de investigadores, docentes, estudiantes, autoridades universitarias, personal administrativo y equipos de apoyo, cuyo esfuerzo conjunto permitió llevar adelante las actividades académicas y científicas programadas, a todos ellos expresamos nuestro reconocimiento por su contribución al fortalecimiento de este espacio de intercambio científico.

De manera particular, esta publicación representa una oportunidad para visibilizar el trabajo de los investigadores y jóvenes científicos, reconociendo el valor de sus aportes y promoviendo una cultura académica orientada hacia la investigación, la innovación, la colaboración interdisciplinaria y la comunicación científica.

Asimismo, estas memorias constituyen una base para proyectar futuras iniciativas académicas y científicas, favoreciendo la continuidad de espacios de encuentro entre investigadores de diferentes disciplinas e instituciones, la generación y difusión sistemática de este tipo de productos contribuye a consolidar una comunidad científica activa y comprometida con los desafíos contemporáneos de la ciencia, la tecnología y la innovación.

Invitamos a la comunidad universitaria, científica y académica a consultar estas memorias como una expresión del trabajo investigativo desarrollado en las diferentes áreas de las Ciencias Puras y Naturales, esperamos que los trabajos aquí reunidos sirvan como fuente de referencia, inspiración y punto de partida para nuevas investigaciones, colaboraciones y propuestas que contribuyan al desarrollo científico y tecnológico de nuestra sociedad.

Finalmente, expresamos nuestro reconocimiento a todas las personas e instituciones que hicieron posible la realización del I Congreso Internacional de Ciencias Puras y Naturales (CI-FCPN) y la posterior consolidación de esta publicación, la presente memoria representa no solo el resultado de un encuentro científico, sino también el compromiso permanente de la Facultad de Ciencias Puras y Naturales con la excelencia académica, la investigación y la construcción colectiva del conocimiento.

COMITÉ ORGANIZADOR

CONFERENCIAS MAGISTRALES Y PLENARIAS

CONSERVACIÓN, MANEJO Y COMERCIALIZACIÓN DE PECES DE LA AMAZONÍA BOLIVIANA: USO DE LA TAXONOMÍA MOLECULAR Y FILOGEOGRAFÍA

(Plenaria)

M.Sc. Daniela Andrea Arteaga Voigt, Emma Torres Tola & Ruddy Luna Barrón
solcitadav@gmail.com

INSTITUTO DE INVESTIGACIONES TÉCNICO CIENTÍFICAS
DE LA UNIVERSIDAD POLICIAL, LA PAZ, BOLIVIA

Semblanza:

Daniela Andrea Arteaga Voigt, es una bióloga y perita en Biología y Genética Forense, con una sólida trayectoria de más de una década en la Policía Boliviana y el Instituto de Investigaciones Técnico Científicas de la Universidad Policial (IITCUP). Su labor se ha centrado en la dirección de unidades clave como el Centro de Investigación Genética, la División de Biología y el Departamento Académico, donde ha liderado proyectos de vanguardia en identificación humana, reconstrucción de la historia genética de los pueblos indígenas de Bolivia y estudios en vida silvestre. Además de su experiencia operativa, cuenta con una maestría en Ciencias Forenses y múltiples diplomados en educación superior, consolidándose como una docente e investigadora referente en el ámbito académico nacional e internacional. Su compromiso con la ciencia ha sido reconocido con prestigiosos galardones, incluyendo múltiples primeros lugares en el Premio Plurinacional de Ciencia y Tecnología por investigaciones en seguridad alimentaria, salud y memoria histórica. Como prolífica autora, ha publicado numerosos artículos científicos sobre filogenia, taxonomía molecular y genética de poblaciones. Se desempeñó también como consultora experta en técnicas forenses aplicadas al tráfico de fauna silvestre para organismos internacionales, combinando su rigor técnico con un profundo conocimiento de los recursos genéticos y la biodiversidad boliviana.

Resumen

La investigación desplegada por el Centro de Investigación Genética del IITCUP aborda la problemática de la subestimación de la biodiversidad en la ictiofauna dulceacuícola neotropical, la cual presenta desafíos taxonómicos significativos debido a la prevalencia de especies crípticas y vacíos en los registros sistemáticos de la Amazonía boliviana. Mediante la implementación de la técnica de ADN código de barras (*DNA barcoding*) en 101 especímenes recolectados en 13 localidades de los departamentos de La Paz y Beni, se logró una resolución taxonómica con niveles de confianza situados entre el 94% y 100%, permitiendo la detección de discordancias sistemáticas y la identificación de potenciales nuevas unidades filogeográficas. Los análisis de filogeografía evidenciaron una baja estructuración poblacional en taxones de relevancia comercial como *Piaractus brachypomus*, *Zungaro zungaro* y *Prochilodus nigricans*, aportando datos genómicos de alta precisión que resultan imperativos para la formulación de políticas de manejo pesquero, programas de conservación de recursos genéticos y estrategias de comercialización sustentable en el territorio boliviano.

PALABRAS CLAVE: Ictiofauna dulceacuícola, cuenca amazónica, taxonomía molecular y filogeografía.

Introducción

La cuenca amazónica alberga una de las mayores diversidades de ictiofauna dulceacuícola en el mundo (Boschman et al., 2023); no obstante, una fracción considerable de su riqueza biológica permanece indocumentada o erróneamente clasificada (Reis et al., 2016). En el contexto boliviano, se estima la presencia de 900 especies, pero el conocimiento sistemático ha sido limitado, enfrentando una problemática crítica: la falta de resolución taxonómica y la convergencia morfológica en especies crípticas. Esta ambigüedad técnica conduce a una subestimación de la biodiversidad, lo que representa un desafío estructural para los programas de conservación, la gestión de recursos pesqueros y la regulación de su comercialización.

No obstante, con un 6% de las especies dulceacuícolas del mundo descritas en su territorio, Bolivia figura entre los países con mayor diversidad ictiológica del planeta (Sarmiento et al., 2014). Así, la identificación precisa de las unidades evolutivas es, por tanto, el pilar fundamental para garantizar la sostenibilidad de estos ecosistemas y su aprovechamiento económico.

El presente estudio se sustenta en la teoría del ADN código de barras (*DNA Barcoding*), propuesta por Hebert et al. (2003), que postula el uso del gen mitocondrial Citocromo Oxidasa I (COI) como un marcador universal para la discriminación de especies animales. Esta aproximación teórica se complementa con el análisis filogeográfico, el cual permite examinar la relación entre los linajes genéticos y su distribución geográfica para inferir la estructura poblacional. El objetivo central de esta investigación fue caracterizar taxonómica y filogeográficamente las especies de peces de la Amazonía boliviana mediante herramientas moleculares, con el fin de resolver las inconsistencias sistemáticas y evaluar la conectividad genética entre cuencas.

La delimitación espacial del estudio abarcó 13 localidades estratégicas de la cuenca amazónica en los departamentos de La Paz y Beni, mientras que la delimitación temporal se circunscribe a las fases de muestreo y análisis ejecutadas hacia la gestión 2019. Temáticamente, la investigación se integra en las áreas de genética de poblaciones, taxonomía molecular y biología evolutiva. Entre las limitaciones identificadas, destaca la complejidad logística del acceso geográfico a puntos de muestreo remotos y la dependencia de la completitud de las bases de datos genómicas internacionales para la validación de secuencias. Los resultados derivados de esta investigación pretenden cerrar la brecha entre la morfología tradicional y la realidad genómica, proporcionando una base científica sólida para la política pública de protección de recursos naturales en Bolivia

Metodología

Las muestras analizadas fueron proporcionadas al Centro de Investigación Genética por el Dr. Jaime Rodríguez (Director de Investigación del Laboratorio Boliviano de Biota y Desarrollo). Dichas muestras correspondieron a trozos de músculo de aproximadamente 1 g obtenidas de especies de peces comercializados en puertos de 13 localidades de los departamentos de La Paz y Beni: El Bala (3), Chepete (13), Hondo (1), Isla Grande (9), Kaka (5), Pinki (3), Puerto Motor (13), Río Beni (13), Río La Paz (4), San Marcos (1), Suapi (16), Altamarani (2) y Tuichi (23), haciendo un total de 101 muestras pertenecientes a 22 especies (identificadas morfológicamente): *Brachyplatystoma platynemum* (1), *Brachyplatystoma tigrinum* (1), *Brycon cephalus* (2), *Hemisorubim platyrhynchos* (1), *Hoplias malabaricus* (2), *Hydrolycus scomberoides* (1), *Leiarius marmoratus* (4), *Leporinus sp.* (2), *Mylossoma duriventre* (1), *Mylossoma* sp. (1), *Piaractus brachypomus* (13), *Pimelodus blochii* (2), *Pimelodus* sp. (1), *Prochilodus nigricans* (31), *Pseudoplatystoma fasciatum* (8), *Pterodoras granulosus* (3), *Rhaphiodon vulpinus* (4), *Salminus brasilensis* (2), *Serrasalmus maculatus* (6), *Sorubim lima* (2), *Sorubimichthys planicepsm* (3) y *Zungaro zungaro* (14) (Figura 1). La clasificación taxonómica en base a caracteres morfológicos fue realizada por la Dra. Leslie Córdova (FAUNAGUA, Instituto de Investigaciones Aplicadas de los Recursos Acuáticos, Cochabamba, Bolivia).



Figura 1. Sitios de muestreo ubicados en la región Amazónica de los departamentos de Beni y La Paz (Alto Beni).

Fuente: Elaboración propia en base a la información disponible en Google Earth.

La extracción se realizó con el sistema Wizard® Genomic DNA Purification Kit (Promega) de acuerdo al protocolo de Miller et al. (1988). Se emplearon los cebadores descritos por Ward et al. (2005) que permiten la amplificación de un fragmento de aproximadamente 700 pb del gen citocromo oxidasa I. La reacción se realizó empleando el kit comercial GoTaq® Colorless Master Mix (Promega). Los productos amplificados fueron sometidos a una purificación alcohólica, realizándose posteriormente el PCR desbalanceada empleando el kit BigDye® Terminator v3.1 Cycle Sequencing Kit (Applied Biosystems). Concluido el PCR, se realizó una segunda purificación alcohólica. Este producto fue secuenciado en un Analizador Genético ABI 3500 (Applied Biosystems) de acuerdo a las especificaciones del fabricante.

Las secuencias obtenidas fueron analizadas con el programa Sequencing Analysis v.6.0. (Applied Biosystems) y alineadas con el algoritmo MUSCLE (Edgar 2004) del programa Mega 7.0. (Kumar et al. 2016). Estos resultados se corrieron en la base de datos

Boldsystems v.4.0. (Ratnasingham & Herbert, 2007), para la identificación de los organismos.

El análisis filogeográfico se realizó para las especies *Piaractus brachypomus*, *Prochilodus nigricans* y *Zungaro zungaro* (únicamente estas especies contaron con el número de muestras suficientes) empleando el programa DNaSP 6 (Rozas et al. 2017) y PopArt (Bandelt et al. 1999; Clement et al. 2002), para elaborar la red de haplogrupos, realizándose la interpretación de los datos obtenidos según lo descrito por Avise (2000). Los datos de los 101 especímenes fueron procesados y categorizados por órdenes (Characiformes y Siluriformes). La representación visual de las discrepancias entre la identificación morfológica y la taxonomía molecular, se realizó empleando diagramas de flujo de Sankey mediante la herramienta de código abierto SankeyMATIC (Boger, 2024), configurando la anchura de los flujos de manera proporcional a la frecuencia de individuos asignados a cada ruta de transición taxonómica, visualizándose la magnitud y dirección de las reclasificaciones taxonómicas.

Resultados y discusión

Análisis Taxonómico Molecular

El análisis de 101 especímenes de peces mediante la técnica de ADN código de barras permitió una resolución taxonómica precisa en los órdenes Characiformes y Siluriformes, revelando una compleja dinámica entre la clasificación morfológica tradicional y la identidad genética molecular (Figuras 2 y 3). Los resultados demuestran que, si bien existe un consenso en diversos taxones, el 46% de las muestras en Characiformes y una fracción significativa en Siluriformes presentan discordancias sistemáticas que sugieren la presencia de especies crípticas, errores de identificación en campo o potenciales nuevas resoluciones taxonómicas para la cuenca amazónica boliviana.

En el orden Characiformes (Figura 2), se cuantificó un 46% de discordancias taxonómicas. Casos notables incluyen al género *Brycon*, donde especímenes identificados

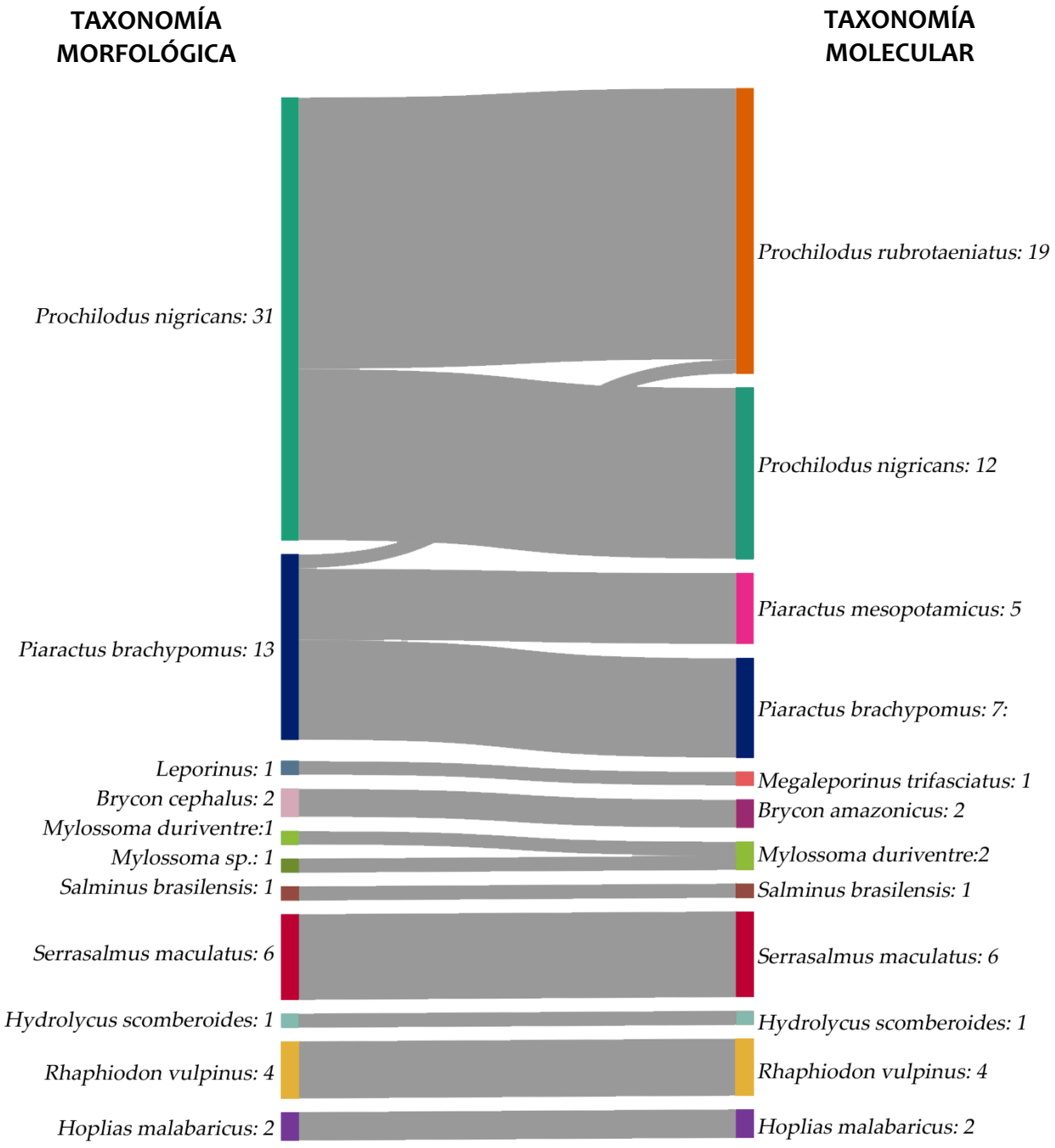
morfológicamente como *B. cephalus* fueron reclasificados mediante genética molecular como *B. amazonicus* con una probabilidad de identidad del 99,8-100%.

Fenómenos análogos se observaron en los géneros *Piaractus* y *Prochilodus*, donde individuos determinados originalmente como *P. brachypomus* y *P. nigricans* correspondieron genéticamente a *P. mesopotamicus* y *P. rubrotaeniatus* (100% de identidad), respectivamente. Asimismo, se identificaron dos discrepancias taxonómicas completas en las muestras G22, de *Leporinus* a *Megaleporinus trifasciatus* y G123, de *Piaractus brachypomus* a *Prochilodus rubrotaeniatus*. Por el contrario, la resolución molecular permitió asignar al género *Mylossoma* la especie *M. duriventre*, superando la limitación de la taxonomía clásica que solo alcanzó el nivel de género (*Mylossoma sp.*).

En el orden Siluriformes (Figura 3), las discordancias a nivel de especie alcanzaron un 8% en los géneros *Brachyplatystoma*, *Pseudoplatystoma* y *Zungaro*, mientras que un 26% de las muestras, particularmente en *Zungaro zungaro*, exhibieron valores que sugieren nuevas resoluciones taxonómicas.

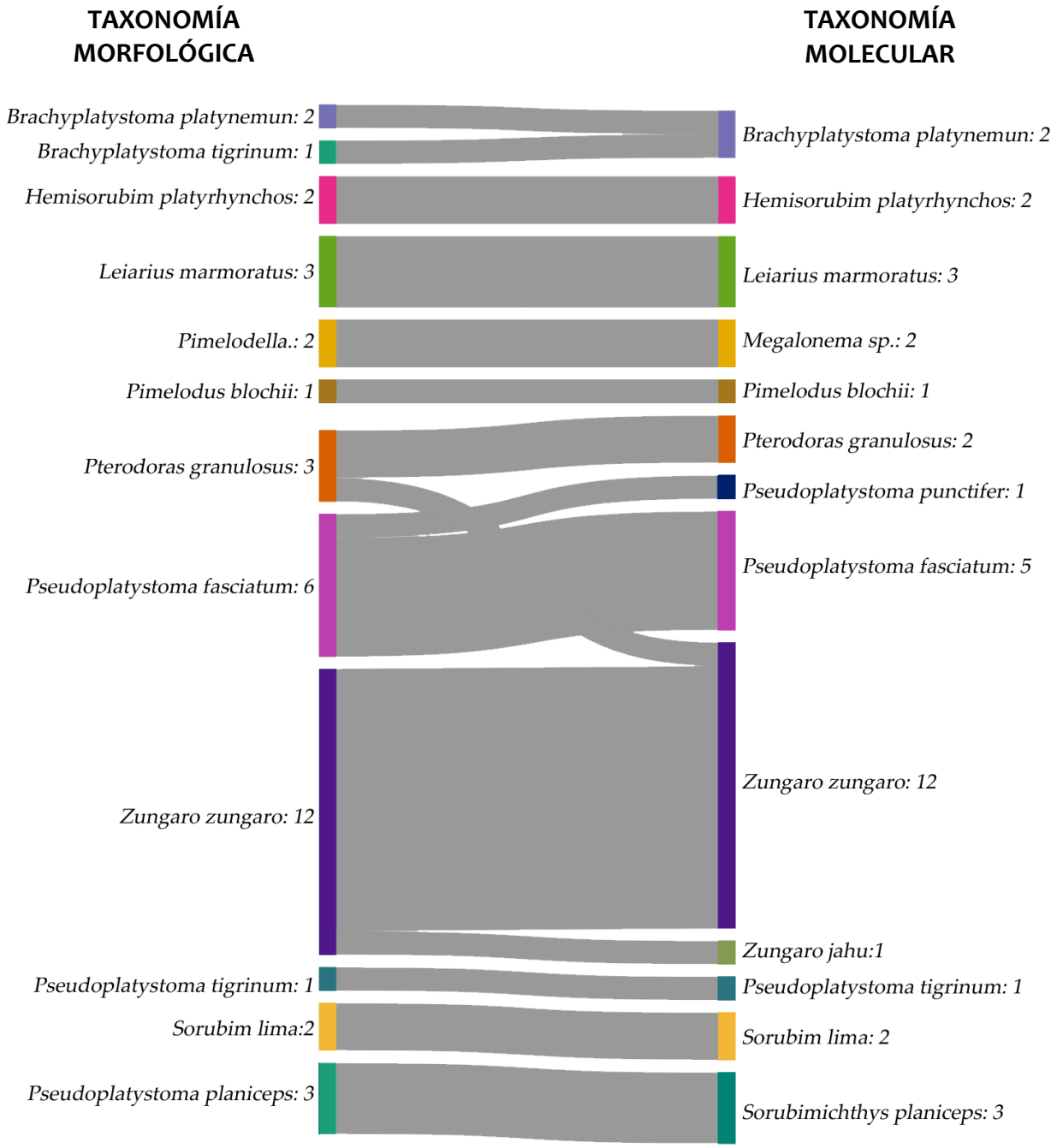
Por tanto, las marcadas discordancias entre la taxonomía morfológica y molecular (Figuras 2 y 3) pueden atribuirse a las limitaciones intrínsecas de la morfología, tales como la plasticidad fenotípica y la existencia de complejos de especies crípticas. Como señalan Hebert et al. (2003), estas limitaciones demandan un nivel de pericia taxonómica que a menudo es superado por la precisión del ADN código de barras. Bajo este escenario, los resultados refuerzan la necesidad de adoptar una Taxonomía Integrativa que amalgame ambas metodologías para reducir el margen de error en la identificación (Dayrat, 2005).

Figura 2. Diagrama de flujo de Sankey que muestra las discrepancias entre la identificación morfológica y la taxonomía molecular de los individuos del orden characiformes



Fuente: Elaboración propia

Figura 3. Diagrama de flujo de Sankey que muestra las discrepancias entre la identificación morfológica y la taxonomía molecular de los individuos del orden siluriformes.

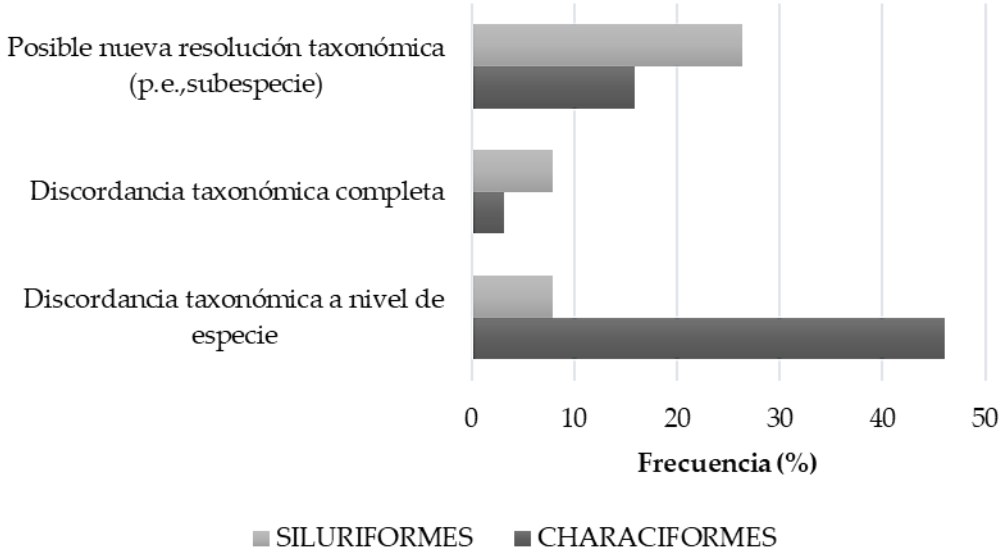


Fuente: Elaboración propia

En este sentido, la Figura 4 compara las discordancias y posibles nuevas resoluciones taxonómicas dentro de los órdenes siluriformes y characiformes estudiados. Mientras que en los characiformes se concentra una discordancia a nivel de especie (46% frente al 8% de los siluriformes), el orden siluriformes destaca por una mayor tendencia hacia una posible nueva resolución taxonómica (p.e., subespecie), alcanzando un 26%. Por otro lado, la discordancia taxonómica completa se mantiene en niveles minoritarios, afectando ligeramente más a los siluriformes (8%) que a los characiformes (3%).

En síntesis, los datos demuestran que la incertidumbre sistemática se manifiesta de forma asimétrica, sugiriendo que en los characiformes se requiere una revisión dentro los límites interespecíficos, mientras que en los siluriformes parecen presentarse variaciones infraespecíficas.

Figura 4. Análisis de delimitación taxonómica empleando caracteres morfológicos y genéticos en los órdenes characiformes y siluriformes.



Fuente: Elaboración propia

La necesidad de una revisión profunda de los límites interespecíficos en characiformes, sugerida por nuestros datos, es consistente con lo reportado en la literatura contemporánea, donde el uso de herramientas moleculares y la sistemática filogenética

basada en datos genómicos han revelado que la diversidad real del orden está subestimada y severamente enmascarada bajo el principio de sinonimia o identificaciones erróneas de taxones polifiléticos (Malabarba & Malabarba, 2020).

En el caso de los silúridos, la tendencia hacia la diferenciación intraespecífica puede estar fuertemente vinculada a sus hábitos ecológicos (predominantemente bentónicos) y a su menor capacidad de dispersión en comparación con muchos carácidos pelágicos (Malabarba & Malabarba, 2020). Estas características podrían promover el aislamiento geográfico vicariante en microcuencas o tributarios específicos, gatillando procesos de divergencia alopátrica incipiente que se manifiestan como variaciones morfológicas o moleculares sutiles, pero detectables, sin haber alcanzado el aislamiento reproductivo completo.

Estos hallazgos permiten sugerir que los characiformes requieren estudios dirigidos a clarificar la validez de sus especies nominales mientras que los siluriformes se presentan como un modelo idóneo para el estudio de la microevolución, la filogeografía y la estructuración poblacional.

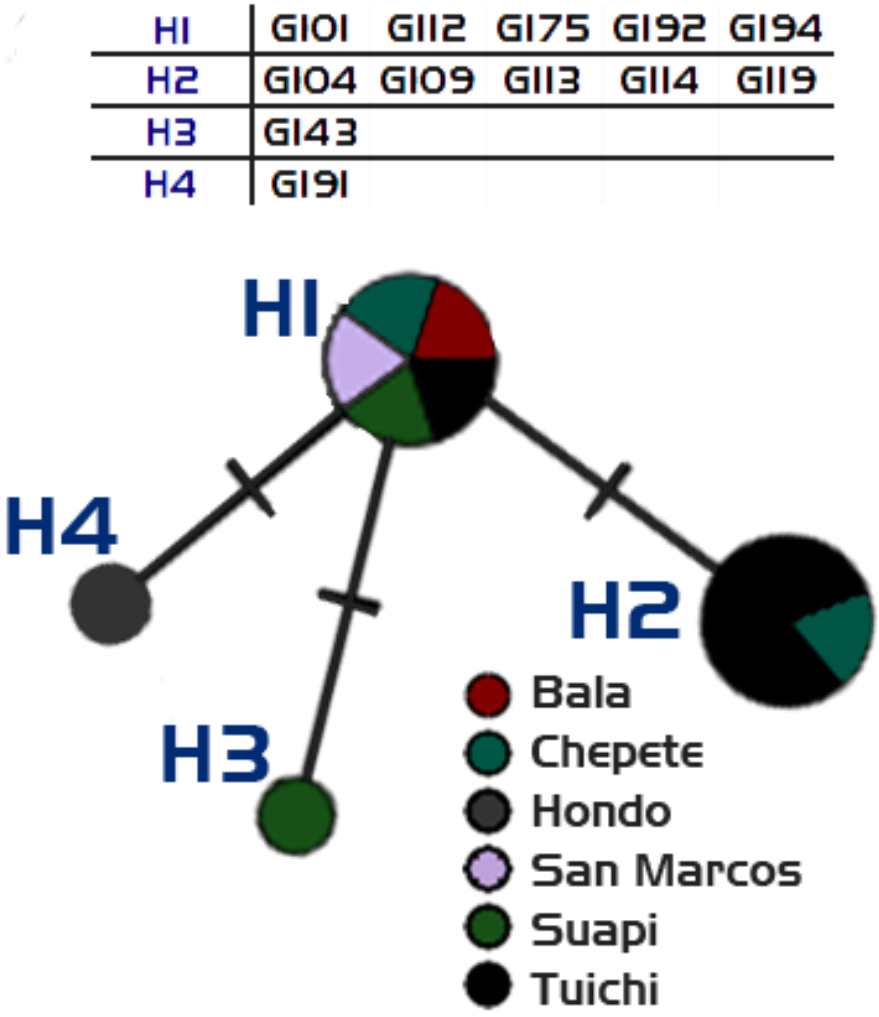
Análisis Filogeográfico y Estructura Poblacional

El análisis filogeográfico detectó linajes mitocondriales con baja estructuración geográfica. Para *Piaractus brachypomus* (Figura 5) y *Zungaro zungaro* (Figura 6), se identificaron haplogrupos no diferenciados de amplia distribución (categoría V), con valores de H=0,697 (p=0,00152) y H=0,455 (p=0,00145), respectivamente. En el caso de *Prochilodus nigricans* (Figura 7), se evidenció una diferenciación geográfica poco significativa (H=0,598; p=0,00142; categoría IV), sugiriendo una distribución filogeográfica de haplogrupos poco profunda.

En este sentido, para *Piaractus brachypomus* (Figura 5), la red de haplotipos evidencia procesos de divergencia local y haplotipos periféricos exclusivos o restrictivos. Los nodos H3 y H4 actúan como linajes derivados que se desprenden directamente del núcleo ancestral H1 mediante un único evento mutacional cada uno. Esta distribución asimétrica de la variabilidad genética, caracterizada por la coexistencia de un haplotipo

generalista ampliamente distribuido (H1) junto a linajes locales altamente frecuentes (H2) y haplotipos privados (H3 y H4), sugiere escenarios de flujo génico histórico interconectado en la región, matizados por restricciones contemporáneas al movimiento de genes o efectos fundadores locales en tributarios específicos de las regiones evaluadas.

Figura 1. *Red de haplogrupos (median-joining network) de las poblaciones de Piaractus brachypomus de la región Amazónica de los departamentos de Beni y La Paz (Alto Beni).*

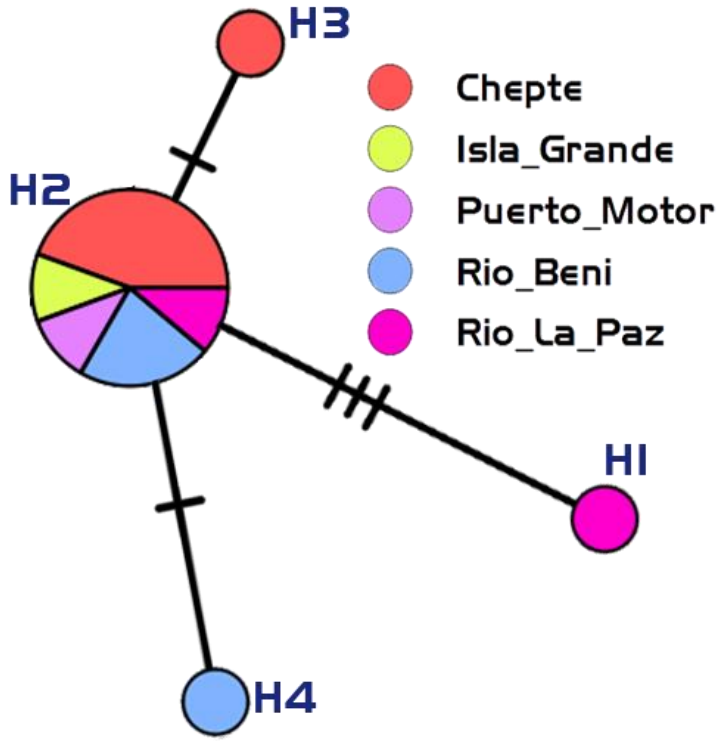


Fuente: Elaboración propia

Las poblaciones de *Zungaro zungaro* (Figura 5), se estructura a partir del nodo ancestral dominante H2, el cual presenta la mayor frecuencia y una distribución ubicua en las cinco

localidades muestreadas (Chepte, Isla Grande, Puerto Motor, Río Beni y Río La Paz). De este núcleo central convergen los haplotipos periféricos y locales H3 (Chepte) y H4 (Río Beni) a un solo paso mutacional, mientras que el haplotipo H1 (Río La Paz) exhibe una marcada diferenciación genética al separarse por tres pasos mutacionales, lo que sugiere un flujo génico histórico generalizado en la cuenca principal interrumpido por un aislamiento contemporáneo en la subcuenca del Río La Paz.

Figura 2. Red de haplogrupos (*median-joining network*) de las poblaciones de *Zungaro zungaro* de la región Amazónica de los departamentos de Beni y La Paz (Alto Beni).



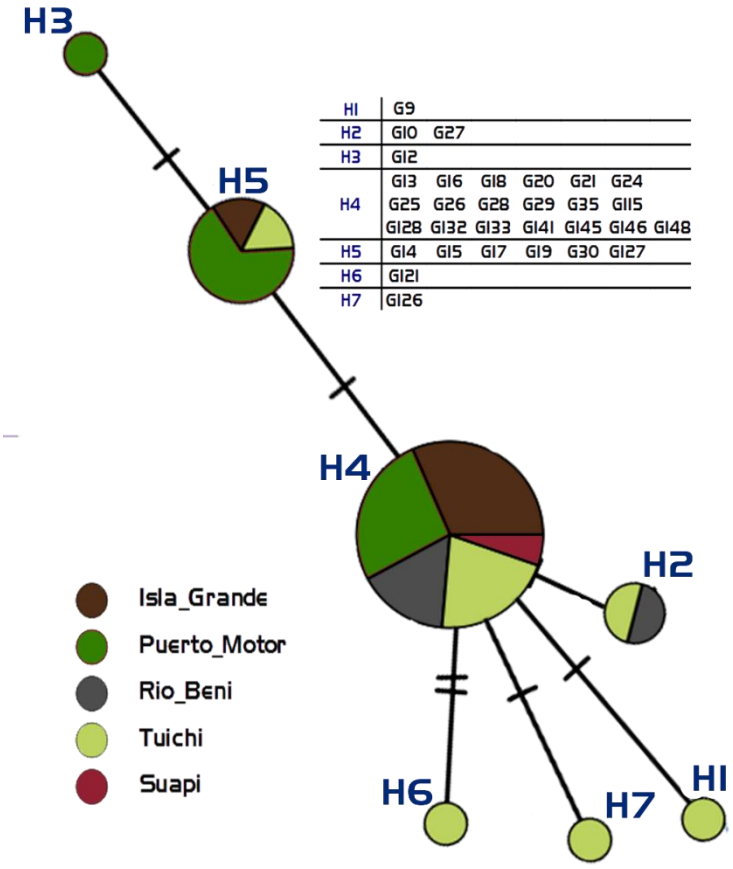
H1	G1
H2	G2 G5 G6 G23 G36 G102 G136 G139 G170
H3	G7
H4	G137

Fuente: Elaboración propia

Para *Prochilodus nigricans* (Figura 6), H4 se posiciona como el haplotipo ancestral dominante y central. Este haplotipo exhibe la mayor frecuencia y una distribución ubicua en las cinco localidades analizadas de la Amazonía de Beni y La Paz, lo que denota un alto

flujo génico histórico y patrones de dispersión consistentes con el comportamiento migratorio de la especie. De este núcleo central convergen, a una distancia de uno o dos pasos mutacionales, los haplotipos derivados; entre ellos destaca H5 por su alta representatividad en Puerto Motor, mientras que los nodos periféricos H1, H6 y H7 se restringen exclusivamente a la localidad de Tuichi, lo que sugiere escenarios de aislamiento parcial, retención de polimorfismos locales o restricciones contemporáneas al flujo génico en este curso fluvial específico.

Figura 3. Red de haplogrupos (*median-joining network*) de las poblaciones de *Prochilodus nigricans* de la región Amazónica de los departamentos de Beni y La Paz (Alto Beni).



Fuente: Elaboración propia

La predominancia de los órdenes characiformes y siluriformes en este estudio es consistente con los inventarios biológicos previos realizados en la cuenca del río Beni, donde se ha reportado que estos grupos constituyen la mayor proporción de la biomasa

íctica (Poully et al., 2011). No obstante, la baja estructuración geográfica observada podría estar influenciada por el tamaño muestral. Aunque estudios previos han sugerido linajes divergentes en estas cuencas (Lauzanne et al., 1991), los datos actuales para *P. brachypomus* y *Z. zungaro* apuntan hacia un estado de panmixia o discordancia de haplogrupos poco profunda.

Finalmente, este estudio marca un hito en la soberanía científica de Bolivia al generar los primeros datos del gen COI en peces producidos íntegramente en el país, mismos que pueden ser incluidos en repositorios globales (iBOL, 2019).

Esta capacidad del Centro de Investigación Genética (CINGEN) de la UNIPOL para proveer una identificación taxonómica molecular precisa, puede emplearse no sólo para investigar la diversidad de ictiofauna boliviana, sino también para el monitoreo de especies en redes de pesca, transporte y comercialización, así como en la protección de los derechos del consumidor frente al fraude comercial, tal como lo plantean Ardura et al. (2010), proporcionando una herramienta esencial para la toma de decisiones sobre conservación y manejo de la ictiofauna amazónica.

Conclusiones

El uso de ADN código de barras (*DNA barcoding*) permitió la identificación taxonómica de 13 especies de peces de la Amazonía boliviana, alcanzando niveles de identidad genómica situados entre el 94% y 100%. Este enfoque molecular facilitó la detección de discordancias sistemáticas críticas, la delimitación precisa de unidades evolutivas y la identificación de potenciales nuevas resoluciones taxonómicas y filogeográficas que la morfología tradicional no logra capturar.

Dentro del orden Characiformes, la resolución molecular permitió identificar taxones con alta fiabilidad, destacando especies como *Brycon amazonicus*, *Mylossoma duriventre*, *Piaractus brachypomus*, *P. mesopotamicus*, *Salminus brasiliensis*, *Serrasalmus maculatus*, *Hydrolycus scomberoides*, *Rhaphiodon vulpinus*, *Prochilodus nigricans* y *P. rubrotaeniatus* (99-100%); mientras que el género *Hoplias* mostró una resolución menor (94%), indicando la necesidad de estudios complementarios. En el orden Siluriformes, se validó la

presencia de especies como *Pterodoras granulosus*, *Brachyplatystoma platynemum*, *Hemisorubim platyrhynchos*, *Leiarius marmoratus*, *Pimelodus blochii*, *Pseudoplatystoma punctifer*, *P. fasciatum*, *Sorubim lima*, *S. ichthysplaniceps* y *Zungaro zungaro*, con probabilidades de identidad superiores al 98%.

Los análisis de filogeografía revelaron patrones de conectividad genética significativos. En las poblaciones de *Piaractus brachypomus* y *Zungaro zungaro*, se evidenció la presencia de haplogrupos no diferenciados de amplia distribución geográfica (H=0.697, *p*=0.00152 y H=0.598, *p*=0.00142, respectivamente), sugiriendo un flujo génico constante o una diversificación reciente. Por su parte, *Prochilodus nigricans* presentó una separación poco significativa entre haplogrupos, lo que confirma una baja diferenciación geográfica entre las localidades muestreadas.

Finalmente, la correlación de apenas el 45% entre los datos genéticos y los morfológicos subraya las limitaciones de la taxonomía clásica frente a la plasticidad fenotípica y el cripticismo. Este hallazgo hace imperativo el establecimiento de protocolos de "Taxonomía Integrativa" que combinen metodologías moleculares y morfológicas. Solo a través de una caracterización precisa de las tasas biológicas será posible evaluar la biodiversidad real de la Amazonía boliviana y diseñar programas de conservación, manejo pesquero y comercialización que aseguren la sostenibilidad de estos recursos estratégicos.

Referencias

- Ardura, A., Pola, I. G., Linde, A. R. y García-Vázquez, E. (2010). DNA-based methods for species authentication of Amazonian commercial fish. Food Research International, 43(9), 2295–2302. https://doi.org/10.1016/j.foodres.2010.08.004.
- Avise, J. C. (2000). Phylogeography: The history and formation of species. Harvard University Press.
- Bandelt, H. J., Forster, P., & Röhl, A. (1999). Median-joining networks for inferring intraspecific phylogenies. Molecular Biology and Evolution, 16(1), 37–48. https://doi.org/10.1093/oxfordjournals.molbev.a026036.

- Boger, S. (2024). *SankeyMATIC* (Versión 1.2.0) [Software de computación]. https://sankeymatic.com/.
- Boschman, L. M., Carraro, L., Cassemiro, F. A. S., de Oliveira, A. G., Altermatt, F., Hoorn, C., Iribar, A., Murienne, J., Jézéquel, C., Bernardi, G., & Pellissier, L. (2023). Freshwater fish diversity in the western Amazon basin shaped by Andean uplift since the Late Cretaceous. Nature Ecology & Evolution, 7, 2037–2044. https://doi.org/10.1038/s41559-023-02220-8
- Clement, M., Snell, Q., Walker, P., Posada, D., & Crandall, K. (2002). TCS: Estimating gene genealogies. Proceedings of the 16th International Parallel and Distributed Processing Symposium, 2, 184.
- Dayrat, B. (2005). Towards integrative taxonomy. Biological Journal of the Linnean Society, 85(3), 407–415. https://doi.org/10.1111/j.1095-8312.2005.00503.x
- Edgar, R. C. (2004). MUSCLE: Multiple sequence alignment with high accuracy and high throughput. BMC Bioinformatics, 5(113), 1–19. https://doi.org/10.1186/1471-2105-5-113
- Hebert, P. D. N., Cywinska, A., Ball, S. L., & deWaard, J. R. (2003). Biological identifications through DNA barcodes. Proceedings of the Royal Society of London. Series B: Biological Sciences, 270(1512), 313–321. https://doi.org/10.1098/rspb.2002.2218
- International Barcode of Life (iBOL). (2019). Boldsystems v.4 Database. http://www.boldsystems.org
- Kumar, S., Stecher, G., & Tamura, K. (2016). MEGA7: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 7.0 for bigger datasets. Molecular Biology and Evolution, 33(7), 1870–1874. https://doi.org/10.1093/molbev/msw054
- Lauzanne, L., Loubens, G., & Guennec, B. (1991). Liste commentée des poissons de l'Amazonie bolivienne [Lista comentada de los peces de la Amazonía boliviana]. Revista de Hidrobiología Tropical, 24(1), 61–76.

- Malabarba, L. R., & Malabarba, M. C. (2020). Phylogeny and classification of Neotropical fish. En B. Baldisserotto, E. C. Urbinati, & J. E. P. Cyrino (Eds.), Biology and physiology of freshwater neotropical fish (pp. 1–19). Academic Press.
- Miller, S. A., Dykes, D. D., & Polesky, H. F. (2008). A simple salting out procedure for extracting DNA from human nucleated cells. Nucleic Acids Research, 16(3), 1215. https://doi.org/10.1093/nar/16.3.1215
- Poully, M., Jézéquel, C., Camacho, J., Rejas, D., Zubieta, J., & Miranda-Chumacero, G. (2011). Atlas de las comunidades de peces de la cuenca del río Beni (Amazonía Boliviana). IRD / IIA-UMSS / CIPA-UATF / LFA-UMSA.
- Ratnasingham, S., & Hebert, P. D. N. (2007). BOLD: The Barcode of Life Data System (http://www.barcodinglife.org). Molecular Ecology Notes, 7(3), 355–364. https://doi.org/10.1111/j.1471-8286.2007.01678.x
- Reis, R. E., Albert, J. S., Di Dario, F., Mincarone, M. M., Petry, P., & Rocha, L. A. (2016). Fish biodiversity and conservation in South America. Journal of Fish Biology, 89(1), 12–47. https://doi.org/10.1111/jfb.13016
- Rozas, J., Ferrer-Mata, A., Sánchez-Del Barrio, J. C., Guirao-Rico, S., Librado, P., Ramos-Onsins, S. E., & Sánchez-Gracia, A. (2017). DnaSP 6: DNA Sequence Polymorphism analysis of large data sets. Molecular Biology and Evolution, 34(12), 3299–3302. https://doi.org/10.1093/molbev/msx248
- Sarmiento, J., Bigorne, R., & Carvajal-Vallejos, F. M. (Eds.). (2014). Peces de Bolivia / Fishes of Bolivia. IRD Éditions; Plural editores. https://doi.org/10.4000/books.irdeditions.17678
- Ward, R. D., Zemlak, T. S., Innes, B. H., Last, P. R., & Hebert, P. D. N. (2005). DNA barcoding Australia's fish species. Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences, 360(1462), 1847–1857. https://doi.org/10.1098/rstb.2005.1716.

CRANEOSINOSTOSIS SINDRÓMICAS RELACIONADAS CON GENES FGFR: ESTUDIO CLÍNICO Y MOLECULAR

(Plenaria)

M Beatriz Luna Barrón [a], Emma Torres Tola [b], Ruddy Luna Barrón [c], Rolando Paz Bonilla [a], Salete Queiroz de Tejerina [d], Gonzalo Taboada López [a], Daniel Linares Terrazas[a], Víctor Faundes [e], Lorena Santa Maria
solcitadav@gmail.com

[a] Unidad de Citogenética del Instituto de Genética de la Facultad de Medicina, Enfermería, Nutrición y Tecnología Médica de la Universidad Mayor de San Andrés, La Paz, Bolivia.

[b] Centro de Investigación Genética del Instituto de Investigaciones Técnico Científicas de la Universidad Policial, La Paz, Bolivia

[c] Departamento de Investigación Científica del Instituto de Investigaciones Técnico Científicas de la Universidad Policial, La Paz, Bolivia.

[d] Hospital del Niño Dr. Ovidio Aliaga Uria. La Paz Bolivia

[e] Laboratorio de Citogenética Molecular, Instituto de Nutrición y Tecnología de los Alimentos, Universidad de Chile, Santiago, Chile.

Resumen

Introducción: La craneosinostosis sindrómica (CS) se caracteriza por la fusión prematura de suturas craneales con anomalías extracraneales y se asocia a variantes patogénicas en los genes que codifican los Receptores de Factores de Crecimiento de Fibroblastos (FGFR). Objetivo: Describir una serie de casos de craneosinostosis sindrómicas relacionadas con genes FGFR, con confirmación molecular. Pacientes y métodos: Se realizó un estudio descriptivo en el Instituto de Genética de la Universidad Mayor de San Andrés, con pacientes diagnosticados entre los años 2017-2020. Se registraron datos demográficos, hallazgos clínicos y diagnóstico sindrómico. Se secuenciaron exones

específicos de *FGFR1*, *FGFR2* y *FGFR3* en ADN extraído de sangre periférica mediante técnica Sanger en la Universidad Policial. Resultados: Se incluyeron nueve pacientes: cinco con síndrome de Apert, dos con Crouzon, uno con Pfeiffer y uno con Muenke. La mediana de edad fue de 3 años y la razón hombre/mujer fue 7:2. Se identificaron variantes patogénicas en *FGFR2* en siete casos, y en *FGFR3* en un caso, todas consistentes con el diagnóstico clínico. Un paciente con fenotipo de Pfeiffer no puedo completar el estudio genético, pero cumplía los criterios clínicos necesarios para esta condición. Conclusiones: Se presenta una serie de casos de CS, con diagnósticos delineados clínicamente y confirmados molecularmente. Las características clínicas concuerdan con los hallazgos genéticos, resaltando la importancia de aplicar protocolos de evaluación en pacientes con CS. Esto permitió fortalecer las capacidades diagnósticas del centro de investigación y brindar un diagnóstico confirmatorio que oriente el manejo y el asesoramiento genético.

PALABRAS CLAVE: Craneosinostosis, Genotipo, Fenotipo, Gen *FGFR*

Introducción

La craneosinostosis es una anomalía congénita en la que existe una fusión prematura de una o más suturas craneales que conlleva a anomalías craneofaciales (1). Puede presentarse junto a otras malformaciones o deformaciones, y cuando se observa en conjunto con un patrón definido y repetitivo que se atribuye a una etiología conocida, se considera como parte de un síndrome genético, lo que corresponde al 15% de los casos (2). En caso de presentarse como un evento aislado se considera una anomalía congénita única o aislada, lo que representa el porcentaje restante de caso de craneosinostosis (3). A nivel epidemiológico la craneosinostosis tiene una incidencia al nacimiento de 4 a 5 casos por cada 10.000 recién nacidos vivos (RNV) (4,5), mientras que la incidencia al nacimiento de las Craneosinostosis Sindrómicas (CS) es de 0,4/10.000 RNV (6). De los casos sindrómicos, el 66-70% de casos corresponden al síndrome de Apert, síndrome de Crouzon, síndrome de Muenke o síndrome de Pfeiffer (7).

En general, las CS requieren equipos multidisciplinarios de evaluación, seguimiento, tratamiento y rehabilitación. Entre las actividades concernientes a los estudios básicos para pacientes con CS, el aporte de la genética es fundamental, considerando que la mayoría de los casos son debidos a variantes patogénicas en los genes *FGFR1*, *FGFR2* o *FGFR3* (2).

Estos genes codifican los Receptores de Factores de Crecimiento de Fibroblastos (siglas en inglés *FGFR*) que normalmente se encargan de la maduración de células óseas (8) al inducir diferenciación y migración celular en las placas de crecimiento óseo (9).

En general, las variantes patogénicas en estos genes aumentan la afinidad de unión al receptor del ligando, lo que produciría su activación constitutiva, generando una ganancia de función de estos receptores en comparación con los receptores en estado silvestre (10,11). Esta activación excesiva genera una maduración precoz de las estructuras óseas y cierre de los cartílagos de crecimiento a nivel craneal y esquelético (12).

El objetivo del estudio fue describir una serie de casos de craneosinostosis sindrómicas relacionadas con genes *FGFR*, con confirmación molecular basada en la secuenciación Sanger de los genes *FGFR1*, *FGFR2* y *FGFR3* para la conclusión diagnóstica.

Metodología

Estudio descriptivo, de corte transversal, con elección intencionada de la muestra que incluyeron todos los casos con diagnóstico clínico de CS realizado en el consultorio de Genética Médica del Instituto de Genética de la Universidad Mayor de San Andrés (UMSA) entre los años 2017 a 2020. Se consignaron la edad y el sexo de cada paciente, edades maternas y paterna al momento del nacimiento, antecedentes familiares, mortalidad, características clínicas y diagnóstico clínico, así como las características de los hallazgos moleculares de los genes estudiados. Con respecto al diagnóstico clínico de CS, se clasificaron en 4 condiciones: síndrome de Apert, síndrome de Crouzon, síndrome de Muenke y síndrome Pfeiffer; criterio que permitió definir el gen y exón a ser estudiado

para cada paciente. Se excluyeron pacientes con historia clínica incompleta, sin consentimiento informado firmado.

Estudio molecular. En instalaciones del Centro de investigaciones genéticas (CINGEN) de la Universidad Policial Mcal. José Antonio de Sucre, de cada paciente se recolectó 3 mL de sangre periférica en tubos con EDTA para luego extraer el ADN usando el kit Wizard® Genomic DNA Purification Kit (*Promega* USA) siguiendo las indicaciones del proveedor. El ADN extraído fue visualizado en gel de agarosa al 1% y su concentración cuantificada por Fluorometría. Siguiendo las indicaciones de la literatura (9) para estudios genéticos de 1era línea en CS, se procedió a la amplificación por PCR convencional dirigida a los exones correspondientes del gen relacionado con el tipo de CS diagnosticada clínicamente.

Con 35 ciclos de amplificación y posterior visualización de los productos en gel de agarosa al 1.5%, se sometió a los amplicones a una purificación alcohólica para luego realizar una PCR desbalanceada empleando el kit BigDye® Terminator v3.1 Cycle Sequencing Kit (*Applied Biosystems USA*) y una nueva purificación alcohólica. Se procedió a la secuenciación en el Analizador Genético ABI 3500 (*Applied Biosystems*) unidireccional de acuerdo a las especificaciones del fabricante. El análisis genético se realizó utilizando el programa MEGA7 (13) y programa Sequencing Analysis v.6.0. para la comparación de secuencias frente a las obtenidas en las bases de datos de ClinVar (http://www.ncbi.nlm.nih.gov/clinvar/), y se comparó las secuencias resultantes con aquellas de referencia depositadas en GenBank con los códigos NM_000141.4 para los exones 8 y 10 del gen *FGFR2*, NM_000142.4 del exón 8 del gen *FGFR3*, y NM_23110.3 del exon 8 del gen *FGFR1*. Las variantes detectadas se clasificaron según las recomendaciones del Colegio Americano de Genética y Genómica Médica (ACMG 2015) (14).

Finalmente, se procedió a la entrega de resultados a pacientes y sus familias bajo asesoramiento genético, y orientación hacia manejo multidisciplinario (3,4,9).

Resultados

Hallazgos clínicos

De los 1390 pacientes que acudieron al consultorio de genética médica del Instituto de Genética de la Universidad Mayor de San Andrés, en el periodo del estudio con sospecha de una condición genética, un total de 9 (0,65%) pacientes tuvieron diagnóstico clínico de CS. La mediana de edad al momento del diagnóstico fue de 3 años (RIC:0,4-8), con predominio de hombres (n=7, 78%) por sobre mujeres (n=2, 22%), 2 pacientes fallecieron en etapa neonatal (síndrome de Apert y síndrome de Pfeiffer). Sólo 1 caso tenía antecedentes familiares de patología similar (síndrome de Muenke), con marcada expresividad variable. La mediana de la edad materna fue de 30 (RIC:27-32) años y paterna de (RIC:28-46) 35 años al momento del nacimiento (tabla 2). En la tabla 3 se describen de manera detallada las características clínicas de cada caso, así como el seguimiento realizado.

En general, la característica común a todos los pacientes fue la craneosinostosis con distintos grados de afectación, incluyendo dismorfias craneofaciales. Las manifestaciones extracraneales fueron variables para cada CS. Mientras que en los casos de síndrome de Apert se observó un compromiso de las cuatro extremidades (sindactilia completa), el caso con síndrome de Pfeiffer sólo presentó pulgares anchos y los casos de síndrome de Crouzon y síndrome de Muenke no presentaron manifestaciones en extremidades. Se evidenció retraso del desarrollo psicomotor moderado en un caso con síndrome de Crouzon y en el caso con síndrome de Muenke.

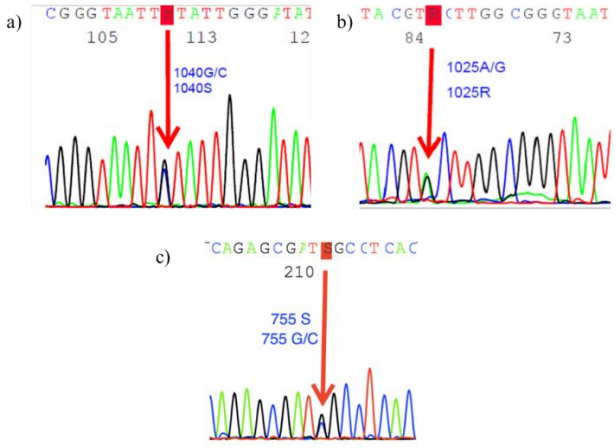
Hallazgos moleculares

Los casos 1 y 2 fueron diagnosticados con síndrome de Crouzon, en el caso 1 se detectó la variante c.1040C>G en el exón 10 de *FGFR2*, lo que lleva al cambio de serina por cisteína en la posición 347 de FGFR2, mientras que en el caso 2 se detectó la variante c.1025A>G, que lleva al cambio de cisteína a tirosina en el residuo 324. Los casos 3, 4, 5, 6 se diagnosticaron son síndrome de Apert y se detectó la variante c.755C>G que lleva a un cambio de una serina a triptófano en la posición 252 del receptor FGFR2, mientras que

en el caso 7 también diagnosticado con síndrome de Apert se encontró la variante c.758C>G que ocasiona el cambio de prolina a arginina en la posición 253.

El caso 8 tuvo diagnóstico clínico de con síndrome de Pfeiffer, pero no se pudo realizar el estudio molecular por fallecer antes de la obtención de muestra. En el caso 9 con síndrome de Muenke, se detectó la variante c.749C>G, que modifica la prolina por arginina en el residuo 250 del receptor FGFR3. Todas estas variantes se interpretaron como patogénicas según las recomendaciones ACMG 2015 (14), causantes de los síndromes en dichos pacientes (Figura 1).

Figura 1. Electroferogramas representativos de los pacientes estudiados



Electroferogramas representativos en los que se observa picos dobles de fluorescencia: a) caso 1 (SC) presenta c.1040C>G en el exón 10 de *FGFR2*, b) caso 2 (SC) corresponde a c.1025A>G en el exón 8 de *FGFR2*, y c) casos 3, 4, 5 y 6 (SA) correspondientes a c.755C>G en el exón 8 de *FGFR2*.

Conclusiones

Se realizó un estudio clínico molecular considerando los rasgos craneofaciales y corporales que orientaron hacia una patología específica, la cual a su vez dirigió el estudio de los genes *FGFR2* (exones 8 y 10) y *FGFR3* (exón 8) en pacientes con CS. Entre nuestros hallazgos, las características clínicas son similares a las descritas en la literatura científica, y son congruentes con los resultados moleculares, permitiendo enlazar la

evaluación clínica y molecular para un adecuado asesoramiento genético. Este estudio permitió implementar el diagnóstico molecular con secuenciación Sanger para confirmar el diagnóstico clínico, lo que resulta fundamental para un temprano y adecuado manejo multidisciplinario en las unidades de pediatría y genética médica.

Referencias bibliográficas

- Yapijakis C, Pachis N, Sotiriadou T, Vaila C, Michopoulou V, Vassiliou S. Molecular Mechanisms Involved in Craniosynostosis. *In Vivo (Athens, Greece)*. 2023;37(1): 36–46. https://doi.org/10.21873/invivo.13052.
- Stanton E, Urata M, Chen JF, Chai Y. The clinical manifestations, molecular mechanisms and treatment of craniosynostosis. *Disease Models & Mechanisms*. 2022;15(4): dmm049390. https://doi.org/10.1242/dmm.049390.
- Hwang SK, Park KS, Park SH, Hwang SK. Update of Diagnostic Evaluation of Craniosynostosis with a Focus on Pediatric Systematic Evaluation and Genetic Studies. *Journal of Korean Neurosurgical Society*. 2016;59(3): 214–218. https://doi.org/10.3340/jkns.2016.59.3.214.
- Betances EM, Mendez MD, Karsonovich T, Das JM. Craniosynostosis. In: *StatPearls*. Treasure Island (FL): StatPearls Publishing; 2025. http://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK544366/ [Accessed 15th June 2025].
- Morris JK, Springett AL, Greenlees R, Loane M, Addor MC, Arriola L, et al. Trends in congenital anomalies in Europe from 1980 to 2012. *PLOS ONE*. 2018;13(4): e0194986. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0194986.
- Shlobin NA, Baticulon RE, Ortega CA, Du L, Bonfield CM, Wray A, et al. Global Epidemiology of Craniosynostosis: A Systematic Review and Meta-Analysis. *World Neurosurgery*. 2022;164: 413-423.e3. https://doi.org/10.1016/j.wneu.2022.05.093.

- Tønne E, Due-Tønnessen BJ, Wiig U, Stadheim BF, Meling TR, Helseth E, et al. Epidemiology of craniosynostosis in Norway. *Journal of Neurosurgery. Pediatrics*. 2020;26(1): 68–75. https://doi.org/10.3171/2020.1.PEDS2051.
- Muenke M, Schell U. Fibroblast-growth-factor receptor mutations in human skeletal disorders. *Trends in genetics: TIG*. 1995;11(8): 308–313. https://doi.org/10.1016/s0168-9525(00)89088-5.
- Wenger T, Miller D, Evans K. FGFR Craniosynostosis Syndromes Overview. In: Adam MP, Feldman J, Mirzaa GM, Pagon RA, Wallace SE, Amemiya A (eds.) *GeneReviews®*. Seattle (WA): University of Washington, Seattle; 1993. http://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK1455/ [Accessed 15th June 2025].
- Coumoul X, Deng CX. Roles of FGF receptors in mammalian development and congenital diseases. *Birth Defects Research. Part C, Embryo Today: Reviews*. 2003;69(4): 286–304. https://doi.org/10.1002/bdrc.10025.
- Xie Y, Su N, Yang J, Tan Q, Huang S, Jin M, et al. FGF/FGFR signaling in health and disease. *Signal Transduction and Targeted Therapy*. 2020;5(1): 1–38. https://doi.org/10.1038/s41392-020-00222-7.
- Jabs EW, Li X, Scott AF, Meyers G, Chen W, Eccles M, et al. Jackson-Weiss and Crouzon syndromes are allelic with mutations in fibroblast growth factor receptor 2. *Nature Genetics*. 1994;8(3): 275–279. https://doi.org/10.1038/ng1194-275.
- Kumar S, Stecher G, Tamura K. MEGA7: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 7.0 for Bigger Datasets. *Molecular Biology and Evolution*. 2016;33(7): 1870–1874. https://doi.org/10.1093/molbev/msw054.
- Richards S, Aziz N, Bale S, Bick D, Das S, Gastier-Foster J, et al. Standards and guidelines for the interpretation of sequence variants: a joint consensus recommendation of the American College of Medical Genetics and Genomics and the Association for Molecular Pathology. *Genetics in Medicine: Official Journal of*

the American College of Medical Genetics. 2015;17(5): 405–424. https://doi.org/10.1038/gim.2015.30.

- Park SS, Beyer RP, Smyth MD, Clarke CM, Timms AE, Bammler TK, et al. Osteoblast differentiation profiles define sex specific gene expression patterns in craniosynostosis. *Bone*. 2015;76: 169–176. https://doi.org/10.1016/j.bone.2015.03.001.
- James AW, Theologis AA, Brugmann SA, Xu Y, Carre AL, Leucht P, et al. Estrogen/Estrogen Receptor Alpha Signaling in Mouse Posterofrontal Cranial Suture Fusion. *PLOS ONE*. 2009;4(9): e7120. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0007120.
- Crow JF. Upsetting the Dogma: Germline Selection in Human Males. *PLOS Genetics*. 2012;8(2): e1002535. https://doi.org/10.1371/journal.pgen.1002535.
- Goriely A, McVean GAT, Röjmyr M, Ingemarsson B, Wilkie AOM. Evidence for Selective Advantage of Pathogenic FGFR2 Mutations in the Male Germ Line. *Science*. 2003;301(5633): 643–646. https://doi.org/10.1126/science.1085710.
- Yamada M, De Chiara L, Seandel M. Spermatogonial Stem Cells: Implications for Genetic Disorders and Prevention. *Stem Cells and Development*. 2016;25(20): 1483–1494. https://doi.org/10.1089/scd.2016.0210.
- Britto JA, Evans RD, Hayward RD, Jones BM. From genotype to phenotype: the differential expression of FGF, FGFR, and TGFbeta genes characterizes human cranioskeletal development and reflects clinical presentation in FGFR syndromes. *Plastic and Reconstructive Surgery*. 2001;108(7): 2026–2039; discussion 2040-2046. https://doi.org/10.1097/00006534-200112000-00030.
- Al-Namnam NM, Hariri F, Thong MK, Rahman ZA. Crouzon syndrome: Genetic and intervention review. *Journal of Oral Biology and Craniofacial Research*. 2019;9(1): 37–39. https://doi.org/10.1016/j.jobcr.2018.08.007.
- Wilkie AOM, Byren JC, Hurst JA, Jayamohan J, Johnson D, Knight SJL, et al. Prevalence and Complications of Single-Gene and Chromosomal Disorders in

Craniosynostosis. *Pediatrics*. 2010;126(2): e391–e400. https://doi.org/10.1542/peds.2009-3491.

- Wenger TL, Hing AV, Evans KN. Apert Syndrome. In: Adam MP, Feldman J, Mirzaa GM, Pagon RA, Wallace SE, Amemiya A (eds.) *GeneReviews®*. Seattle (WA): University of Washington, Seattle; 1993. http://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK541728/ [Accessed 15th June 2025].
- Park WJ, Theda C, Maestri NE, Meyers GA, Fryburg JS, Dufresne C, et al. Analysis of phenotypic features and FGFR2 mutations in Apert syndrome. *American Journal of Human Genetics*. 1995;57(2): 321–328.
- Bellus GA, Gaudenz K, Zackai EH, Clarke LA, Szabo J, Francomano CA, et al. Identical mutations in three different fibroblast growth factor receptor genes in autosomal dominant craniosynostosis syndromes. *Nature Genetics*. 1996;14(2): 174–176. https://doi.org/10.1038/ng1096-174.
- Kan S hsin, Elanko N, Johnson D, Cornejo-Roldan L, Cook J, Reich EW, et al. Genomic screening of fibroblast growth-factor receptor 2 reveals a wide spectrum of mutations in patients with syndromic craniosynostosis. *American Journal of Human Genetics*. 2002;70(2): 472–486. https://doi.org/10.1086/338758.
- Júnior HM, de Aquino SN, Machado RA, Leão LL, Coletta RD, Burle-Aguiar MJ. Pfeiffer syndrome: clinical and genetic findings in five Brazilian families. *Medicina Oral, Patologia Oral Y Cirugia Bucal*. 2015;20(1): e52-58. https://doi.org/10.4317/medoral.20032.
- Vogels A, Fryns JP. Pfeiffer syndrome. *Orphanet Journal of Rare Diseases*. 2006;1(1): 19. https://doi.org/10.1186/1750-1172-1-19.

PUYA RAIMONDII EN BOLIVIA: INTEGRANDO CIENCIA, RESTAURACIÓN Y COMUNIDAD PARA LA CONSERVACIÓN DE UNA ESPECIE EMBLEMÁTICA

(Plenaria)

Carla Maldonado, Alfredo Fuentes, Jorge Quezada, Leslie Cayola, Daniela Álvarez, Tatiana Miranda, Esther Mosqueira, Ana Antezana, Daire Lafuente, Lykke Andersen, Daniela Cubas, Andrea Fossati

cmaldonado@fcpn.edu.bo

Herbario Nacional de Bolivia – Instituto de Ecología, Carrera de Biología. Universidad Mayor de San Andrés (UMSA), Cota Cota, calle 27 s/n, Campus Universitario, La Paz-Bolivia.

Ecological and Conservation Synthesis Department. Conservation and Restoration Division. Missouri Botanical Garden. 4344 Shaw Blvd., St. Louis, MO 63110

Unidad de Biotecnología Vegetal – Instituto de Biología Molecular, Carrera de Biología. Universidad Mayor de San Andrés (UMSA), Cota Cota, calle 27 s/n, Campus Universitario, La Paz-Bolivia.

SDSN Bolivia – Universidad Privada Boliviana (UPB), La Paz, Bolivia.

Semblanza:

Carla Maldonado es una botánica boliviana, especializada en conservación de especies amenazadas y restauración ecológica. Es docente de la Carrera de Biología de la UMSA, investigadora del Herbario Nacional de Bolivia del Instituto de Ecología y dirige el Programa del Missouri Botanical Garden en Bolivia. Ha liderado y coordinado proyectos enfocados en la conservación de flora nativa, bancos de semillas, propagación de especies en peligro, restauración de ecosistemas degradados y fortalecimiento de capacidades locales. Su trabajo integra investigación científica, conservación aplicada, educación ambiental y colaboración con comunidades e instituciones nacionales e internacionales.

Resumen

La *Puya raimondii*, emblemática de los Andes bolivianos, enfrenta graves amenazas por pérdida de hábitat, cambio climático y baja regeneración natural. Para protegerla, se implementó un enfoque integral que combina investigación científica, conservación ex situ e in situ, y participación comunitaria. Como resultado, se generó la primera base de datos robusta de la especie en el país mediante censos y parcelas de monitoreo. En el ámbito técnico, se recolectaron más de 20.000 semillas, se crearon protocolos de germinación y se produjeron más de 7.000 plantines destinados a la restauración ecológica. El éxito del proyecto radica en la participación local: los comuneros fueron capacitados para el manejo, monitoreo y reintroducción de los ejemplares en su hábitat. Además, un fuerte componente educativo transformó la percepción social de la planta en escuelas y comunidades. Paralelamente, se impulsó una propuesta de turismo comunitario sostenible que posiciona a la *Puya raimondii* como motor de identidad territorial y economía local. Esta iniciativa es administrada por la Comisión de Desarrollo Turístico Sostenible de Comanche, una organización local presidida por una mujer, lo que fortalece la equidad de género y el liderazgo femenino en la toma de decisiones. Este trabajo demuestra que la conservación de la biodiversidad puede trascender la ciencia y convertirse en un modelo replicable que integra conocimiento, cultura, desarrollo económico y empoderamiento social.

Palabras clave

Puya raimondii; especies amenazadas; conservación; restauración ecológica; turismo comunitario

Introducción

Puya raimondii, considerada la bromeliácea más grande del mundo (Fig. 1), es considerada una de las bromelias más extraordinarias del mundo debido a su gigantesca inflorescencia y su largo ciclo de vida monocárpico (Lineham, 1987). Constituye una de las especies más emblemáticas de los Andes y uno de los elementos más representativos de los ecosistemas altoandinos de Bolivia. Sus poblaciones, distribuidas principalmente

en serranías y pajonales del altiplano, poseen un alto valor ecológico, paisajístico y cultural (Antelo, 2014), albergando además una importante diversidad de flora y fauna asociada. Sin embargo, en las últimas décadas muchas de estas poblaciones han experimentado un marcado deterioro debido a incendios recurrentes, expansión agrícola y urbana, sobrepastoreo, actividades extractivas y efectos asociados al cambio climático, factores que afectan directamente la regeneración natural y la permanencia de la especie en varias localidades del país.

Figura 1. *Puya raimondii* en la localidad de Comanche.



A pesar de su relevancia biológica y simbólica, *Puya raimondii* ha sido reconocida entre las especies de flora amenazada prioritarias para la conservación en Bolivia (Meneses & Beck, 2005). La conservación de *Puya raimondii* en Bolivia estuvo durante muchos años limitada principalmente a registros aislados, esfuerzos puntuales de investigación y acciones de protección poco articuladas (CDC-Bolivia, 1998). La falta de información sistematizada sobre el estado de las poblaciones, así como la limitada integración entre investigación científica, restauración ecológica y participación social, dificultaban la generación de estrategias sostenibles de conservación a largo plazo.

En respuesta a este escenario, se desarrolló el proyecto "Conservation Planning and Implementation to Safeguard the Puya raimondii of Bolivia", financiado por el Critical Ecosystem Partnership Fund (CEPF) y administrado por BIOTA, bajo un enfoque colaborativo liderado por el Herbario Nacional de Bolivia y la Unidad de Biotecnología

Vegetal de la Universidad Mayor de San Andrés (UMSA), con la participación de SDSN Bolivia y el apoyo técnico y científico del Missouri Botanical Garden.

El proyecto planteó un enfoque integral de conservación que trascendiera la generación de información científica, incorporando componentes de restauración ecológica, conservación ex situ, educación ambiental, fortalecimiento comunitario y turismo sostenible. A través de estudios poblacionales, monitoreo ecológico, producción de plantines, acciones de repoblamiento y actividades educativas, se buscó no solo aportar al conocimiento y recuperación de la especie, sino también fortalecer el vínculo entre las comunidades locales y su patrimonio natural.

De manera paralela, el proyecto promovió procesos de participación social orientados a que la conservación de *Puya raimondii* pudiera convertirse en una oportunidad de desarrollo local. En este contexto, se impulsaron iniciativas de turismo comunitario sostenible y espacios de educación ambiental que permitieron revalorizar la especie como símbolo territorial y generar una mayor apropiación social de los procesos de conservación. Asimismo, se fortaleció la participación de mujeres y jóvenes en actividades vinculadas al manejo, difusión y gestión local del proyecto.

Metodología

1. Diagnóstico ecológico y evaluación poblacional

El estudio se desarrolló bajo un enfoque aplicado e interdisciplinario, integrando investigación ecológica, conservación ex situ e in situ, restauración, educación ambiental, turismo comunitario y fortalecimiento organizativo local.

Inicialmente se realizó una revisión de información previa sobre la distribución de *Puya raimondii* en Bolivia, complementada con trabajo de campo en localidades priorizadas de La Paz, Cochabamba y Potosí. Esta información permitió actualizar registros de presencia, identificar poblaciones clave y generar insumos para la elaboración de un mapa nacional de distribución de la especie. En las localidades visitadas se registraron variables ecológicas, amenazas, condiciones del hábitat y datos poblacionales, además

de realizar reuniones con actores locales para validar información y evaluar posibilidades de conservación territorial.

En el Cerro Comanche se desarrolló un diagnóstico ecológico detallado de la población local de *Puya raimondii*. Para ello se realizaron censos poblacionales mediante fotografías aéreas obtenidas con dron, análisis espacial de la distribución de individuos y recorridos de verificación en campo. Asimismo, se instalaron parcelas permanentes y temporales de monitoreo en diferentes sectores del cerro, incluyendo la cima, laderas y zonas intervenidas. En cada parcela se registraron variables como diámetro, altura, estado fenológico, vitalidad, presencia de individuos juveniles y características generales del microhábitat. También se colectaron muestras de suelo, tejido foliar y especies vegetales asociadas para complementar el análisis ecológico y apoyar futuras acciones de monitoreo.

2. Caracterización de biodiversidad asociada

Se realizaron relevamientos de flora, vegetación y fauna asociadas a las poblaciones de *Puya raimondii* en Comanche, combinando observaciones directas, colectas botánicas, registros fotográficos, entrevistas locales y revisión de información previa. Este trabajo permitió identificar especies asociadas, relaciones ecológicas relevantes y amenazas compartidas del ecosistema.

3. Conservación ex situ y restauración ecológica

El componente de conservación ex situ incluyó la recolección de semillas en poblaciones naturales de *Puya raimondii*, siguiendo criterios de trazabilidad y representatividad poblacional. Las semillas fueron procesadas, limpiadas, etiquetadas y depositadas en el Banco de Semillas del Herbario Nacional de Bolivia bajo condiciones controladas de conservación.

Paralelamente, se realizaron ensayos de germinación en laboratorio e invernadero, evaluando la respuesta de semillas en distintos tipos de sustrato y condiciones controladas. Estos ensayos permitieron optimizar protocolos para la producción de plantines destinados a futuras acciones de restauración.

Los plantines producidos fueron mantenidos en viveros especializados, donde se implementaron sistemas de riego automatizado, estructuras de sombra y monitoreo periódico de crecimiento y supervivencia. Asimismo, se realizaron actividades de rescate, aclimatación y reintroducción de individuos juveniles y plantines en áreas priorizadas del Cerro Comanche, incorporando la participación activa de técnicos locales y miembros de la comunidad.

4. Educación ambiental y participación comunitaria

El componente social y educativo inició con un diagnóstico comunitario y un diagnóstico social con enfoque de género. Para ello se aplicaron encuestas, entrevistas y talleres participativos con autoridades, docentes, jóvenes, mujeres, trabajadores locales y miembros de la comunidad, permitiendo identificar percepciones sobre biodiversidad, amenazas ambientales y oportunidades vinculadas a la conservación y el turismo.

Con base en esta información se diseñó e implementó un programa de educación ambiental dirigido a estudiantes, docentes y población local. Se desarrollaron sesiones educativas participativas, juegos didácticos, materiales Montessori, guías para primaria y secundaria, cuadernillos educativos y actividades de ciencia ciudadana utilizando plataformas como iNaturalist.

5. Turismo comunitario sostenible

El componente de turismo comunitario se desarrolló mediante un diagnóstico integral del potencial turístico de Comanche, identificando atractivos naturales, culturales y paisajísticos, así como capacidades locales, brechas de infraestructura y oportunidades económicas vinculadas a la conservación de *Puya raimondii*.

A partir de esta información se diseñó la ruta turística interpretativa "Protectores del Tiempo", concebida como un circuito de turismo comunitario basado en la biodiversidad y el patrimonio local. La ruta fue complementada con información científica generada por los componentes ecológicos del proyecto, incorporando señalética interpretativa y carteles educativos sobre flora, fauna, ecología y conservación de *Puya raimondii* a lo largo del recorrido.

Asimismo, se estableció un Punto de Información Turística en Comanche, equipado con material gráfico, informativo y promocional destinado a visitantes y operadores turísticos. Paralelamente, se desarrolló una identidad visual y marca turística para el municipio, incluyendo el diseño de materiales impresos y digitales para promoción del destino.

Como parte del fortalecimiento organizativo local, se conformó la Comisión de Desarrollo Turístico Sostenible de Comanche, integrada por representantes de distintos sectores de la comunidad y con amplia participación de mujeres en cargos de liderazgo.

El proyecto incluyó además un amplio programa de capacitación comunitaria mediante talleres prácticos en atención al cliente, guiado turístico, gastronomía local, hospedaje, hotelería, artesanía, tejidos tradicionales, gestión turística y transporte comunitario. Estas actividades buscaron fortalecer capacidades locales para que la comunidad pudiera participar activamente en procesos de turismo sostenible vinculados a la conservación del territorio.

6. Planificación y articulación institucional

La información generada durante el proyecto fue utilizada para elaborar insumos técnicos destinados al Plan de Acción para la Conservación de *Puya raimondii* en Bolivia 2025–2035, la propuesta de nuevas Áreas Clave para la Biodiversidad (KBAs) y el Plan de Manejo del área protegida municipal propuesta para Comanche.

Todo el proceso se desarrolló mediante coordinación interinstitucional entre las entidades ejecutoras del proyecto, autoridades municipales y actores comunitarios, incorporando además la participación y revisión técnica de la Dirección General de Biodiversidad y Áreas Protegidas (DGBAP) del Ministerio de Medio Ambiente y Agua. Esta articulación permitió fortalecer la validez técnica y la proyección institucional de las estrategias de conservación propuestas, promoviendo un enfoque participativo e interdisciplinario para la conservación de la especie y su ecosistema.

Resultados y discusión

1. Diagnóstico ecológico y evaluación poblacional de *Puya raimondii*

1.1 Distribución nacional y estado poblacional

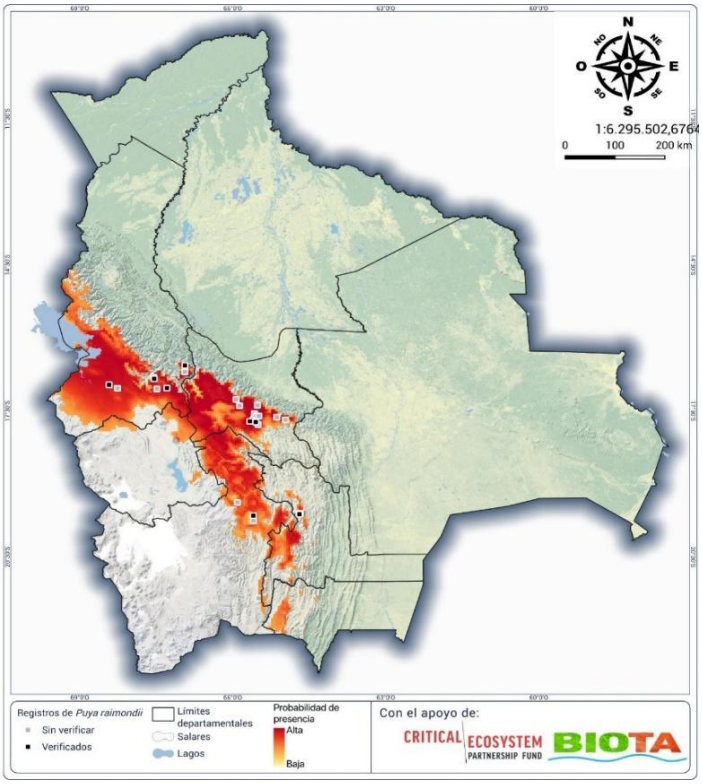
La información recopilada durante el proyecto permitió actualizar y consolidar el conocimiento sobre la distribución de *Puya raimondii* en Bolivia, confirmando la presencia de la especie en los departamentos de La Paz, Cochabamba, Potosí y Chuquisaca, entre aproximadamente 3.200 y 4.800 m s.n.m. (CDC-Bolivia, 1998). A partir de revisiones bibliográficas, validación de registros y trabajo de campo, se identificaron poblaciones distribuidas en al menos 20 municipios del país, generándose uno de los mapas de distribución más completos desarrollados hasta la fecha para Bolivia.

Los resultados evidencian que *P. raimondii* presenta una distribución altamente fragmentada, condición previamente señalada para varias especies altoandinas amenazadas de Bolivia (Meneses & Beck, 2005), y asociada principalmente a ecosistemas de puna húmeda y subhúmeda, ocupando laderas rocosas, pajonales y formaciones saxícolas de alta montaña. Varias de las poblaciones registradas se encuentran sometidas a distintos niveles de presión antrópica, particularmente asociados a incendios, pastoreo, expansión agrícola y extracción minera (CDC-Bolivia, 1998).

Uno de los hallazgos más relevantes fue la confirmación de poblaciones con importante regeneración natural en sectores de Chuquisaca, particularmente en Chunca Kancha, donde se registró una alta proporción de individuos juveniles. Este resultado sugiere que las dinámicas poblacionales de la especie pueden variar considerablemente entre regiones y que ciertos factores locales —como tipo de sustrato, presión de disturbio y condiciones microclimáticas— podrían influir directamente en los procesos de establecimiento y reclutamiento.

La actualización de la distribución nacional (Fig. 2) permitió además identificar vacíos de conservación y priorizar áreas estratégicas para futuras acciones de monitoreo y manejo. En este contexto, el Cerro Comanche destacó como una de las poblaciones más importantes y mejor estructuradas registradas en el altiplano paceño.

Figura 2. Mapa de distribución de *Puya raimondii* en Bolivia (elaborado por Enrique Domic, fuente: Plan de acción para la conservación de la Puya raimondii).

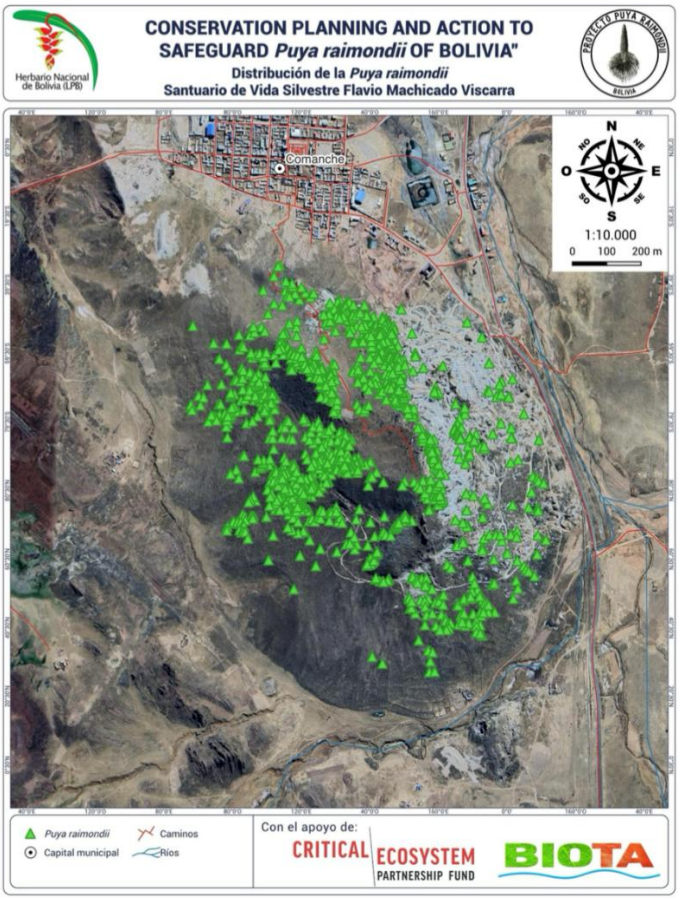


1.2 Ecología y estructura poblacional en el Cerro Comanche

Los estudios desarrollados en el Cerro Comanche permitieron caracterizar detalladamente la estructura poblacional y las condiciones ecológicas asociadas a *Puya raimondii*. El área corresponde a un macizo subvolcánico de diorita hornbléndica, donde la especie se distribuye principalmente sobre laderas rocosas y afloramientos saxícolas, formando comunidades vegetales especializadas junto a cactáceas, helechos rupícolas y gramíneas altoandinas.

Los vuelos con dron y el análisis automatizado de imágenes permitieron identificar 1.536 individuos con diámetro y altura mayores a 0,6 m dentro del área evaluada (Fig. 3). La densidad estimada mediante imágenes aéreas fue de 9,6 individuos/ha para individuos adultos y subadultos, mientras que el análisis de parcelas permanentes mostró una densidad aproximada de 41 individuos/ha considerado todas las clases de tamaño.

Figura 3. Individuos de *Puya raimondii* mayores a 0,6 cm de diámetro, identidicafos en el Cerro Comanche.

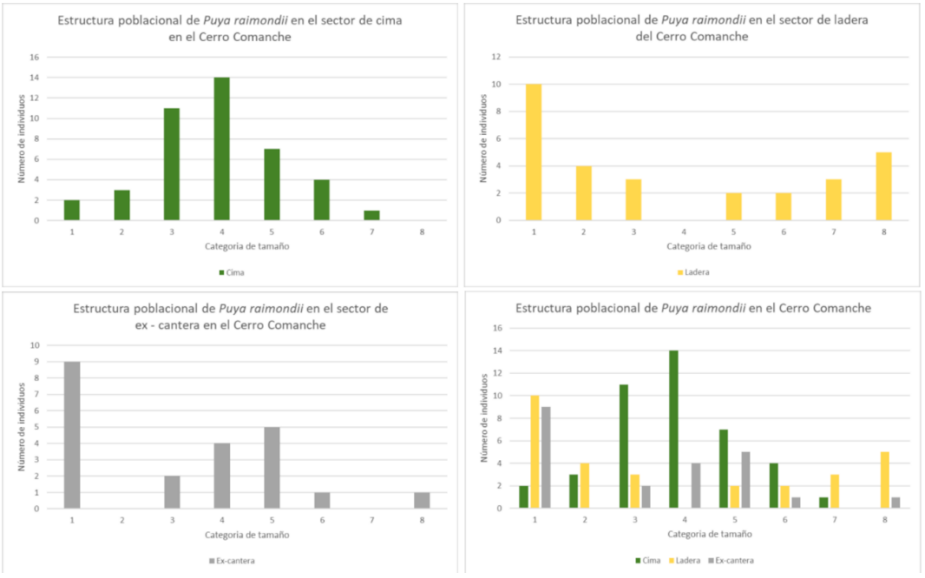


Los resultados mostraron una marcada variación espacial en la abundancia y estructura de la población (Fig. 4). Las mayores densidades se concentraron en sectores rocosos mejor conservados, particularmente en laderas y filos del cerro, mientras que las áreas perturbadas por actividades extractivas presentaron poblaciones más fragmentadas y estructuras incompletas.

El análisis de las parcelas permanentes evidenció diferencias importantes entre sectores conservados y áreas intervenidas. En sitios no perturbados se observó una estructura poblacional relativamente balanceada, con representación de distintas clases de tamaño y presencia frecuente de individuos reproductivos, aspecto esperado en una especie monocárpica de crecimiento lento y floración única (Lineham, 1987). En contraste, las

parcelas ubicadas en sectores afectados por la cantera mostraron menor densidad, ausencia de ciertas categorías de tamaño y signos evidentes de deterioro estructural.

Figura 4. Comparación de la estructura poblacional de *Puya raimondii* en el Municipio de Comanche en base a los sectores de cima, ladera y ex - cantera. Los intervalos para las categorías de tamaño en base al diámetro mayor de la roseta (DMR) son: 1) ≤ 0,5 m, 2) 0.51 – 1 m, 3) 1.01 – 1.5 m, 4) 1.51 – 2 m, 5) 2.01 – 2.5 m, 6) 2.51 – 3 m, 7) 3.01 – 3.5 m, 8) ≥ 3,5 m.



Uno de los resultados más relevantes fue la escasa presencia de plantines en áreas conservadas, en contraste con una mayor cantidad de individuos pequeños observados en suelos removidos por actividades extractivas. Este patrón sugiere que los procesos de establecimiento podrían estar influenciados por factores como competencia con pajonales, disponibilidad de suelo desnudo, acumulación de materia orgánica o cambios microambientales asociados al disturbio.

Asimismo, se registraron evidencias recurrentes de fuego en gran parte de la población, incluyendo daño en individuos juveniles y adultos. Los incendios, sumados al pastoreo y la actividad minera, representan actualmente algunas de las principales amenazas para la regeneración natural de la especie en Comanche.

1.3 Relación entre geología, hábitat y distribución

Uno de los hallazgos ecológicos más importantes del proyecto fue la fuerte asociación de *Puya raimondii* con el macizo subvolcánico diorítico del Cerro Comanche. La especie se encontró principalmente restringida a laderas rocosas y suelos derivados de diorita, estando prácticamente ausente en áreas cercanas dominadas por areniscas y otros tipos de sustrato.

Este patrón podría evidenciar procesos de especialización edáfica local, donde las características físicas y químicas del sustrato influyen directamente sobre el establecimiento y supervivencia de la especie. Los ambientes saxícolas asociados al macizo diorítico presentan además condiciones particulares de drenaje, acumulación de materia orgánica y disponibilidad de microhábitats protegidos, favoreciendo el desarrollo de *P. raimondii* y de varias especies asociadas.

Las características geomorfológicas y climáticas del área también juegan un rol importante en la dinámica ecológica del sistema. El Cerro Comanche presenta pendientes pronunciadas, alta amplitud térmica, baja disponibilidad hídrica y procesos intensos de erosión eólica e hídrica. Estas condiciones extremas contribuyen a limitar el establecimiento de muchas especies vegetales, generando ambientes altamente especializados y de elevada fragilidad ecológica.

2. Biodiversidad asociada y funcionalidad ecológica del ecosistema

2.1 Diversidad florística asociada a *Puya raimondii*

Los relevamientos florísticos realizados en el Cerro Comanche permitieron registrar una elevada diversidad vegetal asociada a las poblaciones de *Puya raimondii*. En total se identificaron 190 especies de plantas vasculares, correspondientes a 51 familias y 127 géneros, incluyendo 182 angiospermas, una gimnosperma y siete especies de helechos.

Las familias con mayor representación fueron Asteraceae, Poaceae, Fabaceae y Cactaceae, características de ambientes altoandinos secos y saxícolas. Varias de las especies registradas forman parte de comunidades vegetales especializadas adaptadas a condiciones extremas de radiación solar, déficit hídrico, bajas temperaturas y suelos rocosos poco desarrollados.

Entre las especies asociadas se identificaron además dos especies endémicas y dos especies categorizadas bajo algún nivel de amenaza, confirmando la importancia del área para la conservación de flora amenazada en Bolivia (Meneses & Beck, 2005) y reforzando la importancia del área como sitio prioritario para la conservación de biodiversidad altoandina.

Uno de los resultados más relevantes fue el registro de 67 especies útiles para las comunidades locales, utilizadas principalmente con fines medicinales, forrajeros, alimenticios y culturales. Este hallazgo evidencia la estrecha relación entre biodiversidad y prácticas tradicionales de uso del territorio, mostrando que la conservación del ecosistema asociado a *Puya raimondii* posee también una dimensión biocultural importante (Antelo, 2014).

2.2 Fauna asociada y relevancia ecológica de la especie

El monitoreo de fauna permitió registrar 66 especies de vertebrados asociadas al ecosistema de *Puya raimondii*, incluyendo 17 mamíferos, 42 aves y siete especies de anfibios y reptiles. Entre las especies registradas se identificaron además tres especies bajo algún nivel de amenaza, reforzando el valor de conservación del área.

Las observaciones de campo evidenciaron múltiples interacciones ecológicas entre *P. raimondii* y la fauna local, coincidiendo con observaciones clásicas realizadas en ecosistemas altoandinos donde las formaciones de *Puya raimondii*funcionan como hábitat y fuente de recursos para distintas especies de aves (Dorst, 1957). Durante la floración, las inflorescencias funcionan como importantes fuentes de néctar y refugio para aves e insectos, aspecto previamente documentado en poblaciones peruanas de la especie (Dorst, 1957), mientras que las estructuras secas proporcionan microhábitats para pequeños vertebrados y artrópodos (Rees & Roe, 1980).

2.3 Fragmentación, disturbio y vulnerabilidad ecológica

A pesar de la elevada diversidad biológica registrada, gran parte del ecosistema evaluado presenta distintos niveles de perturbación asociados a incendios recurrentes, actividad minera, extracción de roca, expansión de caminos y pastoreo intensivo.

Las áreas intervenidas mostraron menor cobertura vegetal, pérdida de continuidad del hábitat y alteraciones en la estructura poblacional de *Puya raimondii*, particularmente en sectores afectados por la cantera. Estas perturbaciones no solo afectan directamente a la especie, sino también a la flora y fauna asociadas, reduciendo la disponibilidad de microhábitats y aumentando los procesos de erosión (Quispe & Núñez, 2020).

Los incendios representan uno de los factores de amenaza más importantes (CDC-Bolivia, 1998) especialmente en ecosistemas altoandinos donde muchas especies presentan elevada vulnerabilidad ecológica (Meneses & Beck, 2005). Se registraron evidencias de fuego en gran parte de las parcelas evaluadas, incluyendo daño en individuos juveniles y adultos, así como pérdida de cobertura vegetal acompañante. Dado el lento crecimiento y largo ciclo de vida de *P. raimondii*, características que incrementan su vulnerabilidad frente a disturbios recurrentes (Lineham, 1987) podrían tener efectos acumulativos severos sobre la dinámica poblacional de la especie.

3. Conservación ex situ, propagación y restauración ecológica

3.1 Recolección y conservación de semillas

Como parte de la estrategia integral de conservación, se desarrolló un componente de conservación ex situ orientado a resguardar material genético de *Puya raimondii* y fortalecer las capacidades técnicas para futuras acciones de restauración y manejo poblacional.

Durante el proyecto se realizaron campañas de recolección de semillas en distintas poblaciones naturales de la especie, priorizando individuos sanos y representativos de diferentes sectores poblacionales. En total se recolectaron más de 20.000 semillas, las cuales fueron procesadas, limpiadas, clasificadas y almacenadas bajo condiciones controladas en el Banco de Semillas del Herbario Nacional de Bolivia.

El procesamiento incluyó evaluación visual de calidad, control de humedad, etiquetado y trazabilidad de las accesiones, permitiendo establecer uno de los primeros esfuerzos sistemáticos de conservación ex situ de *Puya raimondii* en Bolivia.

3.2 Ensayos de germinación y producción de plantines

Paralelamente, se desarrollaron ensayos de germinación en laboratorio e invernadero con el objetivo de evaluar la viabilidad de semillas y optimizar protocolos de propagación para la especie (Fig. 5).

Figura 5. Bandejas de germinación con *Puya raimondii*



Los ensayos incluyeron pruebas en diferentes tipos de sustrato y condiciones controladas de humedad y temperatura, permitiendo identificar condiciones adecuadas para la producción de plantines. A partir de estos procesos se logró producir más de 7.000 individuos en vivero y laboratorio, constituyendo uno de los esfuerzos de propagación más importantes realizados para la especie en Bolivia.

Los resultados evidenciaron una buena capacidad de germinación bajo condiciones controladas, contrastando con la baja presencia de plántulas observada en campo. Esta diferencia sugiere que las limitaciones para el reclutamiento natural podrían estar más relacionadas con condiciones ambientales y ecológicas del hábitat que con problemas intrínsecos de viabilidad de semillas.

Asimismo, los ensayos permitieron identificar factores críticos para el establecimiento temprano de individuos, incluyendo sensibilidad a la humedad excesiva, competencia vegetal y exposición al fuego.

La producción de plantines permitió además establecer una base material para futuras acciones de restauración y repoblamiento en áreas degradadas.

3.3 Implementación de viveros y fortalecimiento técnico

El proyecto contempló la implementación y fortalecimiento de infraestructura destinada a la producción y mantenimiento de plantines de *Puya raimondii*. Para ello se habilitaron viveros equipados con sistemas de riego automatizado, estructuras de sombra y espacios de aclimatación para individuos juveniles.

El monitoreo periódico de los plantines permitió evaluar supervivencia, crecimiento y adaptación a diferentes condiciones ambientales. Adicionalmente, se desarrollaron protocolos básicos de manejo y mantenimiento que podrán ser replicados en futuros procesos de restauración con especies altoandinas.

El establecimiento de viveros tuvo también un importante componente demostrativo y educativo, permitiendo involucrar a estudiantes, técnicos y miembros de la comunidad en actividades prácticas relacionadas con propagación y conservación de especies nativas.

3.4 Restauración y repoblamiento en el Cerro Comanche

A partir de la información ecológica generada durante el proyecto, se identificaron áreas prioritarias para acciones de restauración dentro del Cerro Comanche. Los criterios de selección incluyeron estado de conservación del hábitat, accesibilidad, cercanía a senderos turísticos y potencial para monitoreo comunitario.

En estos sectores se realizaron actividades de reintroducción y repoblamiento utilizando plantines producidos en vivero y laboratorio. Parte de las acciones incluyó la aclimatación progresiva de individuos juveniles y el seguimiento de su establecimiento bajo condiciones naturales.

Las jornadas de plantación fueron desarrolladas con participación activa de comunidades locales, estudiantes, técnicos y autoridades municipales, convirtiéndose además en espacios de sensibilización y apropiación social de los procesos de conservación.

Los resultados iniciales muestran que la producción ex situ y el repoblamiento representan herramientas viables para fortalecer poblaciones vulnerables de *Puya raimondii*, especialmente en contextos donde la regeneración natural se encuentra limitada por disturbios recurrentes.

No obstante, los resultados también evidencian que las acciones de restauración deben ir acompañadas de estrategias de manejo integral del territorio, control de incendios y protección de hábitats, ya que el éxito a largo plazo dependerá directamente de las condiciones ecológicas y sociales del entorno.

3.5 Conservación integrada y perspectivas futuras

Los resultados obtenidos demuestran que la conservación de *Puya raimondii* requiere enfoques integrales que articulen conservación ex situ, restauración ecológica y manejo territorial. La combinación de bancos de semillas, propagación controlada y repoblamiento permitió generar herramientas concretas para reducir el riesgo de pérdida poblacional y fortalecer las capacidades locales de conservación.

Más allá de los resultados técnicos, el proyecto contribuyó a posicionar la propagación y restauración de especies nativas como una estrategia viable dentro de procesos más amplios de conservación y desarrollo sostenible en ecosistemas altoandinos.

Asimismo, la experiencia desarrollada genera una base metodológica importante para futuros programas de recuperación de flora amenazada en Bolivia, particularmente en especies con dinámicas poblacionales lentas y alta vulnerabilidad frente a disturbios ambientales.

4. Educación ambiental intergeneracional, identidad territorial y apropiación social de la conservación

4.1 Implementación del componente educativo

Uno de los componentes más innovadores del proyecto fue el desarrollo de un programa de educación ambiental intergeneracional e igualitaria orientado a fortalecer el vínculo entre la comunidad de Comanche y *Puya raimondii*. A diferencia de enfoques tradicionales basados únicamente en transmisión de información, el componente

educativo se construyó desde metodologías participativas inspiradas en educación popular, Aprendizaje Basado en Juegos (ABJ), Aprendizaje Basado en Proyectos (ABP) e indagación abierta.

Inicialmente se habían planificado 23 actividades educativas; sin embargo, el alcance del componente superó ampliamente las metas previstas, desarrollándose más de 60 sesiones educativas con estudiantes de primaria, secundaria e incluso nivel inicial. Las actividades incluyeron crucigramas temáticos, bingo ecológico, juegos de pares, elaboración de murales, caligramas, mapas ilustrados, pisapapeles pintados, actividades artísticas y ejercicios comparativos de semillas, integrando contenidos ecológicos con dinámicas lúdicas y expresivas.

La participación activa de más de 200 estudiantes permitió ampliar significativamente el alcance del componente educativo, generando espacios de diálogo entre conocimiento científico y saberes locales. Los resultados mostraron además una apropiación progresiva de conceptos relacionados con biodiversidad, ciclo de vida de la especie, fauna asociada y amenazas ambientales.

4.2 Diagnóstico participativo y percepción territorial

Uno de los procesos más relevantes fue la implementación del "mapa ilustrado individual", herramienta utilizada para diagnosticar percepciones, emociones e imaginarios asociados a *Puya raimondii* y su entorno. Esta metodología permitió reconocer que las niñas, niños y jóvenes ya poseían un conocimiento profundamente territorializado sobre la especie y su ecosistema.

El análisis de 67 mapas ilustrados realizados por estudiantes de primaria evidenció una fuerte presencia de elementos vinculados al paisaje local, incluyendo montañas, piedras, pajonales, fauna silvestre y senderos turísticos (Ramsay et al., 2025) . Conforme avanzaban los ciclos escolares, las representaciones se volvían más complejas, incorporando relaciones ecológicas, actividades humanas y reflexiones sobre identidad territorial.

Particularmente en estudiantes de 5to y 6to de primaria, comenzaron a aparecer mensajes explícitos vinculados a conservación, turismo e identidad comunitaria, incluyendo frases como: "La Puya es turística", "La Puya es bonita" o "En la Puya habitan insectos y otros animales". Estas expresiones reflejan no solo reconocimiento biológico de la especie, sino también una apropiación simbólica y cultural del ecosistema (Antelo, 2014).

Asimismo, varios estudiantes incorporaron referencias directas a la actividad extractiva de la cantera y su relación con la vida cotidiana de las familias de Comanche, evidenciando una comprensión temprana de las tensiones existentes entre conservación y actividades económicas locales.

4.3 Aprendizaje lúdico y fortalecimiento del pensamiento ecológico

El uso de metodologías lúdicas permitió fortalecer significativamente la participación estudiantil y el aprendizaje contextualizado. Actividades como "Crucipuya", el "Bingo de la Puya" y los cuadros comparativos de semillas facilitaron la incorporación de conceptos ecológicos complejos mediante dinámicas colaborativas y juegos educativos.

Durante las sesiones educativas, los estudiantes comenzaron a familiarizarse con términos científicos relacionados con ecología y botánica, incluyendo conceptos como dispersión de semillas, monocarpia, inflorescencia y adaptaciones ecológicas. Este proceso permitió reducir la distancia entre lenguaje científico y conocimiento local, generando un aprendizaje más significativo y contextualizado.

Las actividades de observación directa de semillas y estructuras vegetales promovieron además habilidades de análisis crítico, comparación y formulación de hipótesis. En secundaria, las dinámicas de indagación permitieron incluso establecer paralelismos entre el ciclo de vida de *Puya raimondii* y el ciclo de vida humano, fortaleciendo la conexión emocional con la especie.

4.4 Producción artística, memoria colectiva e identidad local

Más allá del aprendizaje técnico, el componente educativo generó importantes procesos de expresión artística y construcción de memoria colectiva. Los estudiantes produjeron

murales, poesías, rimas, dibujos y caligramas inspirados en *Puya raimondii*, integrando elementos ecológicos con narrativas afectivas y territoriales.

Como resultado de este proceso se generó la memoria educativa denominada *"De semillas a gigantes"*, que reúne parte de las producciones desarrolladas por estudiantes de la comunidad. Estas actividades permitieron que la Puya dejara de percibirse únicamente como un elemento del paisaje para convertirse en símbolo de identidad y orgullo local.

Los resultados finales evidenciaron una revalorización explícita de los saberes locales, fortalecimiento de la conexión emocional con el territorio y mayor apropiación colectiva de los procesos de conservación. A diferencia de enfoques educativos centrados únicamente en información técnica, el proceso desarrollado permitió que las actitudes de protección emergieran desde vínculos afectivos, culturales y cotidianos con la especie.

4.5 Educación ambiental como herramienta de conservación biocultural

Los resultados obtenidos muestran que la educación ambiental puede desempeñar un rol central en los procesos de conservación de especies amenazadas, especialmente cuando se construye desde enfoques participativos y territorializados.

En este caso, el componente educativo no solo fortaleció conocimientos sobre biodiversidad, sino que contribuyó a consolidar una narrativa comunitaria donde *Puya raimondii* pasó a ser reconocida como patrimonio natural, símbolo identitario y potencial eje de desarrollo local asociado al turismo y la conservación.

Asimismo, el proceso permitió integrar distintas generaciones, fortalecer la participación equitativa de niñas y niños y promover espacios de diálogo entre comunidad, estudiantes, investigadores y autoridades locales. Esto refuerza la idea de que la conservación efectiva de especies emblemáticas requiere no solo acciones ecológicas, sino también procesos culturales y educativos capaces de transformar la relación entre las personas y su territorio.

5. Turismo comunitario sostenible como estrategia de conservación y desarrollo local

5.1 Construcción participativa del modelo turístico comunitario

Uno de los componentes más innovadores del proyecto fue la articulación entre conservación biológica, fortalecimiento comunitario y turismo sostenible. A diferencia de enfoques tradicionales centrados únicamente en protección ecológica, el proyecto buscó posicionar a *Puya raimondii* como eje de una estrategia de desarrollo territorial basada en identidad local, educación ambiental y generación de ingresos sostenibles.

El diagnóstico turístico realizado en Comanche identificó un total de 18 atractivos turísticos naturales, culturales y gastronómicos con potencial ecoturístico. Entre los principales atractivos destacan el Cerro Comanche y sus poblaciones de *Puya raimondii*, la Laguna Totoral, la Ciudad Vizcacha, aguas termales, formaciones rocosas, patrimonio arquitectónico local y gastronomía tradicional.

La evaluación reveló además una alta predisposición comunitaria hacia el turismo comunitario: aproximadamente el 60% de la población manifestó interés en participar activamente en la iniciativa, con especial protagonismo de mujeres y jóvenes. Este resultado fue particularmente importante debido a que evidencia que la comunidad comenzó a percibir la conservación no como una limitación económica, sino como una oportunidad de desarrollo local.

A partir de este proceso se diseñó la ruta ecoturística "Protectores del Tiempo – Comanche" (Fig. 6), concebida como una experiencia integral que combina interpretación ambiental, patrimonio cultural aymara, gastronomía local y participación comunitaria.

Figura 6. Ruta Turística en Comanche.



5.2 Gobernanza local y organización comunitaria

Como parte del fortalecimiento institucional, se conformó oficialmente la Comisión de Desarrollo Turístico Sostenible de Comanche (CDTC), integrada por representantes comunitarios vinculados a hotelería, transporte, gastronomía, guianza turística, artesanías y promoción local.

La creación de esta comisión representó un paso fundamental para garantizar gobernanza local y sostenibilidad a largo plazo de la iniciativa turística. El reglamento interno elaborado estableció mecanismos participativos de toma de decisiones, funciones específicas y principios orientados al turismo sostenible, inclusión social y conservación ambiental.

5.3 Fortalecimiento de capacidades locales y enfoque de género

El proyecto desarrolló un amplio programa de capacitación comunitaria orientado a preparar a la población para la futura operación turística. En total se implementaron siete módulos teórico-prácticos y tres talleres complementarios, abordando temas como planificación estratégica, marketing turístico, ecoturismo, guianza, hospitalidad, gastronomía, fotografía móvil y artesanía textil.

Las capacitaciones registraron 222 participaciones acumuladas, de las cuales aproximadamente el 64% correspondieron a mujeres, superando ampliamente la meta inicial de participación femenina. Este resultado evidencia que el turismo comunitario generó espacios reales de participación y empoderamiento para mujeres de la comunidad.

Los talleres permitieron fortalecer capacidades técnicas relacionadas con atención al visitante, comercialización, hospitalidad, gastronomía local y producción artesanal. Paralelamente, se realizaron talleres específicos para sectores estratégicos como transporte y tejido artesanal, integrando a distintos actores de la cadena de valor turística.

5.4 Infraestructura turística e interpretación ambiental

Uno de los resultados más visibles del proyecto fue la adecuación de infraestructura turística comunitaria orientada tanto a mejorar la experiencia del visitante como a fortalecer la interpretación ambiental del ecosistema.

El sendero ecoturístico principal fue intervenido en aproximadamente 1.185 metros lineales, incorporando limpieza, delimitación, manejo de pendientes, escalinatas rústicas y áreas de descanso. Estas mejoras permitieron incrementar accesibilidad y seguridad, minimizando simultáneamente impactos sobre la vegetación nativa.

Adicionalmente, se instalaron 15 carteles interpretativos e informativos relacionados con *Puya raimondii*, biodiversidad local y buenas prácticas de visita. La señalética permitió transformar el recorrido turístico en una experiencia educativa e interpretativa, fortaleciendo el componente de sensibilización ambiental.

Como complemento, se implementó un Punto de Información Turística (PIT) en Comanche, concebido como espacio de orientación y promoción de la Ruta "Protectores del Tiempo". El PIT incluyó adecuación de infraestructura, instalación eléctrica, mobiliario y materiales de difusión orientados a consolidar la operación turística comunitaria.

5.5 Construcción de identidad territorial y posicionamiento turístico

El proyecto desarrolló además una estrategia integral de comunicación e identidad visual orientada a posicionar a Comanche como destino turístico emergente asociado a conservación y patrimonio biocultural.

Se creó oficialmente la marca territorial "Comanche Guardianes del Tiempo", inspirada en la longevidad y singularidad ecológica de *Puya raimondii* . La narrativa construida alrededor de esta marca vinculó biodiversidad, identidad cultural y conservación comunitaria, fortaleciendo el sentido de pertenencia local.

Figura 7. Transporte de Comanche con la marca turística.



Las campañas digitales alcanzaron más de 200.000 visualizaciones y miles de interacciones en redes sociales, permitiendo posicionar a Comanche en audiencias urbanas de La Paz y otros sectores interesados en turismo de naturaleza. Asimismo, se

organizaron visitas piloto y reuniones con operadores turísticos para validar la experiencia y generar articulaciones comerciales futuras.

5.6 Turismo regenerativo y conservación biocultural

Los resultados obtenidos demuestran que el turismo comunitario puede constituirse en una herramienta efectiva para fortalecer procesos de conservación biocultural en territorios rurales altoandinos.

Más allá de la generación de ingresos, el proceso permitió revalorizar conocimientos locales, fortalecer identidad territorial y posicionar a *Puya raimondii* como símbolo de conservación y orgullo comunitario. El turismo dejó de ser concebido únicamente como actividad económica y comenzó a integrarse como mecanismo de educación ambiental, gobernanza territorial y fortalecimiento organizativo.

Finalmente, el modelo desarrollado evidencia el potencial de integrar conservación, turismo regenerativo y participación comunitaria en ecosistemas altoandinos amenazados, constituyéndose en una experiencia replicable para otras especies emblemáticas y territorios de Bolivia.

6. Gobernanza territorial, articulación institucional y sostenibilidad de la conservación

6.1 Articulación interinstitucional y fortalecimiento de capacidades locales

Uno de los principales resultados del proyecto fue la consolidación de una red de trabajo interinstitucional orientada a fortalecer la conservación de *Puya raimondii* desde un enfoque territorial e interdisciplinario. La articulación entre instituciones académicas, organizaciones comunitarias, cooperación internacional y entidades gubernamentales permitió integrar capacidades técnicas, científicas y sociales que difícilmente hubieran podido desarrollarse de manera aislada.

El proyecto logró vincular activamente al Herbario Nacional de Bolivia, la Unidad de Biotecnología Vegetal de la Universidad Mayor de San Andrés, BIOTA, SDSN Bolivia, el Missouri Botanical Garden, el Gobierno Autónomo Municipal de Comanche y la Dirección General de Biodiversidad y Áreas Protegidas (DGBAP), generando espacios de coordinación técnica y planificación conjunta.

Los resultados evidencian que la conservación de especies amenazadas en territorios rurales requiere necesariamente enfoques colaborativos y estructuras de gobernanza compartida, particularmente en contextos donde las dinámicas ecológicas se encuentran estrechamente vinculadas con procesos sociales y económicos.

6.2 Avances hacia la consolidación de un modelo de conservación territorial

Uno de los aportes más importantes del proyecto fue la generación de insumos técnicos para fortalecer procesos de conservación territorial en Comanche. Entre estos destacan mapas de distribución y zonificación, diagnósticos ecológicos y turísticos, documentos técnicos de manejo, reglamentos organizativos y herramientas de planificación comunitaria.

La experiencia evidenció que los procesos de conservación tienen mayores probabilidades de sostenibilidad cuando logran generar beneficios tangibles para las comunidades locales. En este caso, la valorización de *Puya raimondii* como patrimonio natural y atractivo turístico permitió transformar gradualmente la percepción local sobre la conservación, vinculándola no solo con protección ambiental, sino también con oportunidades de desarrollo económico y fortalecimiento cultural.

Asimismo, la participación activa de mujeres y jóvenes en actividades educativas, organizativas y turísticas fortaleció procesos de inclusión social y apropiación comunitaria del proyecto, ampliando significativamente su impacto más allá de los objetivos estrictamente ecológicos.

6.3 Limitaciones y desafíos identificados

A pesar de los avances alcanzados, el proyecto permitió identificar importantes desafíos para la conservación de *Puya raimondii* a largo plazo. Entre las principales amenazas persistentes destacan los incendios recurrentes, la expansión de actividades extractivas, el deterioro del hábitat y la limitada disponibilidad de recursos económicos y técnicos para el monitoreo continuo de las poblaciones.

En términos sociales y organizativos, el proyecto evidenció que el fortalecimiento del turismo comunitario y las iniciativas de conservación requiere procesos sostenidos de

capacitación, acompañamiento técnico y consolidación organizativa para garantizar su viabilidad futura.

6.4 Conservación integral y proyección futura

Los resultados obtenidos muestran que la conservación de *Puya raimondii* no puede abordarse únicamente desde la protección de individuos o poblaciones aisladas, sino que requiere estrategias integrales capaces de articular ciencia, educación, gobernanza local y alternativas sostenibles de desarrollo.

El proyecto permitió posicionar a *Puya raimondii* como símbolo de identidad territorial y eje articulador de procesos comunitarios vinculados a conservación y turismo regenerativo. Más allá de los indicadores técnicos alcanzados, uno de los principales logros fue probablemente haber fortalecido el vínculo entre la comunidad y su patrimonio natural, promoviendo nuevas formas de valoración y apropiación del territorio.

Conclusiones

El proyecto desarrollado en torno a *Puya raimondii* constituye uno de los esfuerzos más integrales de conservación de flora amenazada realizados recientemente en Bolivia, articulando investigación científica, conservación ex situ, restauración ecológica, educación ambiental, turismo comunitario y fortalecimiento institucional bajo un enfoque interdisciplinario. Los resultados permitieron actualizar el conocimiento sobre la distribución y estructura poblacional de la especie, identificar amenazas críticas para su conservación y generar herramientas concretas para su recuperación, incluyendo producción de plantines, recolección de semillas y acciones de restauración. Asimismo, el trabajo desarrollado en el Cerro Comanche evidenció la importancia ecológica de este ecosistema altoandino y su elevada biodiversidad asociada.

Más allá de los resultados técnicos, el proyecto demostró que la conservación puede convertirse en una herramienta de transformación territorial cuando integra participación comunitaria, educación e iniciativas económicas sostenibles. La creación de

la Ruta "Protectores del Tiempo", el fortalecimiento de capacidades locales y la amplia participación de mujeres y jóvenes permitieron consolidar a *Puya raimondii* como símbolo de identidad y conservación en Comanche. En conjunto, la experiencia desarrollada muestra el potencial de integrar ciencia, comunidad y turismo regenerativo en estrategias replicables para la conservación de especies amenazadas en Bolivia.

Agradecimientos

Agradecemos profundamente a la comunidad de Comanche por abrirnos las puertas de su territorio, compartir sus conocimientos y participar activamente en las distintas etapas del proyecto. Su compromiso fue fundamental para el desarrollo de las actividades de campo, educación ambiental, restauración, turismo comunitario y gestión local.

Expresamos nuestro agradecimiento a las instituciones aliadas que hicieron posible este trabajo: BIOTA, el Herbario Nacional de Bolivia, la Universidad Mayor de San Andrés, la Unidad de Biotecnología Vegetal, SDSN Bolivia, la Universidad Privada Boliviana, el Missouri Botanical Garden, el Gobierno Autónomo Municipal de Comanche, ORBITA y la Dirección General de Biodiversidad, y Áreas Protegidas. Agradecemos también a los consultores, técnicos, estudiantes y colaboradores que contribuyeron con información científica, trabajo de campo, educación ambiental, restauración, comunicación y turismo comunitario.

Este proyecto fue financiado por el Critical Ecosystem Partnership Fund (CEPF), con apoyo del programa de los Andes Tropicales financiado por el Gobierno de Canadá a través de Asuntos Globales Canadá. Agradecemos el respaldo brindado para fortalecer la conservación de *Puya raimondii* en Bolivia y promover un modelo de trabajo que integra ciencia, comunidad, restauración y desarrollo local sostenible.

Referencias bibliográficas

- Antelo, S. (2014). *Puya raimondii (T'ikatanka, Jatun Qhayra) protegida por los saberes del Ande*. Sol de Pando. https://www.soldepando.com
- CDC-Bolivia (Centro de Datos para la Conservación). (1998). *Estado y conservación de Puya raimondii Harms: Evaluación y sugerencias para un plan de acción*. CDC-Bolivia.
- Dorst, J. (1957). The Puya stands of the Peruvian high plateau as a bird habitat. *Ibis, 99*, 594–599.
- Lineham, T. (1987). Once in a lifetime bromeliad. *Journal of the Bromeliad Society, 47*, 178–179.
- Meneses, R. I., & Beck, S. (2005). *Especies amenazadas de la flora de Bolivia*. Conservación Internacional & Fundación PUMA.
- Navarro, G., & Ferreira, W. (2007). *Mapa de vegetación de Bolivia* (Escala 1:250.000). The Nature Conservancy.
- Pedrotti, F., & Venanzoni, R. (1986). Observaciones fitogeográficas sobre *Puya raimondii* Harms en Bolivia. *Documents Phytosociologiques, 10*(2), 1–9.
- Quispe, W. R., & Núñez, E. (2020). Distribución potencial de *Puya raimondii* Harms en futuros escenarios de cambio climático. *Revista de Investigaciones Altoandinas, 22*(2), 170–181.
- Ramsay, P. M., Prado, G. E., Tumi, L., Vadillo, G. P., & Suni, M. L. (2025). Topography, seed dispersal, and climate change reduce future habitat for an endangered tropical high-altitude plant. *Biological Diversity, 2*, 95–105.
- Rees, W. E., & Roe, N. A. (1980). *Puya raimondii* (Pitcairnioideae, Bromeliaceae) and birds: An hypothesis on nutrient relationships. *Canadian Journal of Botany, 58*, 1262–1268.
- Ríos, R., & Khan, B. (1998). List of ethnobotanical uses of Bromeliaceae. *Journal of the Bromeliad Society, 48*, 75–87.

DEFORESTACIÓN Y RESILIENCIA DEL BOSQUE EN LA AMAZONIA BOLIVIANA

(Plenaria)

Rafaela M. Molina-Vargas1,2*, Isabelle Gounand1, Jérôme Mathieu1, Kazuya Naoki2, Anne-Sophie Lafuite3, Elisa Thébault1

rafaelamaica.molinavargas@ird.fr

Sorbonne Université, CNRS, UPEC, IRD, INRA, Institut d'écologie et des sciences de l'environnement, IEES, F-75005 Paris, France.
Instituto de Ecología, Universidad Mayor de San Andrés, Calle 27 Cota Cota, La Paz, Bolivia.
Theoretical and Experimental Ecology Station, CNRS, 2 route du CNRS, 09200 Moulis, France.

Semblanza:

Estudió biología en la Universidad Mayor de San Andrés. Trabajó en ecología, realizando un análisis biogeográfico de reptiles durante la tesis de licenciatura. Fue ayudante en la Colección Boliviana de Fauna e investigadora junior en la Red de Investigadores en Herpetología – Bolivia. También fue co-Coordinadora general del capítulo boliviano de la Red Global de Juventudes por la Biodiversidad, organizando eventos y participando en la COP15 (CBD). En 2024 ganó una beca Campus France con la que estudió una maestría en Biología Molecular y Celular en la Universidad de La Sorbona. Realizó una pasantía con el laboratorio de Genética y Evolución del Instituto Jacques Monod de París.

Resumen

La cuenca amazónica alberga el mayor bosque tropical, es territorio de comunidades indígenas, y un elemento clave del sistema climático. Este sistema socio-ecológico enfrenta cambios climáticos y una creciente deforestación. El objetivo de este trabajo fue esclarecer las dinámicas de deforestación y resiliencia del bosque a través de análisis de datos espacio-temporales en la Amazonia Boliviana (MapBiomas Bolivia). Primero

evalué el rol de las áreas protegidas y de la tenencia de tierra en la deforestación entre 2011 y 2021. En segundo lugar, investigue los factores que influencian la resiliencia del bosque utilizando un enfoque novedoso que considera la resiliencia como la probabilidad de recuperación a un estado de bosque tras el abandono de actividades agrícolas, desde 1985 hasta 2021. Para ambos casos aplique un modelo lineal generalizado mixto, con dimensión espacial para el primer objetivo, y también temporal para el segundo. Mis resultados permiten concluir que las áreas protegidas, los territorios indígenas y las tierras públicas limitan el riesgo de deforestación en la Amazonía boliviana en comparación con la mayoría de las categorías de propiedades privadas. Por otro lado, mi trabajo revela que la Amazonia boliviana muestra menos resiliencia en las últimas dos décadas que entre 1985 y 2000. La resiliencia aumenta con la cobertura forestal adyacente y la tendencia de incremento de la misma. También, aunque en menor medida, influyen la precipitación, la duración y tipo del uso agropecuario previo. Siendo menor la regeneración cuando estuvo dominado por pastizales antes del abandono, mientras que los paisajes agrícolas más diversos aumentan ligeramente la resiliencia. Frente a los intentos de transformar regresivamente los derechos de propiedad en Bolivia mi trabajo resalta el rol de los territorios indígenas y de las áreas protegidas limitando la deforestación, y también evidencia que la resiliencia del bosque depende mucho de la continuidad del paisaje.

Palabras clave: Amazonia boliviana, deforestación, tenencia de tierra, agricultura, resiliencia del bosque.

1. Introducción

La cuenca amazónica alberga el mayor bosque tropical, uno de los más biodiversos y al mismo tiempo territorio de comunidades indígenas (Jenkins et al., 2013; Science Panel for the Amazon, 2021) que también es un elemento crucial en el sistema climático terrestre (Maslin et al., 2005). Este sistema enfrenta a la vez cambios climáticos y una creciente deforestación (Davidson et al., 2012; Malhi et al., 2008), que están reduciendo

las precipitaciones (Smith et al., 2021) e intensificando tanto las épocas secas como húmedas (Qin et al., 2025; Thiery, 2025) especialmente en la región sudoeste donde se encuentra Bolivia.

Un reciente artículo de revisión identificó la expansión agrícola como la principal causa inmediata de la deforestación en la Amazonia, específicamente la agricultura a gran escala, que incluye la ganadería y cultivos de "commodities" como la soja y la palma aceitera (Hänggli et al., 2023) . Sin embargo, esta revisión señaló que la mayoría de los estudios sobre la deforestación en la Amazonía se han centrado en Brasil, aun si ciertos factores que impulsan la deforestación relacionados con la expansión agrícola pueden variar entre regiones y países. En Bolivia entre 1992 y 2022 la ganadería y la agricultura mecanizada especialmente de soya fueron responsables de entre 80 y 90 % de la deforestación (Müller et al., 2013, 2014, 2024). Para concebir políticas que permitan reducir la deforestación y conservar el bosque y los territorios indígenas es fundamental entender los diferentes factores relacionados con la expansión agrícola. El uso de suelos y la deforestación han sido relacionados a la tenencia de la tierra, que siendo el derecho legal al acceso y uso de tierra delimitada, ha influenciado las industrias extractivas y la expansión de la agricultura en el sur global (Rudel & Hernandez, 2017). Estudios en Brasil, han destacado que la deforestación está relacionada con la tenencia de la tierra, con mayores tasas de conversión de bosque a agricultura y mayores áreas deforestadas en tierras privadas y sin título claro (Camara et al., 2023; Pacheco & Meyer, 2022). Sin embargo, en Bolivia esta relación entre deforestación y tenencia de la tierra ha sido menos estudiada, con algunos estudios principalmente a escala subnacional, en Beni (Bottazzi & Dao, 2013; Paneque-Gálvez et al., 2018) y Boillat et al. (2022) que analizan pérdida de bosque a escala nacional. También resulta importante entender la relación del tipo de uso de suelo agrícola como producción de soya o pastizales con el tipo de propiedad y a su vez la relación con la deforestación de bosque primario o secundario.

Por otro lado, así como entender la dinámica de deforestación, es fundamental entender la resiliencia del bosque amazónico tras perturbaciones como usos de suelo

agropecuarios. La resiliencia del bosque puede ser definida como la tasa de recuperación tras una perturbación (Pimm, 1984). Sin embargo, esta tasa es raramente medida. En cambio, se usa como indicador o proxy más frecuente la autocorrelación temporal de las series temporales de índices de vegetación medidos por satélite (Verbesselt et al., 2016). Se ha demostrado que esta autocorrelación temporal tiene una correlación negativa con la resiliencia forestal (es decir, «desaceleración crítica» (Scheffer et al., 2009)). En este sentido, estudios recientes han revelado la continua desaceleración de las tasas de recuperación de los árboles de los bosques tropicales en la región amazónica (Boulton et al., 2022; Forzieri et al., 2022).

Si bien la autocorrelación temporal es un indicador de resiliencia (Dakos & Bascompte, 2014; Kéfi et al., 2013), no mide por sí sola la tasa de recuperación tras una perturbación, especialmente en el contexto de grandes perturbaciones como la deforestación o los incendios. Por lo tanto, para comprender mejor como la resiliencia del bosque varia espacio-temporalmente los estudios existentes deben complementarse con otras medidas de resiliencia de los bosques tropicales, especialmente en el contexto de las crecientes presiones de deforestación, principalmente relacionadas con el uso de tierras agrícolas. Por ello para estudiar la resiliencia en la Amazonia Boliviana aplicamos un enfoque novedoso midiendo directamente la probabilidad de recuperación de bosque tras el abandono de actividades agrícola

La disponibilidad de datos espacio-temporales de cobertura y uso de suelo *MapBiomas Bolivia* (https://bolivia.mapbiomas.org/) ofrece una valiosa oportunidad para estudiar tanto la dinámica de la deforestación reciente como la resiliencia del bosque. Cada uno de esos aspectos corresponden a un capítulo de mi tesis de doctorado y son los que desarrollo aquí en conjunto. Asi los objetivos del presente trabajo son los siguientes: 1. Estudiar la relación entre tenencia de tierra y deforestación en Bolivia entre 2012 y 2021, así como su relación con usos agropecuarios de los suelos, y 2. Explorar la variación espacial y temporal de la resiliencia, así como los factores climáticos y humanos que la influencian

2. Materiales y Métodos

Tanto para explorar la dinámica de deforestación en la Amazonia Boliviana como para estudiar la resiliencia del bosque se usaron los datos de la colección 2 de la Serie anual de Mapas de Cobertura y Uso del Suelo de MapBiomas Bolivia (2022) (https://bolivia.mapbiomas.org/). Para los análisis estadísticos de ambos casos utilicé un modelo espacial Generalizado Linear de Efectos Mixtos (GLMMs) que permite incluir coeficientes de variación espacial y temporal (Thorson et al., 2023). La descripción del manejo de los datos y los análisis estadísticos específicos los describo a continuación para cada objetivo.

2.1 Tenencia de tierra y deforestación en la Amazonia Boliviana

Datos

Se descargaron datos raster para cada año entre 1985 y 2021 con una resolución de 30x30 m del sitio web (https://bolivia.mapbiomas.org/) . Estos datos que incluyen categorías de uso del suelo permiten medir las tasas de conversión de bosque a agricultura. También se descargaron los datos anuales de cobertura de soja de 2001 a 2023 de Song et al. (2021) para cada año entre 2012 y 2021 (https://glad.umd.edu/projects/commodity-crop-mapping-and-monitoring-south-america).

Los datos de tenencia de la tierra se basaron en la información del año 2013 del Instituto Nacional de Reforma Agraria (INRA), y los datos de áreas protegidas hasta el año 2024 provenían del SERNAP. Ambos conjuntos de datos estaban disponibles en el portal de datos espaciales de Bolivia "GeoBolivia" (https://geo.gob.bo). Además, se utilizaron covariables relacionadas con la aptitud agrícola (precipitación, pendiente), la presencia humana (densidad de población) y la accesibilidad (estimada mediante la distancia a la ciudad más cercana, siguiendo a Pacheco & Meyer (2022).

Los datos de la precipitación anual promedio (BIO12) se obtuvieron de WorldClim con una resolución de aproximadamente 1 km^2 (Hijmans et al., 2005) (http://www.worldclim.org). La pendiente se calculó con el paquete terra a partir del Modelo Digital de Elevación (MDE) también obtenido de WorldClim (Hijmans, 2025). Los

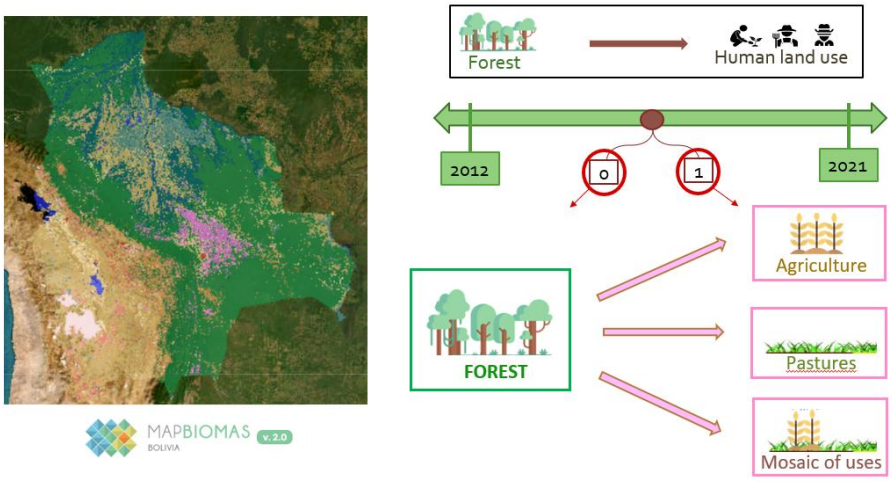
datos de densidad de población a 1 km² para el período entre 1975 y 2020 son datos abiertos de la Unión Europea (Schiavina et al., 2023). El tiempo de viaje a la ciudad más cercana, con una resolución de 1 km² para el año 2015, se obtuvo de la Estación de Datos de Ciencias Físicas y Técnicas (Weiss, 2024).

Las capas de cada variable se rasterizaron a una cuadrícula de 1x1 km y debido a la disponibilidad de algunas variables explicativas no se utilizaron datos temporales solo promedios entre 2012 y 2021.

Caracterización de conversiones

Primero, se seleccioron unicamente los puntos que fueron clasificados como bosque en el año inicial 2012. Los puntos que cambiaron al menos una vez en el período 2012-2021 a una categoría agrícola (pastizal, agricultura o mosaico de usos) fueron luego categorizados como "deforestados" y se les asignó un valor de 1. A los puntos restantes se les asignó un valor de 0 (Fig. 1).

Figura 1. Transición de bosque a agricultura (deforestación).



Para analizar la importancia relativa de la producción de soja y pastizales en los puntos deforestados durante 2012-2021 primero calculamos para cada uno de estos puntos el número de años durante los cuales pertenecieron a una categoría agrícola en este período (es decir, pastizal, agricultura o mosaico de usos). Para determinar la importancia relativa de la producción de soja y los pastizales sobre el período total de

uso agrícola en cada punto deforestado, calculamos luego el número de años como pastizal o como cultivo de soja durante el mismo período de tiempo. La base de datos final contenía para cada punto deforestado el número de años como cultivo de soja y como pastizales, y el número total de años correspondientes a todo uso agrícola.

Análisis estadísticos

Para explorar la influencia de la tenencia de la tierra, la protección y otras variables sobre cuatro variables respuestas relacionadas con la deforestación, utilizamos modelos lineales generalizados mixtos con distribución binomial de enlace logit, porque nuestras variables respuesta por punto eran o bien binarias (0-1) o bien proporciones correspondientes al número de ocurrencias de un número total de observaciones. Las cuatro variables respuesta que estudiamos son: 1. La probabilidad de que un sitio sea deforestado durante el período 2012-2021 debido a la conversión de bosque a agricultura 2. la proporción de tiempo dedicado al cultivo de soja durante el período de uso agrícola en los sitios deforestados; y 3. la proporción de tiempo dedicado a pastizales durante el período de uso agrícola en el punto deforestado. Para cada una de estas tres variables respuesta, consideramos la tenencia de la tierra como efectos fijos categóricos en los modelos (6 niveles: "tierras indígenas", "propiedades colectivas", "propiedades privadas grandes", "propiedades privadas pequeñas", "propiedad pública y otras", "tenencia de la tierra indefinida"), y la protección de la tierra (2 niveles: "protegida" vs. "no protegida"). Además de estas dos variables explicativas, incluimos en todos los modelos 4 covariables como efectos fijos continuos: precipitación anual, pendiente del terreno, densidad de población y distancia a la ciudad más cercana.

Consideramos la estructura espacial de los datos, incluyendo la autocorrelación espacial, mediante un Modelo de Densidad Espacial (Spatial Density Model) ajustado a través del paquete de R: *sdmTMB* (Anderson et al., 2024). sdmTMB es un marco de modelado lineal mixto generalizado que permite investigar cómo la influencia de una variable explicativa varía geográficamente (modelos con Coeficientes Espacialmente Variables, en adelante SVC, Thorson et al., 2023).

Para evaluar la influencia de la tenencia y la protección de la tierra en las variables respuesta, y sus variaciones en el espacio, comparamos modelos con todas las variables como efectos fijos y también incluyendo efectos espacialmente variables de la protección y la tenencia de la tierra, siendo este último, en adelante denominado "modelo espacializado". Los modelos se compararon en función de su AIC, indicando el modelo con el AIC más bajo el mejor modelo. En todos los modelos, los efectos de las diferentes categorías de tenencia de la tierra se estimaron tomando la "tenencia de la tierra indefinida" como referencia para la comparación.

2.2 Resiliencia del bosque en la Amazonia Boliviana

Para investigar la resiliencia aplicamos un enfoque novedoso midiendo directamente la probabilidad de recuperación de bosque tras el abandono de actividades agrícolas, basándonos en los datos espacio-temporales a gran escala de cobertura del suelo de MapBiomas para la Amazonía boliviana entre 1985 y 2021 (Mapbiomas Bolivia, 2022; Souza et al., 2020). Todos los otros datos se obtuvieron de fuentes de datos abiertas.

Datos

Se descargaron datos raster para cada año entre 1985 y 2021 con una resolución de 30x30 m del sitio web de MapBiomas (https://bolivia.mapbiomas.org/). Los datos de cobertura del suelo se rasterizaron luego a una cuadrícula de 1x1 km, debido al tiempo de computación para un modelo espacial. Los datos incluyen una serie de categorías de uso o cobertura del suelo, que incluyen: Cobertura de vegetación natural -diferenciando bosque, bosque abierto, bosque inundable, pradera/arbustal inundable, etc- y uso agrícola, separando pastizal, agricultura y mosaico de usos.

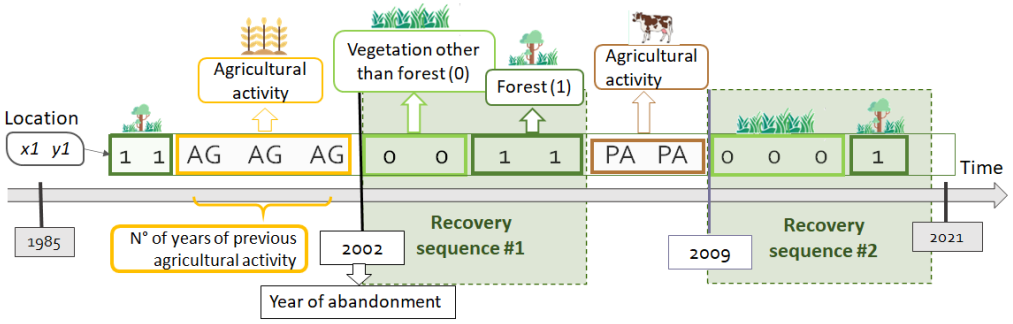
Los datos de cobertura del suelo de MapBiomas se utilizaron para estimar la resiliencia del bosque después del abandono agrícola, así como las covariables que caracterizan la presión agrícola previa (tipo y duración de la actividad agrícola) y la proporción de cobertura forestal en el paisaje. Adicionalmente se descargaron datos de precipitación mensual entre enero de 1985 y diciembre de 2021 de CHIRPS. La precipitación anual se calculó luego para cada año entre 1985 y 2021 como la suma de la precipitación mensual.

La resolución de este conjunto de datos es de 5 km x 5 km, y utilizamos el paquete de R SeaVal para descargar estos datos para nuestra área de estudio.

Caracterización de la resiliencia forestal y de las covariables paisajísticas, climáticas y agrícolas

Para estimar la resiliencia del bosque después del abandono agrícola, construimos un conjunto de datos mostrando todas las sucesiones de cobertura de vegetación natural tras la transición de agricultura a vegetación natural (Fig. 2). Primero, seleccionamos solo los puntos que fueron clasificados como bosque en el año inicial 1985. Luego, en los puntos donde ocurrió un evento de deforestación, detectamos cada transición desde el uso agrícola (ya sea pastizal, agricultura o mosaico de usos) a una cobertura de vegetación natural (ya sea bosque, bosque abierto, bosque inundable, pradera/arbustal inundable, etc) guardando información sobre: la ubicación (coordenadas en el espacio), el año en el que ocurrió la transición (es decir, el año de abandono de la actividad agrícola) así como el número de años de la actividad agrícola previa y el tipo predominante (más frecuente) de actividad agrícola (pastizal, agricultura o mosaico de usos) (Fig. 2). Para cada transición agricultura-vegetación natural, registramos luego la secuencia de recuperación de la vegetación siempre y cuando la cobertura del suelo correspondiera a vegetación natural en los 10 años siguientes desde el año de abandono. Una secuencia de recuperación comienza en el año de abandono de una actividad agrícola y termina en el próximo uso agrícola del suelo (Fig. 2). Para cada año de una secuencia de recuperación de vegetación dada, registramos el número de años desde el abandono y si la vegetación natural corresponde a un estado de bosque (valor = 1) o a otro estado de vegetación (valor = 0).

Figura 2. Cambios de uso de suelos a través de los años en una ubicación especifica.



B. Corresponding data table

x	y	Sequence ID	Year of abandonment	Number of years since abandon	Forest recovery	Type of agriculture activity	Year	Number of years of the previous agricultural activity
x1	y1	1	2002	0	0	AG	2002	3
x1	y1	1	2002	1	0	AG	2003	3
x1	y1	1	2002	2	1	AG	2004	3
x1	y1	1	2002	3	1	AG	2005	3
x1	y1	2	2009	0	0	PA	2009	2
x1	y1	2	2009	1	0	PA	2010	2
x1	y1	2	2009	2	0	PA	2011	2
x1	y1	2	2009	3	1	PA	2012	2

Para cada píxel involucrado en una secuencia de recuperación del bosque, se extrajo la proporción de bosque en un área de influencia de 5 km dentro de una ventana de 9 años, es decir, cada año desde 4 años antes del inicio de la secuencia hasta 4 años después. Posteriormente, se calculó la proporción forestal media dentro de estos 9 años para caracterizar la proporción promedio de bosque circundante. En segundo lugar, para caracterizar la tendencia temporal de la cobertura forestal, se ajustó un modelo lineal generalizado a los datos de 9 años y se registró la pendiente de la relación entre la proporción forestal y el tiempo. Esto se realizó para cada secuencia de recuperación de la vegetación.

Se siguió un proceso similar para incorporar la precipitación media anual en el mismo buffer de 5 km y su tendencia temporal en un período de 9 años. Sin embargo, utilizamos modelos lineales (y no modelos lineales generalizados, como en el caso de la proporción forestal) para estimar la pendiente de las relaciones entre la precipitación anual y el año.

Análisis estadísticos

Todos los análisis estadísticos se realizaron en R (R Core Team, 2024). Para explorar la resiliencia forestal en el espacio y el tiempo, utilizamos un modelo lineal mixto

generalizado espacial y temporal con distribución binomial logit-link, ya que nuestra variable de respuesta es binaria. Estudiamos la probabilidad de recuperación a un estado forestal en función del número de años transcurridos desde el abandono de la agricultura, considerando la estructura temporal y espacial de los datos mediante el enfoque del paquete R sdmTMB (S. C. Anderson et al., 2024).

Nuestro análisis se realizó en dos pasos. Primero, para describir las variaciones temporales y espaciales de la tasa de recuperación del bosque, incluimos únicamente el número de años transcurridos desde el abandono como variable explicativa. Esto se incluyó como un efecto fijo, así como efectos temporales y espaciales variables en el mismo modelo, lo que permitió estimar cómo varían en el espacio y el tiempo. En segundo lugar, añadimos covariables al modelo como efectos fijos para evaluar el efecto de la presión agrícola, las lluvias y la proporción de bosque en la recuperación del bosque secundario. Estas covariables son: 1. Duración de la actividad agrícola antes del abandono; 2. Tipo de actividad agrícola predominante (pastizal, agricultura o mosaico de usos) antes del abandono; 3. Proporción media de bosque en el paisaje circundante; 4. Pendiente de la tendencia temporal de la proporción de bosque; 5. Precipitación media; y 6. Pendiente de la tendencia temporal de la precipitación.

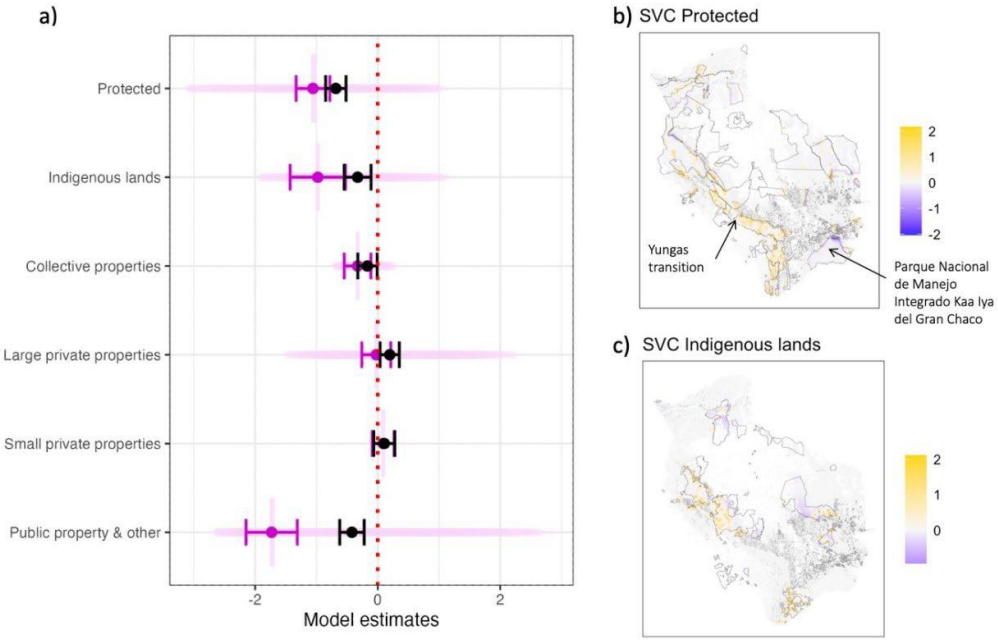
3. Resultados

3.1 Tenencia de tierra y deforestación en la Amazonia Boliviana

La deforestación entre 2013 y 2021 ocurrió en el 5,25% del área total y se concentró principalmente en la parte sureste (Figura 2.1c). Las áreas no protegidas bajo gran tenencia privada enfrentan una deforestación más fuerte (22,5%). Debido a la clara variación espacial de la deforestación para las áreas protegidas y las tierras indígenas, los modelos que incluyen esas dos variables como efecto de variación espacial tuvieron un mejor desempeño (Anexo 1). Estos modelos muestran que los sitios en áreas protegidas, tierras indígenas y la categoría "propiedad pública y otras" tuvieron una menor probabilidad de ser deforestados que las tierras con propiedad indefinida (Figura 3). En

menor medida, las propiedades colectivas también tuvieron una menor probabilidad de deforestación, mientras que las grandes propiedades privadas tuvieron una mayor probabilidad de ser deforestadas.

Figura 3. Resultados de los modelos espacializados (en rosa) y no espacializados (en negro). (a) Resultados. Los puntos y las barras de error representan las estimaciones e intervalos de confianza de los efectos de la protección y las diferentes categorías de tenencia de la tierra, tomando como referencia la categoría "no protegida" y "propiedad indefinida". Los valores negativos corresponden a menores probabilidades de deforestación que la referencia. (b). Efectos de la protección que varían espacialmente; los valores negativos en azul corresponden a una mayor disminución en la probabilidad de deforestación que la predicha por el efecto fijo promedio estimado por el modelo (en rosa). Los polígonos representan las áreas protegidas (c). Efectos de las tierras indígenas que varían espacialmente, los valores negativos en azul (positivos en amarillo) corresponden a una mayor (menor) disminución en la probabilidad de deforestación que la predicha por el efecto fijo promedio. Los polígonos representan las tierras indígenas. En ambos paneles b y c, los puntos grises corresponden a los puntos deforestados observados.

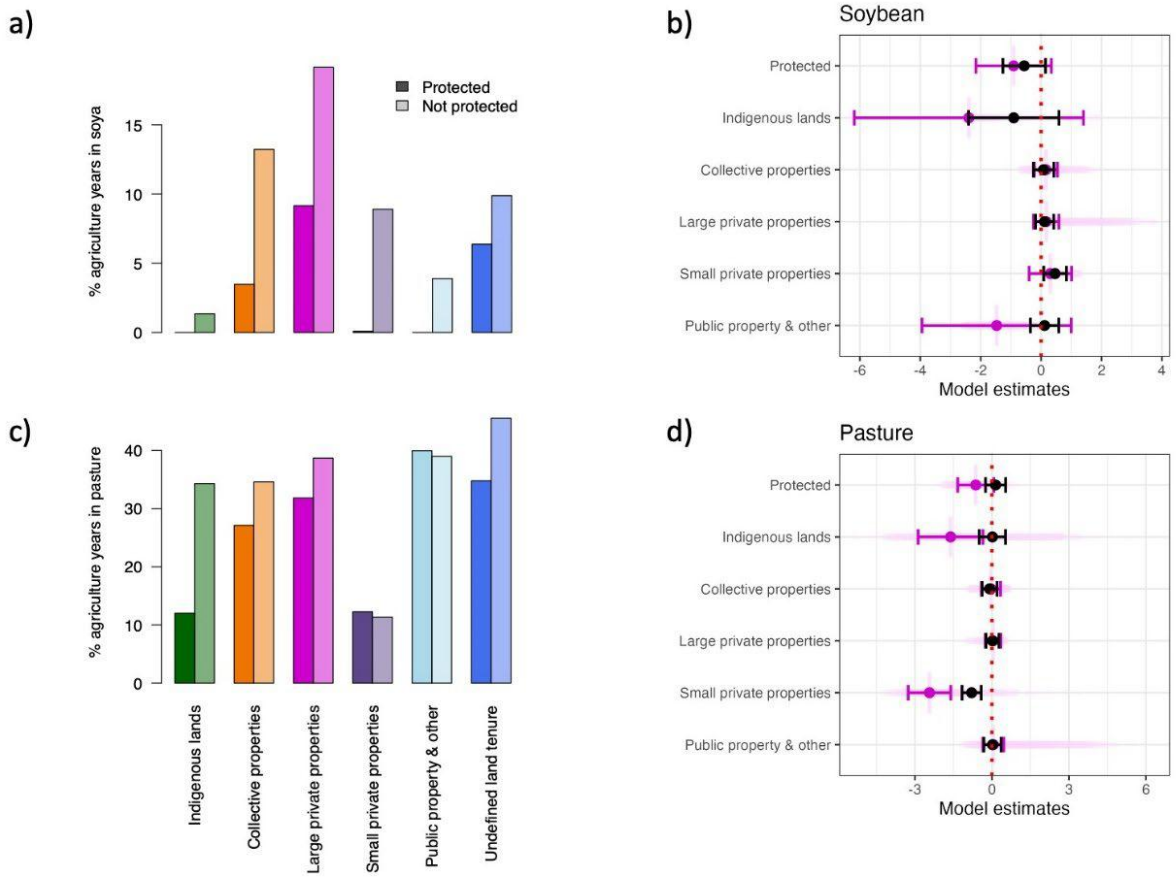


Las grandes propiedades privadas y las tierras de propiedad colectiva sin protección mostraron la mayor deforestación relacionada con la soja en proporción a su superficie, con un 19,2% y un 13,2% de los años de uso agrícola dedicados al cultivo de soja después de la deforestación, respectivamente (Figura 4), mientras que esta cifra representa solo el 1,2% en tierras indígenas o el 3,7% en tierras públicas y otras formas de propiedad. Sin embargo, la tenencia y la protección de la tierra no afectaron significativamente la proporción de deforestación relacionada con la soja.

En cuanto a la deforestación relacionada con los pastizales, esta afectó a todas las categorías de tenencia, aunque las grandes propiedades privadas, las categorías de "propiedad pública y otras" y las tenencias indefinidas presentaron, en general, una mayor superficie deforestada destinada a pastizales, con alrededor del 40% de los años de uso agrícola dedicados a pastizales (Figura 4), mientras que en las pequeñas propiedades esta cifra es solo del 11,4%. Las pequeñas propiedades se caracterizaron por una deforestación relacionada a pastizales significativamente menor que las tierras sin propiedad definida (Figura 4). Las tierras indígenas también tuvieron una cantidad significativamente menor de deforestación relacionada a pastizales, pero sólo teniendo en cuenta la variación espacial en la tenencia de la tierra y los efectos de protección.

Figura 4. Deforestación relacionada a la soya (arriba) y a los pastizales (abajo). (a) y (c) muestran solo para los sitios deforestados el porcentaje de años de uso agrícola en soja o pastizales, respectivamente, para cada combinación de categoría de tenencia de la tierra (colores) y estado de protección de la tierra (colores más oscuros: protegida; colores más claros: no protegida). (b) y (d) muestran los resultados de los modelos espacializados (en magenta) y no espacializados (en negro) para la deforestación relacionada con la soja o la pastura en la Amazonía boliviana entre 2012 y 2021. Los puntos y las barras de error representan las estimaciones e intervalos de confianza de los efectos de la protección y las diferentes categorías de propiedad de la tierra. Los valores negativos corresponden a una probabilidad menor de que los puntos deforestados se

conviertan en (b) cultivos de soja o (d) pasturas durante el período de uso agrícola que la referencia, lo contrario para los valores positivos.



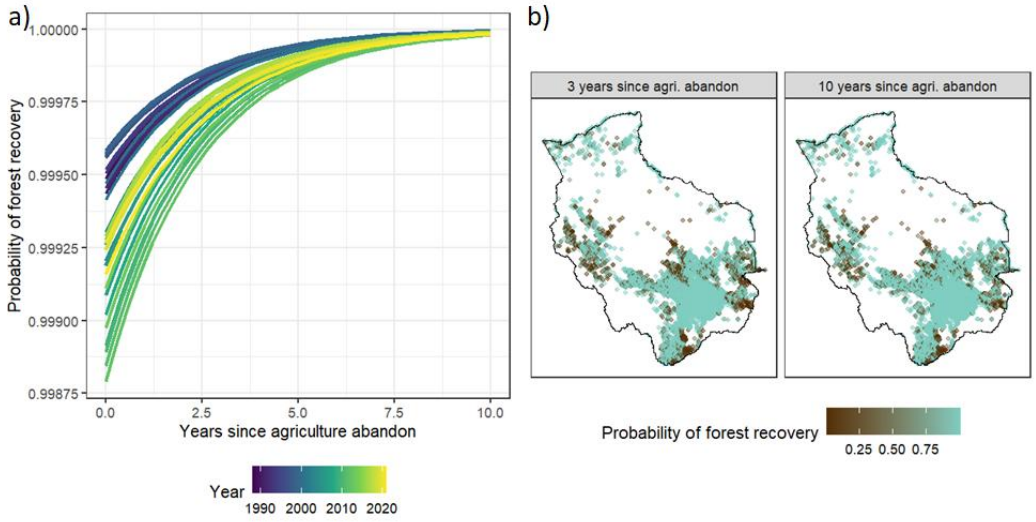
3.2 Resiliencia del bosque en la Amazonia Boliviana

En general, los resultados del modelo estadístico sugieren que la recuperación forestal es muy alta tras el abandono de la agricultura, con una probabilidad alta de categorizar un punto como bosque incluso el año inmediatamente posterior al abandono. En cuanto a las variaciones en la recuperación de bosque secundario entre años, el modelo sugiere claras diferencias antes y después de la década de 2000, aunque estas diferencias son de baja amplitud, manteniéndose una probabilidad de recuperación del bosque alta en promedio (Figura 6a). Desde 1985 hasta aproximadamente el año 2000, el bosque se restableció más rápido que en las dos últimas décadas (2000-2020). Entre 2000 y 2021, las diferencias son menos claras en general. Durante los últimos años (alrededor de 2010-2021), parece observarse una tasa de recuperación más rápida en comparación con la

década de 2000 (Figura 6a). Las graves sequías de 2005 y 2010 podrían explicar esta disminución de la resiliencia debido al limitado crecimiento forestal durante los períodos secos.

En cuanto a la variación espacial en la recuperación forestal, el modelo resalta fuertes diferencias según la ubicación (Figura 6b). Algunas regiones, como la transición al Chaco en el sur (un ecosistema seco) y los Yungas en el oeste de la Amazonía boliviana, no muestran recuperación ni siquiera después de 10 años de abandono del uso agrícola (puntos oscuros en la Figura 6b, panel derecho), mientras que, en otras regiones, como Santa Cruz, la probabilidad de recuperación forestal, según lo predicho por el modelo estadístico, es cercana a 1, incluso tan solo unos años después del abandono agrícola.

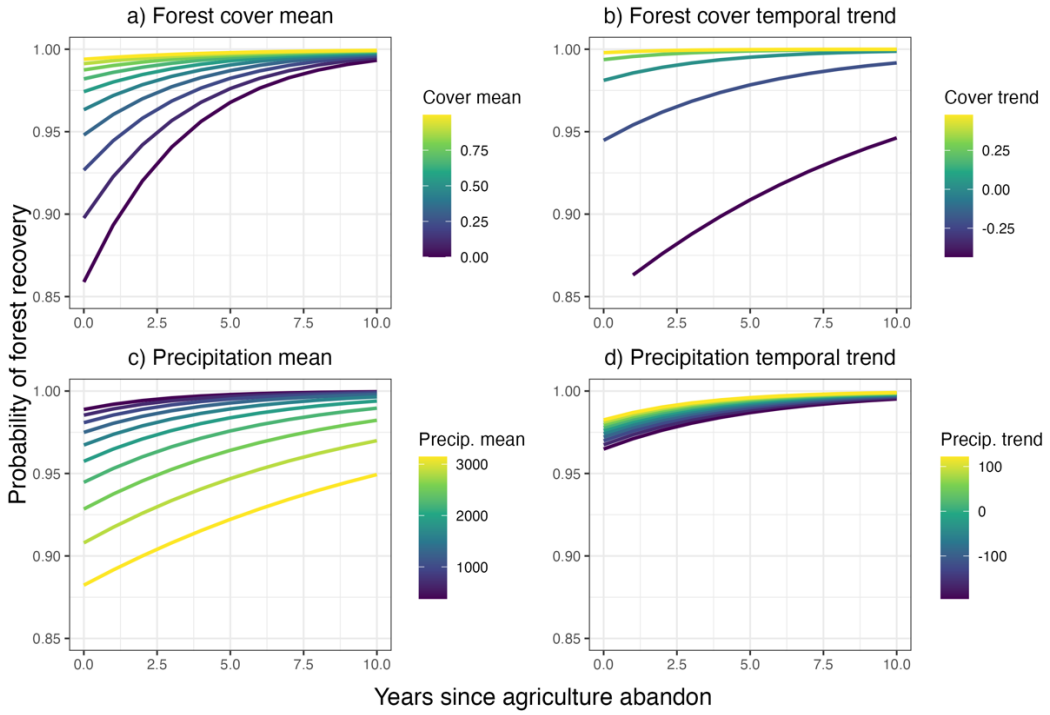
Figura 6. Recuperación del bosque secundario predicha en función del abandono de la agricultura y mapa de probabilidad de recuperación forestal. a. Predicción de la recuperación del bosque secundario para una situación promedio en función del número de años transcurridos desde el abandono de actividades agropecuarias entre 1985 y 2021 (modelo estadístico 1). b. Mapa de la Amazonía boliviana que muestra la probabilidad de recuperación forestal predicha por el modelo para el año 2000, 3 y 10 años después del abandono del uso agrícola del suelo. En ambos casos, algunos sitios no se recuperan ni siquiera después de 10 años (sitios oscuros), mientras que en otros se observa una rápida recuperación forestal (sitios verdes).



Los resultados del modelo, incluyendo las covariables, muestran que la cobertura forestal adyacente, la precipitación y la intensidad del uso agrícola previo (duración y tipo) afectan significativamente la probabilidad de recuperación del bosque y su dinámica tras el abandono agrícola.

En primer lugar, nuestro análisis estadístico revela que la proporción de cobertura forestal circundante influye considerablemente en la recuperación del bosque. Las localidades con menos cobertura forestal en sus alrededores presentan tasas de recuperación reducidas, especialmente justo después del abandono de la agricultura. Nuestros resultados son aún más impactantes en cuanto al efecto de la tendencia temporal de la cobertura forestal: observamos efectos positivos de la tendencia de la cobertura forestal tanto en la intersección como en la pendiente con los años transcurridos desde el abandono, lo que indica que la pérdida continua de bosque en los alrededores disminuye la probabilidad de recuperación forestal a corto y largo plazo (Figura 7b).

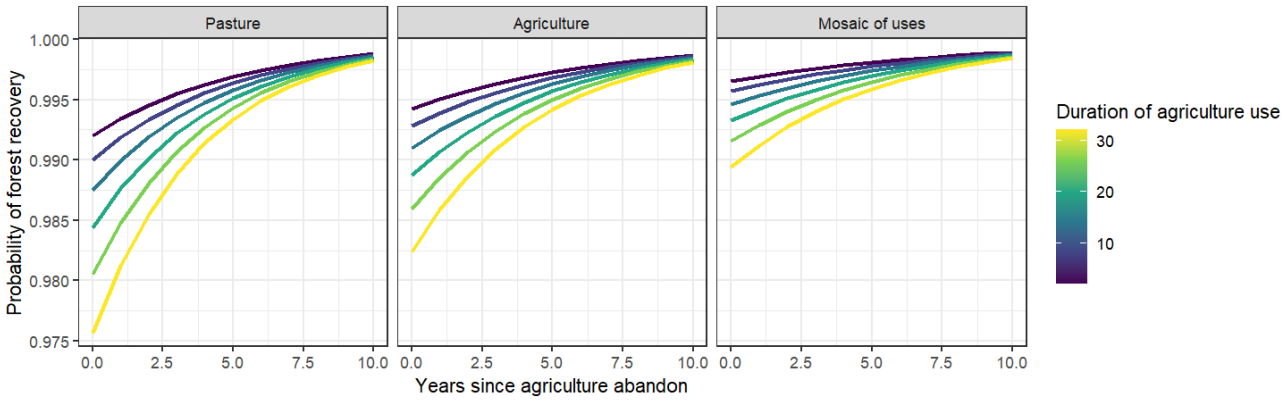
Figura 7. Efectos de la precipitación y la cobertura forestal circundante en la recuperación forestal, según lo predicho por el modelo estadístico 2 para una situación promedio. a. Media de la cobertura forestal, b. Tendencia temporal (pendiente) de la cobertura forestal en 9 años, c. Precipitación media anual, d. Tendencia temporal (pendiente) de las precipitaciones anuales en 9 años.



En segundo lugar, nuestros resultados muestran relaciones complejas entre la precipitación anual y las tasas de recuperación del bosque. Si bien el aumento de la tendencia temporal de la precipitación (pendiente) tiene un efecto positivo significativo, aunque débil, en la resiliencia, la recuperación forestal disminuye considerablemente en general con valores altos de precipitación media anual (Figura 7c). Una posible explicación de esta disminución de la recuperación forestal con altas precipitaciones podrían ser variables, como la fertilidad del suelo, que no se consideran en nuestro modelo, pero que podrían covariar con los niveles de precipitación. La intensificación de la estacionalidad en interacción con la deforestación podría ser otra explicación. Qin et al. (2025) informaron que, en áreas deforestadas, se observa un aumento de la precipitación durante las estaciones húmedas, mientras que se observa una disminución durante las estaciones secas. Por lo tanto, una precipitación media anual más alta también podría implicar una estación seca aún más seca en algunos casos. Esto implica mayor variabilidad estacional e interanual de la precipitación, lo que se espera que reduzca la resiliencia del bosque (Holmgren et al., 2013).

En tercer lugar, el uso de suelo agrícola antes del abandono también afecta significativamente la recuperación forestal, aunque estos efectos son relativamente débiles (Figuras 7 y 8). La duración del uso agrícola previo reduce significativamente la recuperación forestal a corto plazo, mientras que las diferencias entre los tipos de uso de la tierra también son significativas: la actividad agrícola caracterizada por un "mosaico de usos" permite una recuperación ligeramente más rápida del bosque que los "pastizales", y la categoría «agricultura» se encuentra en un punto intermedio (Figura 8).

Figura 8. Recuperación del bosque según las predicciones del modelo estadístico 2 en relación a la duración del uso de suelos agrícola para pasturas, agricultura y mosaico de usos.



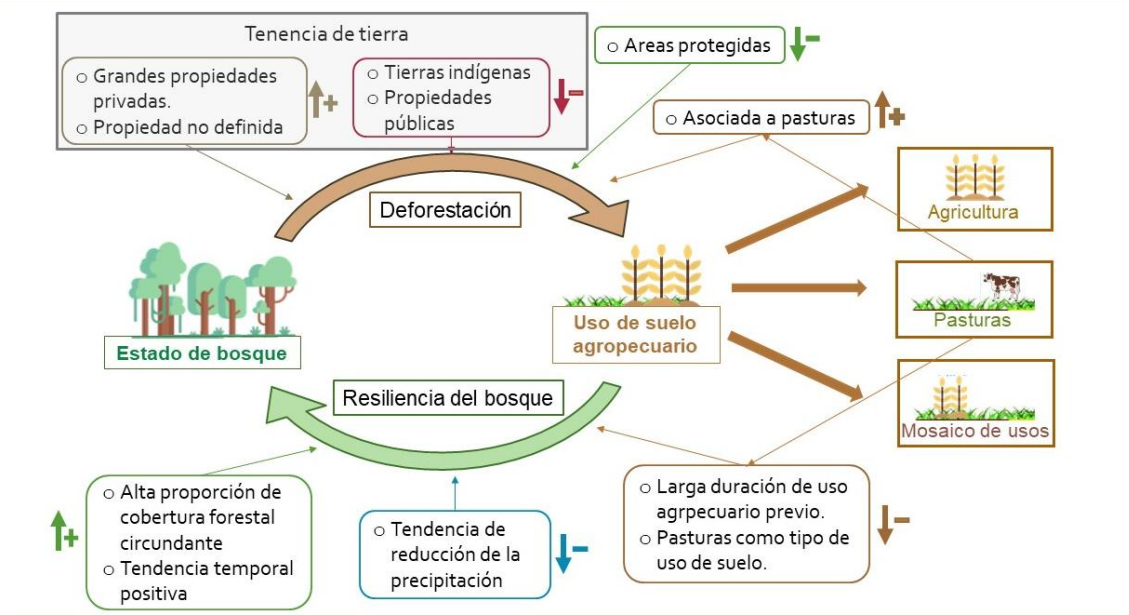
4. Conclusiones

Nuestros resultados permiten concluir que las áreas protegidas, los territorios indígenas y las tierras públicas tienen un efecto limitante sobre el riesgo de deforestación en la Amazonía boliviana en comparación con la mayoría de las categorías de propiedades privadas. Además, en la Amazonía boliviana, la deforestación se asocia principalmente con los pastizales, aunque mucho menos para las pequeñas propiedades, y en menor medida con los cultivos de soja.

Finalmente, nuestros resultados sobre la resiliencia del bosque revelan una alta probabilidad de recolonización del bosque después de una perturbación agropecuaria,

pero con una gran heterogeneidad espacial a través de la Amazonia boliviana. El bosque muestra menos resiliencia en las últimas dos décadas que entre 1985 y 2000. La resiliencia aumenta en las áreas más secas, pero disminuye donde las precipitaciones presentan una tendencia decreciente. También la regeneración es más rápida en los paisajes con una mayor cobertura forestal y con una tendencia al incremento de la misma. Finalmente, pude establecer que la resiliencia disminuye con la duración del uso agropecuario, y cuando estuvo dominado por pastizales antes del abandono, mientras que los paisajes agrícolas más diversos (mosaicos de usos) aumentan ligeramente la resiliencia. En general, puedo concluir que la titularización de tierras de las comunidades indígenas y la creación de áreas protegidas son estrategias cruciales para reducir la deforestación. Mi trabajo también muestra que la resiliencia del bosque depende mucho de la continuidad del paisaje, dada la importancia de la cobertura forestal circundante para la regeneración local (Figura 9).

Figura 9. Representación gráfica de las conclusiones de la investigación.



Referencias bibliográficas

- Anderson, S. C., Ward, E. J., English, P. A., Barnett, L. A. K., & Thorson, J. T. (2024). *sdmTMB: an R package for fast, flexible, and user-friendly generalized linear mixed effects models with spatial and spatiotemporal random fields."* _bioRxiv_ (Version 2022.03.24.485545) [Computer software]. <https://doi.org/10.1101/2022.03.24.485545>
- Boillat, S., Ceddia, M. G., & Bottazzi, P. (2022). The role of protected areas and land tenure regimes on forest loss in Bolivia: Accounting for spatial spillovers. *Global Environmental Change*, *76*, 102571. https://doi.org/10.1016/j.gloenvcha.2022.102571
- Bottazzi, P., & Dao, H. (2013). On the road through the Bolivian Amazon: A multi-level land governance analysis of deforestation. *Land Use Policy*, *30*(1), 137–146. https://doi.org/10.1016/j.landusepol.2012.03.010
- Boulton, C. A., Lenton, T. M., & Boers, N. (2022). Pronounced loss of Amazon rainforest resilience since the early 2000s. *Nature Climate Change*, *12*(3), 271–278. https://doi.org/10.1038/s41558-022-01287-8
- Camara, G., Simoes, R., Ruivo, H. M., Andrade, P. R., Soterroni, A. C., Ramos, F. M., Ramos, R. G., Scarabello, M., Almeida, C., Sanches, I., Maurano, L., Coutinho, A., Esquerdo, J., Antunes, J., Venturieri, A., & Adami, M. (2023). Impact of land tenure on deforestation control and forest restoration in Brazilian Amazonia. *Environmental Research Letters*, *18*(6), 065005. https://doi.org/10.1088/1748-9326/acd20a
- Dakos, V., & Bascompte, J. (2014). Critical slowing down as early warning for the onset of collapse in mutualistic communities. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, *111*(49), 17546–17551. https://doi.org/10.1073/pnas.1406326111
- Davidson, E. A., de Araújo, A. C., Artaxo, P., Balch, J. K., Brown, I. F., C. Bustamante, M. M., Coe, M. T., DeFries, R. S., Keller, M., Longo, M., Munger, J. W.,

Schroeder, W., Soares-Filho, B. S., Souza, C. M., & Wofsy, S. C. (2012). The Amazon basin in transition. *Nature*, *481*(7381), 321–328. https://doi.org/10.1038/nature10717

- Forzieri, G., Dakos, V., McDowell, N. G., Ramdane, A., & Cescatti, A. (2022). Emerging signals of declining forest resilience under climate change. *Nature*, *608*(7923), 534–539. https://doi.org/10.1038/s41586-022-04959-9
- Hänggli, A., Levy, S. A., Armenteras, D., Bovolo, C. I., Brandão, J., Rueda, X., & Garrett, R. D. (2023). A systematic comparison of deforestation drivers and policy effectiveness across the Amazon biome. *Environmental Research Letters*, *18*(7), 073001. https://doi.org/10.1088/1748-9326/acd408
- Jenkins, C. N., Pimm, S. L., & Joppa, L. N. (2013). Global patterns of terrestrial vertebrate diversity and conservation. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, *110*(28). https://doi.org/10.1073/pnas.1302251110
- Kéfi, S., Dakos, V., Scheffer, M., Van Nes, E. H., & Rietkerk, M. (2013). Early warning signals also precede non-catastrophic transitions. *Oikos*, *122*(5), 641–648. https://doi.org/10.1111/j.1600-0706.2012.20838.x
- Malhi, Y., Roberts, J. T., Betts, R. A., Killeen, T. J., Li, W., & Nobre, C. A. (2008). Climate Change, Deforestation, and the Fate of the Amazon. *Science*, *319*(5860), 169–172. https://doi.org/10.1126/science.1146961
- Mapbiomas Bolivia. (2022). *Proyecto MapBiomas Bolivia – Colección 2 de los mapas anuales de cobertura y uso del suelo de Bolivia.* [Dataset]. https://bolivia.mapbiomas.org/en/faq/como-puedo-citar-los-datos-de-mapbiomas-bolivia/
- Müller, R., Montero, J. C., & Mariaca, G. (2024). *Causas, actores y dinámicas de la deforestación en Bolivia 2010-2022*. CEDLA.
- Müller, R., Pacheco, P., & Montero, J. C. (2014). *The context of deforestation and forest degradation in Bolivia: Drivers, agents and institutions*. CIFOR.
- Müller, R., Pistorius, T., Rohde, S., Gerold, G., & Pacheco, P. (2013). Policy options to reduce deforestation based on a systematic analysis of drivers and agents in

lowland Bolivia. *Land Use Policy*, *30*(1), 895–907. https://doi.org/10.1016/j.landusepol.2012.06.019

- Pacheco, A., & Meyer, C. (2022). Land tenure drives Brazil's deforestation rates across socio-environmental contexts. *Nature Communications*, *13*(1), 5759. https://doi.org/10.1038/s41467-022-33398-3
- Paneque-Gálvez, J., Pérez-Llorente, I., Luz, A. C., Guèze, M., Mas, J.-F., Macía, M. J., Orta-Martínez, M., & Reyes-García, V. (2018). High overlap between traditional ecological knowledge and forest conservation found in the Bolivian Amazon. *Ambio*, *47*(8), 908–923. https://doi.org/10.1007/s13280-018-1040-0
- Pimm, S. L. (1984). The complexity and stability of ecosystems. *Nature*, *307*(5949), 321–326. https://doi.org/10.1038/307321a0
- Qin, Y., Wang, D., Ziegler, A. D., Fu, B., & Zeng, Z. (2025). Impact of Amazonian deforestation on precipitation reverses between seasons. *Nature*, *639*(8053), 102–108. https://doi.org/10.1038/s41586-024-08570-y
- R Core Team. (2024). *R: A Language and Environment for Statistical Computing* [R]. R Foundation for Statistical Computing. https://www.R-project.org/
- Rudel, T. K., & Hernandez, M. (2017). Land Tenure Transitions in the Global South: Trends, Drivers, and Policy Implications. *Annual Review of Environment and Resources*, *42*(Volume 42, 2017), 489–507. https://doi.org/10.1146/annurev-environ-102016-060924
- Scheffer, M., Bascompte, J., Brock, W. A., Brovkin, V., Carpenter, S. R., Dakos, V., Held, H., Van Nes, E. H., Rietkerk, M., & Sugihara, G. (2009). Early-warning signals for critical transitions. *Nature*, *461*(7260), 53–59. https://doi.org/10.1038/nature08227
- Science Panel for the Amazon. (2021). *Amazon Assessment Report 2021* (C. Nobre, A. Encalada, E. Anderson, F. H. Roca Alcazar, M. Bustamante, C. Mena, M. Peña-Claros, G. Poveda, J. P. Rodriguez, S. Saleska, S. E. Trumbore, A. Val, L. Villa Nova, R. Abramovay, A. Alencar, A. C. Rodriguez Alzza, D. Armenteras, P. Artaxo, S.

Athayde, … G. Zapata-Ríos, Eds.; 1st ed.). UN Sustainable Development Solutions Network (SDSN). https://doi.org/10.55161/RWSX6527

- Smith, C. C., Healey, J. R., Berenguer, E., Young, P. J., Taylor, B., Elias, F., Espírito-Santo, F., & Barlow, J. (2021). Old-growth forest loss and secondary forest recovery across Amazonian countries. *Environmental Research Letters*, *16*(8), 085009. https://doi.org/10.1088/1748-9326/ac1701
- Song, X.-P., Hansen, M. C., Potapov, P., Adusei, B., Pickering, J., Adami, M., Lima, A., Zalles, V., Stehman, S. V., Di Bella, C. M., Conde, M. C., Copati, E. J., Fernandes, L. B., Hernandez-Serna, A., Jantz, S. M., Pickens, A. H., Turubanova, S., & Tyukavina, A. (2021). Massive soybean expansion in South America since 2000 and implications for conservation. *Nature Sustainability*, *4*(9), 784–792. https://doi.org/10.1038/s41893-021-00729-z
- Thiery, W. (2025). Amazonian deforestation makes the wet season wetter, and the dry season drier. *Nature*, *639*(8053), 40–42. https://doi.org/10.1038/d41586-025-00542-0
- Thorson, J. T., Barnes, C. L., Friedman, S. T., Morano, J. L., & Siple, M. C. (2023). Spatially varying coefficients can improve parsimony and descriptive power for species distribution models. *Ecography*, *2023*(5), e06510. https://doi.org/10.1111/ecog.06510
- Verbesselt, J., Umlauf, N., Hirota, M., Holmgren, M., Van Nes, E. H., Herold, M., Zeileis, A., & Scheffer, M. (2016). Remotely sensed resilience of tropical forests. *Nature Climate Change*, *6*(11), 1028–1031. https://doi.org/10.1038/nclimate3108

VARIABLES AMBIENTALES QUE INFLUENCIAN LA DISTRIBUCIÓN DE ÁRBOLES DE CASTAÑA EN LA CUENCA AMAZÓNICA BOLIVIANA

(Plenaria)

Molina-Vargas, Sara Ariana; Roque-Marca, Natalio; Pareja, Alejandro; Larrea-Alcázar, Daniel
Conservación Amazónica-ACEAA

Semblanza:

Sara Ariana Molina Vargas estudió biología en la Universidad Mayor de San Andrés. Trabajó en el área de ecología, particularmente en análisis de datos biogeográfico de reptiles durante la tesis de licenciatura; y de árboles de castaña durante la pasantía profesional que realizó en ACEAA-Conservación Amazónica. Fue ayudante en la Colección Boliviana de Fauna e investigadora junior en la Red de Investigadores en Herpetología – Bolivia. También trabajó organizando eventos de difusión científica y política de la biodiversidad dentro de la Red Global de Juventudes por la Biodiversidad, como co-Coordinadora general de la representación de Bolivia; y como miembro de la red en la COP15 del CBD. El año 2024 ganó una beca Campus France con la que estudió una maestría en Biología Molecular y Celular en la Universidad de La Sorbona. Realizó una pasantía con el laboratorio de Genética y evolución en el Instituto Jacques Monod de París.

Resumen

La castaña (*Bertholletia excelsa* Bonpl.) es una especie de gran importancia ecológica y económica para Bolivia, que es el mayor productor de la semilla. Los análisis biogeográficos de los árboles de castaña tienen el potencial de mejorar el manejo sostenible de la semilla y la conservación del bosque. En este estudio se analizó la relación entre variables ambientales y la distribución de árboles de castaña en la cuenca

amazónica boliviana, para después proponer un mapa de distribución en base a la importancia de estas variables. Los datos de presencia de árboles se obtuvieron de la base de datos de ACEAA-Conservación Amazónica. De 41 variables iniciales obtenidas de WorldClim e ISRIC se seleccionaron 33. Los análisis se realizaron en R y se utilizó el paquete BIOMOD para la selección de las variables y la elaboración de modelos. El mejor modelo fue Random Forest y las variables más importantes son: el pH del suelo, la precipitación media anual, el rango anual de temperatura, y la amplitud térmica media diaria. La precipitación del trimestre más frío obtuvo una importancia similar a la precipitación media anual, por lo que podrían usarse indistintamente. Los árboles de castaña de la Amazonía boliviana parecen haberse adaptado a condiciones ambientales más secas, de suelos más ácidos que los rangos de preferencia reportados para la especie, posiblemente porque los bosques de la especie fueron expandidos por poblaciones humanas. El mapa de distribución predice la presencia probable de castaña en el norte de La Paz y Beni. Este trabajo contribuye a entender los factores que influencian la distribución de los bosques de castaña, algo necesario en un contexto de cambio climático y con miras a mejorar la sostenibilidad y la producción de la semilla de la castaña.

Palabras clave: castaña, distribución, variables ambientales, suelo, precipitación

Introducción

El bosque amazónico es el más biodiverso del mundo (Cardoso et al., 2017; Jenkins et al., 2013; ter Steege et al., 2013). Alberga, ha dado origen y ha sido transformado por miles de formas de vida, pueblos y culturas. De las 16 mil especies de árboles estimadas en la Amazonía, sólo 227 representan la mitad de todos los árboles. Entre estas especies hiperdominantes se encuentra la castaña.

La castaña (*Bertholletia excelsa* Bonpl.) es un árbol tropical de la familia Lecythidaceae y es la única especie representante del género *Bertholletia*. Forma parte del dosel de los bosques donde habita y puede llegar a tamaños de más de 3 metros de Diámetro a la

Altura del Pecho (DAP) y hasta 60 metros de altura (Chambilla Flores, 2025; Zuidema, 2003), siendo una de las especies hiperdominantes de mayor biomasa y productividad en la Amazonía (Fauset et al., 2015). De esta manera, contribuye significativamente al almacenamiento de biomasa del bosque y a los ciclos biogeoquímicos (Caetano Andrade et al., 2019; Fauset et al., 2015), además de las otras funciones ecosistémicas que desarrolla el bosque en su conjunto.

Bertholletia excelsa se distribuye en Brasil, Bolivia, Perú, Colombia, Venezuela, Guyana y Surinam (Freitas Melo et al., 2018; Tourne et al., 2019; Zuidema, 2003). Sólo en los tres primeros países la densidad de la especie permite la comercialización rentable de sus semillas, que son un producto forestal comestible de gran valor nutritivo (Zuidema, 2003) y, por lo tanto, de gran importancia económica (Duchelle et al., 2011; Guariguata et al., 2017; Stoian, 2004). Esto convierte a la semilla en el principal Producto Forestal No Maderable (Chambilla Flores, 2025; Flores da Fonseca et al., 2021).

En Bolivia, la recolección de castaña es la actividad económica de miles de familias y comunidades indígenas, siendo la exportación de la semilla su sustento económico y base de su modo de vida (Chambilla Flores, 2025; Soriano et al., 2017; Stoian, 2004). A nivel nacional, la producción es un ingreso económico importante, dado que Bolivia es el primer productor y exportador de castaña a nivel mundial desde hace varios años (IBCE, 2010, 2021). Pero esta relación entre comunidades humanas y castaña no es reciente. Existen registros que los vinculan, como restos de los frutos con antigüedad de 11 mil años en campamentos prehistóricos (Roosevelt et al., 1996). Además, la co-ocurrencia de rodales de castaña con sitios arqueológicos y *terra preta,* un suelo fértil producto del trabajo de civilizaciones indígenas, indicaría que los bosques de *Bertholletia excelsa* actuales son producto del manejo de la biodiversidad ejercida por poblaciones ancestrales (Clement et al., 2015; Thomas et al., 2015).

Actualmente, el manejo humano sigue siendo el medio de conservación de estos bosques (Guariguata et al., 2017; Shanley et al., 2008) y representa un sistema socioecológico productivamente sostenible (Guariguata et al., 2017) pero con

potenciales mejoras para la conservación sostenible (Flores da Fonseca et al., 2021; Shanley et al., 2008).

Los análisis biogeográficos son importantes para entender la ecología de los seres vivos. Dentro de ellos, conocer las variables que se relacionan con la distribución espacial de las especies puede aportar a los planes de conservación y uso sostenible de la biodiversidad (Jetz et al., 2012; Naoki et al., 2006).

La biogeografía de la castaña en Bolivia, pese a la evidente importancia ecológica y económica, ha sido analizada por pocos estudios. Larrea-Alcázar et al., (2018) modelaron la distribución geográfica de la especie para Bolivia con Maxent usando 19 variables bioclimáticas, elevación, biomasa y ecorregiones (Larrea-Alcázar et al., 2018). Por otro lado, Oliveira Brandão et al., (2023), realizaron un análisis de la influencia de variables climáticas y su variabilidad sobre la producción de semillas de castaña en Brasil, con miras a entender los posibles efectos del cambio climático en tal producción (Oliveira Brandão et al., 2023).

Los objetivos de este trabajo son: 1) Proponer las variables ambientales que se relacionan con la presencia de árboles de *Bertholletia excelsa* en el territorio de Bolivia; y 2) Elaborar un mapa de probabilidad de *B. excelsa* sobre la base de las variables importantes obtenidas; para así contribuir a la conservación y manejo sostenible de sus bosques.

Se espera que la selección de las variables ambientales importantes y la modelización con más datos mejoren el modelo de distribución y la información que se tiene de los bosques de castaña en Bolivia.

Metodología

El estudio se realizó con 78 registros de *Bertholletia excelsa* dentro del Estado Plurinacional de Bolivia (Bolivia de aquí en adelante) en la base de datos de Tourne *et al.* (2019) y también con los registros de la Asociación para la Investigación y Conservación de Ecosistemas Andino-Amazónicos – ACEAA. Bolivia está en la franja tropical, en el centro de América del Sur y al Sur de la Amazonía. El país tiene un área de 1 098 581 km^2;

y el área del estudio, correspondiente a la cuenca amazónica en Bolivia, abarca aproximadamente 704 120 km^2. El archivo del área fue obtenido del trabajo de (Molina-Carpio et al., 2017; Vauchel et al., 2017).

Se evaluó la relación entre presencia de castaña y variables del suelo, topográficas, geológicas y climáticas. Para este fin, se realizaron primero PCAs, para disminuir la redundancia y colinealidad entre las variables. En segundo lugar, se revisaron los Índices de Inflación de Varianza (VIF) para descartar variables colineales y agruparlas para el análisis. Se aplicaron diez modelos estadísticos de aprendizaje automático; Generalized Linear Model (GLM), Generalized Additive Model (GAM), Artificial Neuronal Network (ANN), Flexible Discriminant Analysis (FDA), Classification Tree Analysis (CTA), Surface Range Envelop (SRE), Multiple Adaptive Regression Splines (MARS), Generalised Boosting Regression (GBR), MaxEnt (MAXNET) y Random Forest (RF); generando datos de fondo (background data) o pseudoausencias para comparar con los registros de presencia. Posteriormente se seleccionó el mejor modelo, usando las métricas más adecuadas a los datos disponibles. Se seleccionaron las variables más importantes, se graficaron sus curvas de respuesta y se las proyectaron en un mapa de distribución potencial. Todos estos análisis se realizaron con una serie de librerías y scripts en R, versión 4.1.1 (R Core Team, 2021).

Obtención y procesamiento de datos

Los 78 datos de *Bertholletia excelsa* para Bolivia se consiguieron de dos fuentes: la base de datos provista por (Tourne et al., 2019) y la base de datos de la Asociación para la Investigación y Conservación de Ecosistemas Andino-Amazónicos – ACEAA. Los datos de fondo o de pseudoausencia (background data) se generaron con los paquetes dismo y raster, a partir de los puntos de presencia de la planta, en la cuenca amazónica de Bolivia. Las variables ambientales seleccionadas inicialmente fueron: 21 variables climáticas, 3 topográficas, 6 geológicas y 11 variables de suelo (Tabla 1). Los ráster globales se cortaron

al área de la cuenca amazónica boliviana para poder generar los datos de fondo correspondientes.

Se usaron las 19 variables bioclimáticas disponibles en WorldClim (https://www.worldclim.org/), versión 1.4 (Hijmans et al., 2005). Para la radiación incidente anual se promedió la radiación incidente mensual de la versión 2.1 de WorldClim (Fick & Hijmans, 2017). Todos estos archivos se descargaron en una resolución espacial de 30 segundos (aproximadamente 1 km^2).

Tabla 1. Variables ambientales. Las unidades se indican en el formato en el que estaban en las bases de datos.

Variables de temperatura	
bio01	Temperatura media anual (°C x 10)
bio02	Amplitud térmica media diaria (°C x 10)
bio03	Isotermalidad (porcentaje)
bio04	Estacionalidad de la temperatura (porcentaje)
bio05	Temperatura máxima del mes más cálido (°C x 10)
bio06	Temperatura mínima del mes más frío (°C x 10)
bio07	Rango anual de temperatura (°C x 10)
bio08	Temperatura media del trimestre más húmedo (°C x 10)
bio09	Temperatura media del trimestre más seco (°C x 10)
bio10	Temperatura media del trimestre más cálido (°C x 10)
bio11	Temperatura media del trimestre más frío (°C x 10)
Variables de Precipitación	
bio12	Precipitación anual (mm)
bio13	Precipitación del mes más húmedo (mm)
bio14	Precipitación del mes más seco (mm)
bio15	Estacionalidad de la precipitación (porcentaje)
bio16	Precipitación del trimestre más húmedo (mm)

bio17	Precipitación del trimestre más seco (mm)
bio18	Precipitación del trimestre más cálido (mm)
bio19	Precipitación del trimestre más frío (mm)
radi_yr	Radiación incidente anual (kJ/m^2 x día)
Variables topográficas	
elev	Elevación (m.s.n.m.)
Aspect	Orientación (plano -1 y de 0 a 360°. Norte: 337.5° – 22.5°; Noreste: 22.5° – 67.5°; etc.)
Slope	Pendiente (0° - 40.8°)
Variables geológicas	
uhsrt	Espesor del regolito de las laderas de tierras altas (m)
uhsst	Espesor del suelo de las laderas de tierras altas (m)
hsvb	Proporción de área compuesta por laderas (0 – 1)
uvbaldst	Espesor del depósito sedimentario del fondo de valle de tierras altas y bajas (m)
lcm	Clasificación general del suelo (0 – 4: océano, tierra alta, tierra baja, lago o hielo perenne)
asasdt	Espesor promedio del suelo y del depósito sedimentario (m)
Variables de suelo	
soc	Contenido de carbono orgánico (dg/kg, en porcentaje)
phh2o	pH del suelo (x10)
sand	Arena (g/kg)
silt	Limo (g/kg)
clay	Arcilla (g/kg)
bdod	Densidad aparente (cg/cm^3) de la fracción de tierra fina (<2mm)

cec	Capacidad de intercambio catiónico (tamponada a pH 7) de la fracción de tierra fina mmol(c)/kg
cfvo	Fragmentos gruesos (porcentaje de cm^3/dm^3 del suelo total)
nitrogen	Contenido de nitrógeno (cg/kg)
ocd	Densidad de carbono orgánico del suelo (cm)
ocs	Stock de carbono orgánico del suelo (1/tha) a 30 cm
OCSTHA	Stock de carbono orgánico del suelo (1/tha) a 5 cm (250m de resolución)

El ráster de la variable topográfica elevación también se obtuvo de WorldClim, con resolución de 30 segundos. A partir de éste, se generaron los ráster de pendiente y orientación, con ArcGIS, versión 10.4.1.

La variable climática de número de meses húmedos por año se calculó con el método de Thornthwaite (1948) de balance hídrico del suelo. Para ello se descargaron los ráster de Evapotranspiración Potencial (ETP) de la página del Consortium for Spacial Information – CGIARCSI (https://cgiarcsi.community/) (Trabucco & Zomer, 2019). También se usaron los datos de precipitación mensual de WorldClim (Fick & Hijmans, 2017).

Se tomaron los datos del número de meses húmedos calculados con el método de Thornthwaite en diferentes estaciones (Coritza, 2017) para hallar un factor de corrección de la ETP que permita obtener un valor similar de número de meses húmedos al que se obtendría al considerar la capacidad de almacenamiento de suelo. Este factor fue de 0.85 (Fórmula 1).

$$Balance\ hidrico = (Precipitacion\ mensual - 0.85)\ x\ ETP$$

Fórmula 1. Operación realizada para obtener el balance hídrico del suelo.

Se realizaron ráster para cada mes en R a partir de estos cálculos. Si el balance hídrico del suelo era mayor a 0, entonces se trataba de un mes húmedo. Posteriormente se apilaron estos ráster mensuales, se sumaron los datos de cada píxel y se creó el ráster de número de meses húmedos por año.

Se consideraron las seis variables geológicas proporcionadas por la NASA (https://daac.ornl.gov/SOILS/guides/Global_Soil_Regolith_Sediment.html) de Pelletier et al., (2016), con resolución de 30 arcosegundos. Las variables de suelo se obtuvieron de ISRIC World Soil Information (https://data.isric.org/geonetwork/srv/spa/catalog.search#/home) (Hengl et al., 2017; Poggio et al., 2021) en la misma resolución (1km) y se descargaron para la profundidad de 0 a 5 cm. En el caso del stock del carbono orgánico del suelo (denotada como ocs), se usó a 30 cm con la misma resolución de las otras variables; y a 5 cm con resolución de 250 m (denotada como OCSTHA).

Se siguió el método de Hijmans & Elith (2021) para extraer los datos ambientales de cada punto de presencia mediante los paquetes raster y dismo en R. Para realizar la comparación y selección de modelos, los ráster de las variables se uniformizaron con un mismo tamaño y resolución (30s).

Análisis estadísticos

1. Selección de variables

Para reducir la gran cantidad de variables climáticas y su redundancia, se realizaron Análisis de Componentes Principales (PCA) con "prcomp" del paquete stats. Se realizó un PCA de variables de temperatura (bio1 a bio11) y otro de precipitación (bio12 a bio19). Se seleccionaron las variables que representaban la mayor parte de la varianza de los componentes principales, en base a los component loadings obtenidos y a las variables sugeridas por (Tourne et al., 2019) como importantes. También se realizaron PCA para las variables topográficas, geológicas y de suelo, en este caso con el objetivo de previsualizar qué variables podrían ser colineales. Para eliminar la colinealidad se evaluó el Factor de Inflación de Varianza (VIF) para todas las variables seleccionadas (paquete car). Se conservaron las variables con bajo VIF y consideradas potencialmente importantes por (Tourne et al., 2019) para analizarlas. Posteriormente, las variables restantes también se evaluaron con el VIF y se agruparon en cuatro grupos, que luego se

analizaron de la misma forma. Esto se hizo con el objetivo de no desechar ninguna variable potencialmente importante por la colinealidad. Finalmente, las variables consideradas de importancia en cada grupo se evaluaron con el VIF para hacer el mejor modelo.

2. Aplicación de modelos

Para la evaluación del VIF inicial se elaboró un GLM binomial con los paquetes car, MuMIn y arm. Dado que muchas variables consideradas potencialmente importantes quedaron fuera del grupo obtenido después de evaluar el VIF, agrupamos estas variables en otros grupos, evitando la colinealidad, para poder valorar su importancia (Tabla 2).

Tabla 2. Variables agrupadas para realizar los modelos.

	Grupo 1	**Grupo 2**	**Grupo 3**	**Grupo 4**	**Grupo 5**
Variables seleccionadas	clay sand cfvo ocs phh2o bio17 radi_yr nmh slope	Uvbalsdt cec nitrogen silt soc bio2 bio3 elev aspect	bdod ocd ocs bio7 bio9 bio13 bio14 bio18	asasdt bio1 bio4 bio12 bio15	bio5 bio19

Se realizaron los análisis estadísticos con los paquetes biomod2 y terra en R. Se generaron tres conjuntos (repeticiones) de 3000 y de 1000 "datos de fondo" (o "pseudoausencias") para cada grupo de variables, considerando además pseudoausencias a dos diferentes distancias de las presencias: 10 km y 20 km.

Para cada grupo de variables se aplicaron los modelos: Generalized Linear Model (GLM), Generalized Additive Model (GAM), Artificial Neural Network (ANN), Flexible Discriminant Analysis (FDA), Classification Tree Analysis (CTA), Surface Range Envelop

(SRE), Multiple Adaptive Regression Splines (MARS), Generalised Boosting Regression (GBM), MaxEnt (MAXNET) y Random Forest (RF). Se establecieron 5 validaciones cruzadas (cross-validations) y 70% de los datos para la calibración. Se estableció una prevalencia de 0.5 para compensar la cantidad mucho menor de presencias que de pseudoausencias. Se aplicaron los índices ROC, Success Ratio, Kappa y Accuracy. El índice que proporcionó información útil para evaluar los modelos fue SR, dado que es el menos afectado cuando hay un desbalance entre presencias y pseudoausencias. Los modelos se evaluaron con el índice Success Ratio (SR) de la función get_evaluations. Success ratio indica la proporción de las presencias pronosticadas que son verdaderas.

$$SR = \frac{Aciertos}{(Aciertos + Falsos\ positivos)}$$

Fórmula 2. Success ratio (SR), parámetro utilizado para evaluar los modelos. El valor ideal es SR=1.

La importancia de las variables se obtuvo con la función get_variables_importance. La importancia de una variable en este caso se calcula barajando los datos originales, calculando la predicción del modelo con estos datos y calculando la correlación entre las predicciones de referencia y las predicciones barajadas. La importancia es la resta de 1 (uno) menos la correlación (*bm_VariablesImportance*, s/f). Es decir, mientras más alto sea el valor obtenido, menos correlación existe y, por tanto, la variable tiene más importancia.

Se evaluó el VIF de las variables importantes obtenidas de cada grupo y se descartaron las colineales. A continuación, se hizo la modelización con las mejores variables restantes. Se realizaron gráficos de curvas de respuesta para cada variable con la función "plot" de raster y el paquete RColorBrewer. El mejor modelo se utilizó para elaborar mapas de probabilidad.

Resultados y discusión

El PCA de variables de temperatura generó dos ejes o componentes principales. Se conservaron la temperatura media del trimestre más seco (bio9) y la temperatura media

del trimestre más cálido (bio10) como variables representativas de la varianza de PC1 y la varianza del rango diurno medio (bio2) como representativa de PC2. La varianza de las variables de precipitación fue reunida también por dos ejes. La precipitación media anual (bio12), la precipitación del mes más seco (bio14) y la precipitación del trimestre más seco (bio17) fueron las variables representativas del primer eje (PC1). El segundo eje (PC2) fue representado por la varianza de la precipitación del mes más húmedo (bio13). Para la evaluación del VIF también entraron la radiación incidente anual (radi_yr) y el número de meses húmedos por año (NMH).

Las variables topográficas, es decir elevación, pendiente y orientación, entraron en el análisis del VIF. La variable geológica conservada fue el espesor medio del depósito sedimentario del fondo de valle en tierras altas y bajas (denotada como "uvbalsdt"). También se conservaron las variables de contenido de arcilla del suelo (clay), contenido de carbono orgánico (soc), limo (silt), pH del suelo en agua (phh2o), arena (sand), porcentaje de fragmentos gruesos (cfvo), densidad de carbono orgánico (ocd), la capacidad de intercambio catiónico de la fracción fina del suelo (cec) y el stock de carbono orgánico (OCSTHA), representantes de los componentes principales obtenidos. Luego de la evaluación del Índice de Inflación de Varianza (VIF), se conservaron sólo las variables de contenido de arcilla del suelo, contenido de arena, fragmentos gruesos, stock de carbono orgánico, pH del suelo en agua, la precipitación del trimestre más seco, la radiación incidente anual, el número de meses húmedos y la pendiente. Estas nueve variables formaron el primer grupo sometido a los análisis estadísticos y sus importancias fueron utilizadas para seleccionar las variables para el modelo final (Tabla 3).

Tabla 3. Importancia de las variables del primer grupo ("var1"), en los análisis realizados con datos de fondo a 10 km de las presencias.

Importancia	**bio17**	**cfvo**	**clay**	**NMH**	**OCSTHA**	**pH H_2O**	**radi_yr**	**sand**	**Slope**
Prom	0.15	0.07	0.04	0.11	0.14	0.57	0.14	0.30	0.11

Min	0	0	0	0	0	0.20	0	0	0
Max	0.5	0.45	0.31	0.51	0.4	1	0.6	0.6	0.5

Las otras variables consideradas importantes, pero que no se incluyeron en el primer grupo por tener alto VIF, se agruparon en cuatro grupos diferentes, que fueron analizados por separado para evitar los problemas de colinealidad. La importancia de las variables de cada uno de los grupos también se consideró para seleccionar a las variables que entraron en el modelo final (Tabla 4).

Tabla 4. Variables más importantes según el resultado de los modelos hechos por grupo.

	Grupo 1	**Grupo 2**	**Grupo 3**	**Grupo 4**	**Grupo 5**
Variables importantes	phh2o sand	bio2 bio3	bdod bio7	bio4 bio12	bio5 bio19

El VIF de las variables seleccionadas para el modelo final (Tabla 4) mostró colinealidad entre siete de ellas, siendo necesario descartar las variables de isotermalidad (bio3), estacionalidad de la temperatura (bio4) y precipitación media anual (bio12). Una modelización adicional mostró que esta última variable tiene una importancia similar a la precipitación del trimestre más frío (bio19), por lo que podría usarse una u otra indistintamente. Se generaron pseudoausencias a al menos 10 km de distancia de las presencias para la corrida del modelo final. La importancia de las variables de este modelo se indica en la Tabla 5.

Tabla 5. Importancia de las variables del modelo final.

	Importancia
phh2o	0.50
sand	0.11
bio2	0.18
bdod	0.18

bio7	0.23
bio12	0.25
bio5	0.11

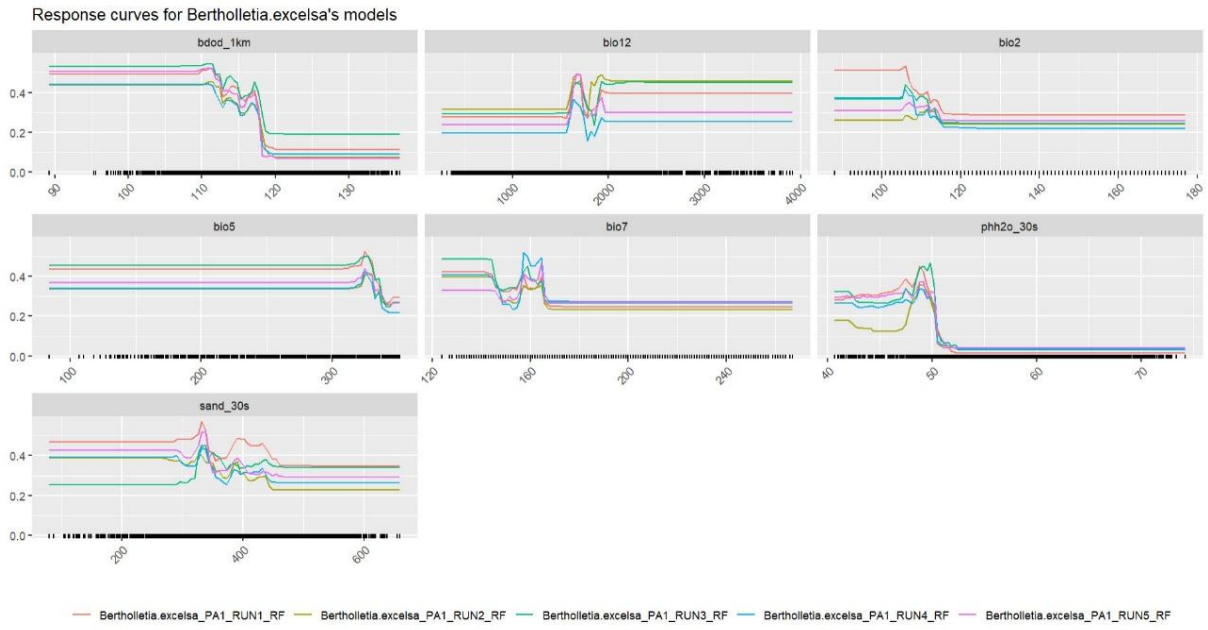
El modelo con mejor índice SR fue Random Forest en todos los casos, seguido por GBM para algunos grupos de variables y por MaxEnt para otros. Finalmente se comparó el SR de los modelos con las variables del modelo final, donde Random Forest también resultó el mejor (Tabla 6).

Tabla 6. Comparación entre modelos por la métrica SR para el modelo final.

GAM	GLM	MARS	GBM	CTA	SER	MAXNET	RF	FDA
0.47	0.5	0.51	0.89	0.36	0.39	0.62	0.99	0.50

De esta manera, el modelo Random Forest con las variables de: pH del suelo (phh20), precipitación media anual (bio12), amplitud térmica media diaria (bio2), precipitación del trimestre más frío (bio19), rango anual de temperatura (bio7), densidad aparente de la fracción de tierra fina (bdod), la proporción de arena del suelo (sand) y la temperatura máxima del mes más cálido (bio5) obtienen un SR=0.93. Con bio19 en vez de bio12, el modelo obtiene un SR=0,92. Las curvas de respuesta muestran la probabilidad de presencia de árboles de castaña (Figura 1).

Figura 1. Curvas de respuesta de las variables del mejor modelo (con la precipitación media anual, bio12). Se presenta un gráfico por cada variable del modelo y los colores diferencian las curvas obtenidas en cada corrida. En el eje x está el rango de unidades de cada variable, en el eje y la probabilidad de presencias. Consultar la Tabla 1 para revisar las unidades.



En nuestros datos, la probabilidad de presencia según el modelo Random Forest es mayor en un rango de pH de 4.7 a 5. La probabilidad aumenta con la precipitación promedio anual, con un rango preferencial de 1700 a 2000 mm. En un rango anual de temperatura de entre 12 y 16.5 °C habría más árboles de castaña, a comparación de zonas de nuestra base de datos con hasta 25°C de diferencia entre las temperaturas extremas del año. La probabilidad de presencia es mayor con una amplitud térmica media diaria que oscina entre los 9 y los 11 °C máximo.

Según el modelo, la menor densidad aparente de la fracción de tierra fina (entre 90 y 112 cg/cm^3) aumenta la probabilidad de presencia, es decir es favorecida por suelos orgánicos, poco compactados, de texturas finas a medias. En cambio, la probabilidad disminuye si la temperatura del mes más cálido en el área supera los 32.5 °C y si más del 40% del suelo está compuesto por arena, siendo más favorecedor para la presencia de árboles de castaña un 32% de contenido de arena, según nuestros datos. La proporción menor al 40% de arena coincide con la textura fina arcillosa indicada por la variable de densidad de la fracción de tierra fina.

Con las variables del modelo final se obtuvieron los mapas de probabilidad de árboles de castaña (Figura 2, Figura 3).

Figura 2. Mapa de probabilidad de castaña en Bolivia realizado con el modelo Random Forest, utilizando las variables más importantes, incluyendo la variable de precipitación anual (bio12). Mapa producto de la corrida 1 del tercer conjunto de mil pseudoausencias generadas a 10 km de las presencias (PA2, RUN1).

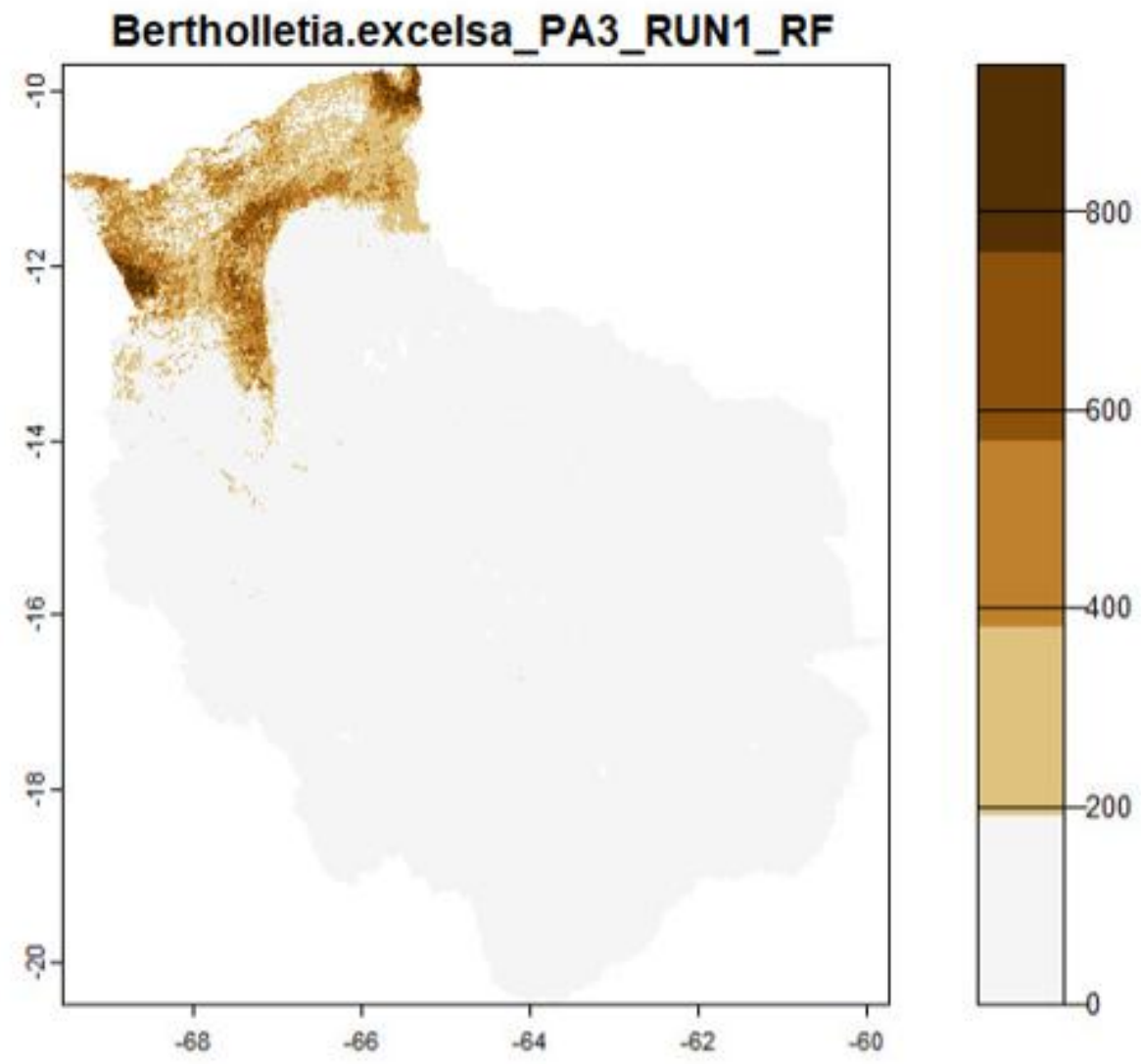
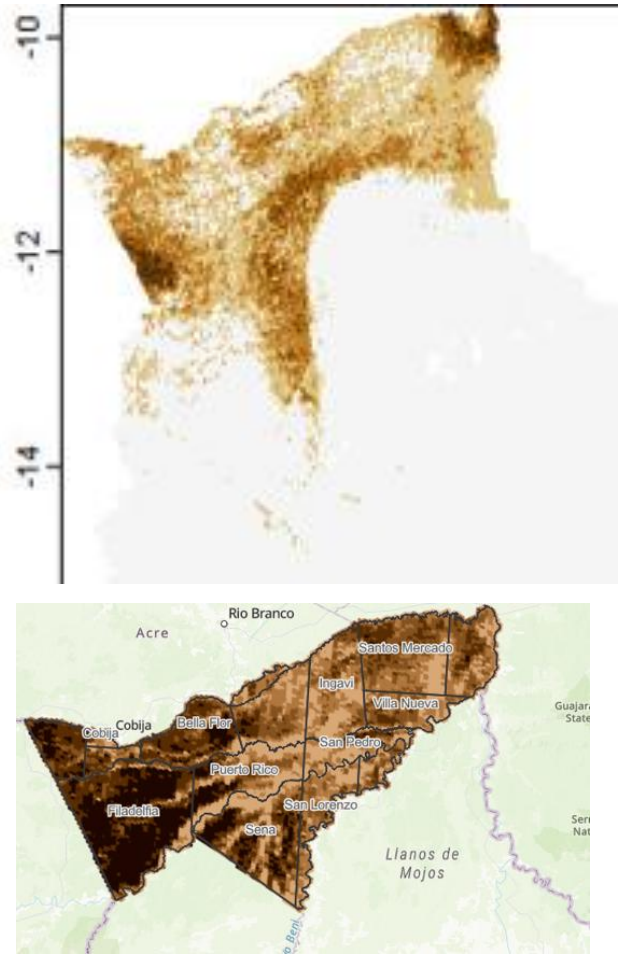


Figura 3. Mapas de probabilidad de castaña en Bolivia. Izq. Mapa realizado con las variables más importantes y el modelo Random Forest, con la variable de precipitación anual (bio12) a partir de la corrida 1 del tercer conjunto de mil pseudoausencias generadas a 10 km de las presencias (PA3, RUN1). Der. Mapa realizado con el modelo Random Forest del Geoportal del Observatorio de Frutos Amazónicos y Cambio Climático del Departamento de Pando (https://geo.frutosamazonicos.org.bo/).



La modelización según los datos utilizados (Figura 2 y 3-Izq.) predice la probabilidad de presencia de árboles de castaña en el departamento de Pando, especialmente al sur de la Provincia Manuripi, al noreste de la Provincia General Federico Román y al sur de la provincia Madre de Dios; así como al norte de los departamentos de La Paz y de Beni: al norte y particularmente al noreste de la Provincia Iturralde en La Paz; y al norte de la Provincia Antonio Vaca Díez en Beni. La probabilidad predicha para estas zonas de La Paz y Beni es un aporte nuevo para el modelo preexistente de árboles de castaña del Geoportal del Observatorio de Frutos Amazónicos y Cambio Climático, probablemente porque se consideró la cuenca amazónica boliviana y no sólo el departamento de Pando. Cerca del 10% de nuestros datos de presencia no es explicado por las variables seleccionadas del mejor modelo. Es importante considerar que las variables importantes obtenidas y sus curvas de respuesta deben interpretarse como patrones de discriminación entre sitios de presencia y de pseudoausencia, no como requerimientos ecológicos absolutos de la especie, por las limitaciones de registros para hacer el modelo. Por otro lado, probablemente algunas variables ambientales no fueron consideradas, así como la influencia humana. Algunas variables de suelo podrían ser lo que más se aproxima en este estudio a considerar la relación de las actividades antropogénicas con la presencia de *Berthollethia excelsa*.

Estudios como los de Firmino et al. (2025) indican que el bosque de castañas fue producto del manejo agroecológico de poblaciones indígenas ancestrales; y que cambios que trajo la colonización afectaron negativamente el reclutamiento de castañas (Caetano-Andrade et al., 2019). Así, las prácticas indígenas de manejo son una manera de conservación del bosque de *Berthollethia excelsa* (Caetano-Andrade et al., 2019) incluso en la actualidad, ya que la recolección de semillas de castaña encarna precisamente la "conservación a través del uso" (Firmino et al., 2025; Larrea-Alcázar et al., 2018). Esto resalta la importancia de considerar las comunidades humanas en futuros análisis biogeográficos y por supuesto, por todo lo mencionado y por justicia socioecológica, en planes de manejo de bosques y otros ecosistemas.

Conclusión

Las variables más correlacionadas con la distribución muestreada de árboles en la de castaña en la Amazonía boliviana son el pH del suelo, la amplitud térmica media diaria; en similar medida, la precipitación del trimestre más frío y la precipitación media anual; el rango anual de temperatura; la densidad aparente de la fracción de tierra fina; la proporción de arena del suelo y la temperatura máxima del mes más cálido. El mapa de distribución propuesto en base a estas variables indica áreas potenciales de presencia el departamento de Pando y el norte de La Paz y Beni. El presente estudio es una referencia para comprender mejor la relación entre esta especie amazónica y las características del ambiente. Sin embargo, dada la importancia ecológica y económica de la especie son necesarios más estudios de *Bertholletia excelsa*, desde aquellos que incrementen los registros y la información fundamental, hasta análisis temporales y que consideren directamente a las poblaciones humanas, para contribuir más efectivamente al manejo sostenible de esta valiosa relación entre bosques y seres humanos.

Referencias bibliográficas

- Coritza, E. F. 2017. Estudio climatológico de la cuenca del río Beni. Proyecto de grado para obtener el título de Licenciado en Ingeniería civil. Universidad Mayor de San Andrés, La Paz, Bolivia.
- bm_VariablesImportance: Variables' importance calculation in biomodhub/biomod2: Ensemble Platform for Species Distribution Modeling. (s/f). Recuperado el 11 de julio de 2024, de https://rdrr.io/github/biomodhub/biomod2/man/bm_VariablesImportance.html
- Caetano Andrade, V. L., Flores, B. M., Levis, C., Clement, C. R., Roberts, P., & Schöngart, J. (2019). Growth rings of Brazil nut trees (Bertholletia excelsa) as a living record of historical human disturbance in Central Amazonia. PLOS ONE, 14(4), e0214128. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0214128

- Cardoso, D., Särkinen, T., Alexander, S., Amorim, A. M., Bittrich, V., Celis, M., Daly, D. C., Fiaschi, P., Funk, V. A., Giacomin, L. L., Goldenberg, R., Heiden, G., Iganci, J., Kelloff, C. L., Knapp, S., Cavalcante De Lima, H., Machado, A. F. P., Dos Santos, R. M., Mello-Silva, R., … Forzza, R. C. (2017). Amazon plant diversity revealed by a taxonomically verified species list. Proceedings of the National Academy of Sciences, 114(40), 10695–10700. https://doi.org/10.1073/pnas.1706756114
- Chambilla Flores, H. R. (2025). La exportacion de la castaña y su influencia en el desarrollo productivo en Bolivia periodo: 2000 – 2022 [Thesis]. https://repositorio.umsa.bo/xmlui/handle/123456789/42251
- Duchelle, A. E., Guariguata, M. R., Less, G., Albornoz, M. A., Chavez, A., & Melo, T. (2011, septiembre 5). Evaluating the opportunities and limitations to multiple use of Brazil nuts and timber in Western Amazonia. CIFOR. https://doi.org/10.1016/j.foreco.2011.05.023
- Fauset, S., Johnson, M. O., Gloor, M., Baker, T. R., Monteagudo M., A., Brienen, R. J. W., Feldpausch, T. R., Lopez-Gonzalez, G., Malhi, Y., ter Steege, H., Pitman, N. C. A., Baraloto, C., Engel, J., Pétronelli, P., Andrade, A., Camargo, J. L. C., Laurance, S. G. W., Laurance, W. F., Chave, J., … Phillips, O. L. (2015). Hyperdominance in Amazonian forest carbon cycling. Nature Communications, 6(1), 6857. https://doi.org/10.1038/ncomms7857
- Fick, S. E., & Hijmans, R. J. (2017). WorldClim 2: New 1-km spatial resolution climate surfaces for global land areas. International Journal of Climatology, 37(12), 4302–4315. https://doi.org/10.1002/joc.5086
- Firmino, A. V., Kainer, K. A., Wadt, L. H. O., Silva, H. J. P. da, Gonçalves, D. A., Rodrigues, E. G., & Guedes, M. C. (2025). Amazonian forest conservation through sustainable use: Evidence based on Brazil nut life histories linked to human occupation. Environmental Conservation, 52(3), 98–107. https://doi.org/10.1017/S0376892925100143

- Flores da Fonseca, F., Rover, O., Wadt, L., & Cartaxo, C. (2021). Sustainability indicators of the Brazil nut tree management. Revista Brasileira de Ciências Ambientais, 56, 551–563. https://doi.org/10.5327/Z21769478889
- Freitas Melo, V., Hulmann Batista, A., Zimmer Barbosa, J., Barbero, L., Gomes, R., & Menezes Dultra, M. T. (2018). Soil quality and reforestation of the Brazil nut tree (Bertholletia excelsa Bonpl.) after laterite-type bauxite mining in the Brazilian Amazon forest. Ecological Engineering, 125, 111–118. https://doi.org/10.1016/j.ecoleng.2018.10.016
- Guariguata, M. R., Cronkleton, P., Duchelle, A. E., & Zuidema, P. A. (2017). Revisiting the 'cornerstone of Amazonian conservation': A socioecological assessment of Brazil nut exploitation. Biodiversity and Conservation, 26(9), 2007–2027. https://doi.org/10.1007/s10531-017-1355-3
- Hengl, T., Mendes De Jesus, J., Heuvelink, G. B. M., Ruiperez Gonzalez, M., Kilibarda, M., Blagotić, A., Shangguan, W., Wright, M. N., Geng, X., Bauer-Marschallinger, B., Guevara, M. A., Vargas, R., MacMillan, R. A., Batjes, N. H., Leenaars, J. G. B., Ribeiro, E., Wheeler, I., Mantel, S., & Kempen, B. (2017). SoilGrids250m: Global gridded soil information based on machine learning. PLOS ONE, 12(2), e0169748. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0169748
- Hijmans, R. J., Cameron, S. E., Parra, J. L., Jones, P. G., & Jarvis, A. (2005). Very high resolution interpolated climate surfaces for global land areas. International Journal of Climatology, 25(15), 1965–1978. https://doi.org/10.1002/joc.1276
- IBCE, I. B. de C. E. (2010). Bolivia líder mundial en exportación de castaña (No. 185). Instituto Boliviano de Comercio Exterior. https://ibce.org.bo/images/publicaciones/bolivia-lider-exportacion-castana-ce185.pdf
- IBCE, I. B. de C. E. (2021). BOLIVIA: EVOLUCIÓN DE LAS EXPORTACIONES DE CASTAÑA PERÍODO 2011-2020 (No. 1013). Instituto Boliviano de Comercio Exterior. https://ibce.org.bo/publicaciones-ibcecifras-pdf.php?id=989

- Jenkins, C. N., Pimm, S. L., & Joppa, L. N. (2013). Global patterns of terrestrial vertebrate diversity and conservation. Proceedings of the National Academy of Sciences, 110(28). https://doi.org/10.1073/pnas.1302251110
- Jetz, W., McPherson, J. M., & Guralnick, R. P. (2012). Integrating biodiversity distribution knowledge: Toward a global map of life. Trends in Ecology & Evolution, 27(3), 151–159. https://doi.org/10.1016/j.tree.2011.09.007
- Larrea-Alcázar, D. M., Villanueva, G., Poma, A., Ruiz, Z.-, Araujo-Murakami, A., Altamirano, S., & Ugarte, C. D. (2018). The Brazil nut tree (Bertholletia excelsa Bonpl., Lecythidaceae) in Bolivia: Geographical distribution and deforestation impacts 2010-2015.
- Molina-Carpio, J., Espinoza, J. C., Vauchel, P., Ronchail, J., Gutierrez Caloir, B., Guyot, J.-L., & Noriega, L. (2017). Hydroclimatology of the Upper Madeira River basin: Spatio-temporal variability and trends. Hydrological Sciences Journal, 62(6), 911–927. https://doi.org/http://dx.doi.org/10.1080/02626667.2016.1267861
- Naoki, K., Gómez, M. I., López, R. P., Meneses, R. I., & Vargas, J. (2006). Comparación de modelos de distribución de especies para predecir la distribución potencial de vida silvestre en Bolivia. Ecología en Bolivia, 41(1), 65–78.
- Oliveira Brandão, D., Arieira, J., & Afonso Nobre, C. (2023). Threats and Sustainability of Brazil Nut (Bertholletia excelsa Bonpl.) Pre-Industrialization in the Amazon Region. En Sustainable Development (Vol. 0). IntechOpen. https://doi.org/10.5772/intechopen.113715
- Poggio, L., de Sousa, L. M., Batjes, N. H., Heuvelink, G. B. M., Kempen, B., Ribeiro, E., & Rossiter, D. (2021). SoilGrids 2.0: Producing soil information for the globe with quantified spatial uncertainty. SOIL, 7(1), 217–240. https://doi.org/10.5194/soil-7-217-2021
- Shanley, P., Pierce, A. R., S.A., L., & D., R. (2008). Beyond timber: Certification and management of non-timber forest products. Center for International Forestry Research (CIFOR). https://doi.org/10.17528/cifor/002543

- Soriano, M., Mohren, F., Ascarrunz, N., Dressler, W., & Peña-Claros, M. (2017). Socio-ecological costs of Amazon nut and timber production at community household forests in the Bolivian Amazon. PLOS ONE, 12(2), e0170594. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0170594
- Stoian, D. (2004). Cosechando lo que cae: La economía de la castaña (Bertholletia excelsa H.B.K.) en la Amazonía boliviana. En Productos Forestales, Medios de Subsistencia y Conservación: Estudios de Caso sobre Sistemas de Manejo de Productos Forestales No Maderables (Vol. 3).
- ter Steege, H., Pitman, N., Sabatier, D., Baraloto, C., Salomão, R., Guevara-Andino, J., Phillips, O., Castilho, C., Magnusson, W., Molino, J.-F., Monteagudo, A., Vargas, P., Montero, J., Feldpausch, T., Honorio Coronado, E., Killeen, T., Mostacedo, B., Vásquez Martínez, R., Assis, R., & Silman, M. (2013). Hyperdominance in the Amazonian Tree Flora. Science (New York, N.Y.), 342, 1243092. https://doi.org/10.1126/science.1243092
- Tourne, D. C. M., Ballester, M. V. R., James, P. M. A., Martorano, L. G., Guedes, M. C., & Thomas, E. (2019). Strategies to optimize modeling habitat suitability of Bertholletia excelsa in the Pan-Amazonia. Ecology and Evolution, 9(22), 12623–12638. https://doi.org/10.1002/ece3.5726
- Trabucco, A., & Zomer, R. J. (2019). Global Aridity Index and Potential Evapotranspiration (ET0) Climate Database v2 [Dataset]. figshare. https://doi.org/10.6084/m9.figshare.7504448.v3
- Vauchel, P., Santini, W., Guyot, J.-L., Moquet, J. S., Martinez, J. M., Espinoza, J. C., Baby, P., Fuertes, O., Noriega, L., Puita, O., Sondag, F., Fraizy, P., Armijos, E., Cochonneau, G., Timouk, F., de Oliveira, E., Flilzola, L., Molina, J., & Ronchail, J. (2017). Vauchel2017_A-reassessment-of-the-suspended-sediment-load-in-the-Madeira-Riv.pdf.
- Zuidema, P. A. (2003). Ecología y manejo del árbol de Castaña. Programa Manejo de Bosques de la Amazonía Boliviana, PROMAB.

IDENTIFICACION, CUANTIFICACIÓN Y EVALUACION FARMACOLOGICA DE BIFLAVONOIDES EN TRES PODOCARPUS DE BOLIVIA

(Plenaria)

Marcos Quiroz, Yonny Flores1, Gloria Rodrigo, Giovanna R. Almanza
Instituto de Investigaciones Químicas IIQ, Bioorgánica, Universidad Mayor de San Andrés UMSA, Av. Villazón N° 1995, La Paz, Bolivia;
Instituto de Biología Molecular y Biotecnología IBMB, Geno/Citotoxicología, Universidad Mayor de San Andrés UMSA
mquiroz@ucb.edu.bo

Semblanza:

Profesional en Ciencias Químicas con formación de licenciatura, maestría y diplomado en educación superior, fortalecida internacionalmente mediante beca ERASMUS en la Universidad de Burgos (España). Especialista en Química Orgánica y Bioorgánica, con experiencia en investigación aplicada en productos naturales, pesticidas orgánicos, síntesis de biomoléculas y evaluación de compuestos con potencial farmacológico e industrial. Cuenta con publicaciones científicas, participación en congresos y reconocimientos, destacando el Premio Plurinacional de Ciencia y Tecnología 2025. Maneja técnicas analíticas avanzadas (HPLC, GC, RMN, UV-Vis) y actualmente se desempeña como responsable del Laboratorio de Química en la Universidad Católica Boliviana San Pablo, colaborando en proyectos de investigación.

Resumen

El presente trabajo aborda el estudio fitoquímico, aislamiento, caracterización estructural y cuantificación de bisflavonoides en tres especies de Podocarpus (P. oleifolius, P. ingensis y P. parlatorei), integrando técnicas experimentales, cromatográficas y espectroscópicas. La investigación comprende desde la recolección

del material vegetal y obtención de extractos etanólicos hasta la identificación y cuantificación de compuestos bioactivos.

El estudio fitoquímico preliminar, mediante ensayos cualitativos (Dragendorff, Mayer, Shinoda, Liebermann–Burchard, entre otros), evidenció la presencia de alcaloides, glicósidos, saponinas, triterpenos, taninos, compuestos fenólicos y flavonoides, destacando los bisflavonoides como metabolitos de interés.

El aislamiento se realizó mediante cromatografía líquida al vacío (VLC), seguido de purificaciones por cromatografía flash, Sephadex LH-20, HPLC y TLC preparativa. Se aislaron compuestos como Podocarpus flavona A, putraflavona, sciadopitisina, 7,4'-O-dimetilamentoflavona y pelargonidina, caracterizados por RMN (^{1}H, ^{13}C y técnicas bidimensionales), confirmando estructuras flavónicas altamente oxigenadas.

Se desarrolló un método analítico por HPLC (columna C18, gradiente metanol–agua/ácido fórmico) con curvas de calibración lineales, permitiendo cuantificar bisflavonoides en extractos crudos y evidenciar variabilidad interespecífica. Adicionalmente, en P. ingensis se evaluó la variación altitudinal (1820–2040 msnm) mediante UV-Visible, observándose cambios en la concentración asociados a factores ambientales.

Los extractos y compuestos aislados mostraron actividad anti proliferativa en líneas celulares. En conjunto, los resultados evidencian una distribución diferencial de bisflavonoides y aportan información relevante sobre la quimio diversidad del género, con potencial en bioprospección y aplicaciones farmacológicas.

Palabras clave:

Bisflavonoides, actividad antioxidante, citotoxicidad en Hela, A-549 y CaCo-2

Introducción:

La familia Podocarpaceae es uno de los grupos de coníferas más diversos, tanto morfológica como ecológicamente, y está ampliamente distribuida en los bosques tropicales y subtropicales. A nivel mundial, comprende 20 géneros y 219 especies, de las

cuales 7 géneros y 48 especies se encuentran en América. [1,2] El género Podocarpus L'Hér. ex Pers. es el género más grande y de mayor distribución de la familia, con especies nativas presentes en todos los continentes excepto Europa.[3] La mayor diversidad de especies se concentra en Asia tropical y subtropical, América del Sur y América Central. Muchas especies de Podocarpus son valoradas como recursos madereros, y un número considerable se encuentra actualmente amenazado debido a la deforestación y el cambio climático. En Bolivia se han reportado ocho especies de Podocarpus. En varias regiones del mundo, las especies de Podocarpus se utilizan tradicionalmente en la medicina popular. Se han empleado diferentes partes de la planta para tratar dolencias como fiebres, asma, tos, cólera, artritis, reumatismo, dolor articular y enfermedades venéreas. En algunos países africanos, los extractos de la corteza se utilizan como remedios herbales para tratar enfermedades del ganado, incluyendo la enfermedad de la bilis en el ganado vacuno y el moquillo en los perros. Sin embargo, en Bolivia y otras zonas de Sudamérica, el uso documentado de las especies de Podocarpus se ha limitado principalmente a la madera para la construcción y como combustible, con escasos registros de aplicaciones medicinales tradicionales.[4] Las investigaciones fitoquímicas de varias especies de Podocarpus han identificado dilactonas nor- y dinorditerpenoides, junto con bisflavonoides de los grupos amentoflavona e hinokiflavona, como componentes principales y marcadores quimiotaxonómicos del género.[5,7,8,9,10] Varios bisflavonoides de Podocarpus han mostrado una marcada actividad biológica. Por ejemplo, la amentoflavona es un potente inhibidor de la fosfodiesterasa de nucleótidos y la ciclooxigenasa, y modula la expresión de genes proinflamatorios, mientras que la 2,3-dihidro-4′,4″-di-O-metilamentoflavona ha demostrado una fuerte actividad inhibidora de la tirosinasa y efectos sobre la citotoxicidad de los melanocitos [11]. Se ha informado que la flavona A del podocarpo (PFA), otro bisflavonoide prominente, inhibe la señalización de STAT3 mediante la supresión de la fosforilación de JAK2, lo que resulta en la detención del ciclo celular y la apoptosis en células de melanoma, y se considera un prometedor inhibidor de la proliferación de células de melanoma [12]. Además, se ha identificado el

PFA como un inhibidor intracelular de Mycobacterium tuberculosis, demostrando eficacia y seguridad in vivo en terapias combinadas para la tuberculosis.[13] El PFA también ha demostrado actividad citotóxica contra varias líneas celulares tumorales (DLD, KB, MCF-7, Hep-2), induciendo apoptosis y exhibiendo una actividad inhibitoria moderada de la topoisomerasa I.[14]

Metodología

Materiales y reactivos

Los espectros de resonancia magnética nuclear (RMN) se registraron en un equipo de RMN de 300 MHz (Bruker) utilizando $CDCl_3$ y DMSO-d_6 (Sigma-Aldrich) como disolventes. Los cromatogramas de HPLC se obtuvieron en un equipo Agilent serie 1100 con una bomba cuaternaria, un detector de matriz de diodos (DAD) y una columna RP-Silica C18 de 250 × 4,6 mm E10174. Todos los disolventes utilizados fueron de grado HPLC y el agua ultrapura se obtuvo mediante un equipo de ultrafiltración (marca Satoorius Stedi m). Las extracciones y separaciones se realizaron con disolventes comerciales previamente purificados por destilación. Los fraccionamientos se llevaron a cabo mediante cromatografía de absorción en columnas de gel de sílice 60 (63-200 mesh) y gel de sílice 60 G (Merck).

Area de estudio

Para este estudio se recolectaron partes aéreas de tres especies bolivianas del género Podocarpus: *P. oleifolius, P. ingensis* y *P. parlatorei*. Las dos primeras, *Podocarpus oleifolius* (48°07´09´´S; 54°25´16´´O) y *P. ingensis* (34°27´41´´S, 40°19´37´´O), se recolectaron en el cerro Uchumachi, ubicado en el municipio de Coroico, provincia de Nor Yungas, La Paz, Bolivia, mientras que *Podocarpus parlatorei* se recolectó en la carretera Sucre-Padilla (20°08´03´´S; 64°21´29´´O). Todas las especies fueron identificadas por la Lic. Arely Palabral, quien forma parte del Herbario Nacional de Bolivia (LPB), donde se encuentran las muestras de los especímenes recolectados.

Aislamiento de Biflavonoides

El aislamiento de los cinco biflavonoides BO1, BO2, BOU, BOV y BIU, se llevó a cabo a partir de un extracto etanólico, siguiendo una metodología de fraccionamiento y purificación controlada. El proceso inclusión la separación inicial mediante cromatografía en columna con gel de sílice como fase estacionaria, seguida de la purificación del compuesto mediante cromatografía líquida preparativa de alta resolución (HPLC). La identificación estructural del compuesto aislado se confirma mediante técnicas espectroscópicas, incluyendo HPLC analítica y resonancia magnética nuclear (RMN).

Cuantificación de Biflavonoides

Se desarrolló un método de análisis para la cuantificación de biflavonoides, en un equipo HPLC Agilent 1100 Series, a 30°C, empleando como fase móvil un sistema de gradiente de solvente: Solvente B = Metanol; Solvente B = Ácido fórmico sl 0,1 % en agua; el gradiente utilizado fue 75% B y 25% A a los 0 minutos, después de 20 minutos se incrementa a un 100% B, a flujo constante de 0,8 mL/min a cada concentración del compuesto puro, y en base a una representación gráfica de la relación de altura Vs concentración del patrón se obtuvo la curva de calibración, teniendo un LOD de 0,098 ppm y un LOQ de 0,327 ppm; Para la cuantificación de los diferentes biflavonoides aislados en el género Podocarpus, tenemos a la BO1 presente en los extractos etanólicos de todas las especies colectadas, realizándose una curva de calibración, para lo que se procedió a preparar concentraciones de BO1, a 5, 10, 15 y 20 ppm (a 270 nm, tR = 8,156 min), se midió la altura al pico correspondiente a cada concentración del compuesto puro, y en base a una representación gráfica de la relación de altura Vs concentración del patrón se obtuvo la curva de calibración, para el compuesto BOV se procedió a preparar concentraciones de 15, 20, 25 y 30 ppm (a 270 nm, tR = 10,305 min), se midió la altura al pico correspondiente a cada concentración del compuesto puro, y en base a una representación gráfica de la relación de altura Vs concentración del patrón se obtuvo la curva de calibración (figura 4), para el compuesto BOU se procedió a preparar concentraciones de 20, 25, 30 y 35 ppm (a 270 nm, tR = 7,506 min), se midió la altura al pico correspondiente a cada concentración del compuesto puro, y en base a una representación gráfica de la relación

de altura Vs concentración del patrón se obtuvo la curva de calibración, para el compuesto BIU se procedió a preparar concentraciones de 25, 30, 35 y 40 ppm (a 270 nm, tR = 14,272 min), se midió la altura al pico correspondiente a cada concentración del compuesto puro, y en base a una representación gráfica de la relación de altura Vs concentración del patrón se obtuvo la curva de calibración, y para el compuesto BO2 se procedió a preparar concentraciones de 20, 25, 30 y 35 ppm (a 270 nm, tR = 12,519 min), se midió la altura al pico correspondiente a cada concentración del compuesto puro, y en base a una representación gráfica de la relación de altura Vs concentración del patrón se obtuvo la curva de calibración.

Actividad Anti proliferativa

Para el cultivo celular, se siguió el protocolo descrito por Iturri y Rodrigo (2018).[15], en el que las líneas celulares A549, HeLa y CaCo-2 se cultivaron en DMEM suplementado con 10 % (v/v) de suero fetal bovino, L-glutamina y antibióticos a 37 °C en una atmósfera humidificada con 5 % de CO_2. Para obtener un número suficiente de células, cada línea celular se cultivó hasta alcanzar aproximadamente el 90 % de confluencia y se desprendió con tripsina al 0,05 %/EDTA al 0,02 %.

Para el ensayo MTT, se sembraron 1×10^4 células por pocillo en placas de 96 pocillos. Veinticuatro horas después de la incubación en CO2, se añadieron los compuestos en las diferentes concentraciones estudiadas. Las células se cultivaron durante 48 horas. Se añadieron 20 µL de una solución de MTT (5 mg/mL en PBS; Sigma-Aldrich) a cada pocillo y las placas se incubaron durante 1 hora. El formazán producido por la reducción de las células vivas se disolvió en 100 µL de DMSO al 100%. La placa se agitó durante 10 minutos a temperatura ambiente para disolver el precipitado. La absorbancia se midió a 540 nm utilizando un lector de ELISA. Las curvas dosis-respuesta y los porcentajes de proliferación celular se calcularon con el software GraphPad Prism. Los valores mostrados representan la media de dos ensayos, cada uno realizado con tres réplicas.

Resultados y discusión

Para el aislamiento de los bisflavonoides, de los extractos etanólicos crudos, se siguió los procesos descritos en el apartado anterior, pudiéndose obtener 5 compuestos aislados de alta pureza, los cuales fueron identificados gracias al análisis por experimentos de RMN 1D y 2D, como se muestra en la figura 1, indicando las señales que corresponden a sus homólogos teóricos (tabla 1), lo que indica la correcta elucidación.

Figura 1. Aislamiento de Biflavonoides.

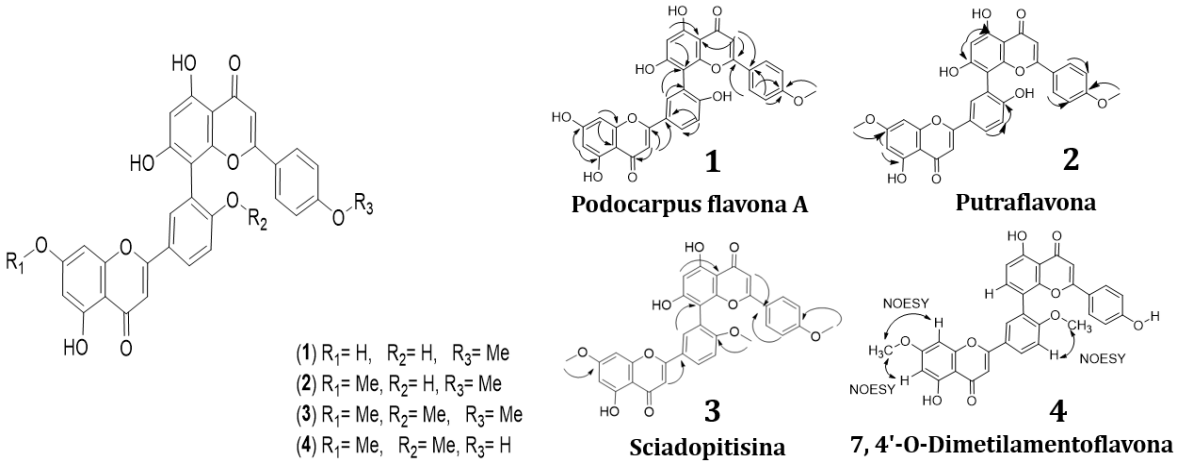


Tabla 1. Datos RMN^{1}H y RMN^{13}C de Podocarpus flavona A, Putraflavona, Sciadopitisina y 7,4´-o-dimetilamentoflavona.

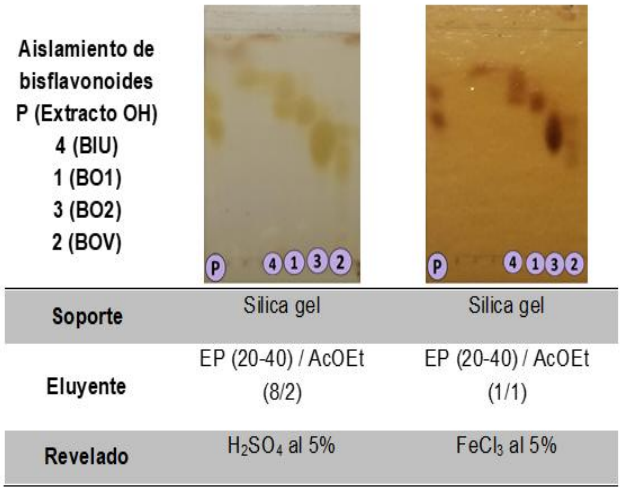
N° C	1 δ ^{13}C Exp*.	1 δ ^{13}C Bib. [14]	2 δ ^{13}C Exp*.	2 δ ^{13}C Bib. [15]	3 δ ^{13}C Exp*.	3 δ ^{13}C Bib. [16]	4 δ ^{13}C Exp*.	4 δ ^{13}C Bib. [17]
2	164.4	164.5	164.5	164.6	164.1	163.6	164.2	165
3	103.7	104.7	103.7	103.8	104.3	103.9	102.9	103.9
4	182.2	182.6	182.4	182.5	182,4	182.0	182.3	181.3
5	162.6	162.8	161.6	160.8	161,1	161.1	161.5	161
6	99.3	99.8	98.5	98.6	98,6	98.2	98.6	98.7
7	164.5	165.6	165.6	165.6	165,7	165.2	165.7	164
8	94.5	94.7	93.1	93.2	93,2	92.8	93.2	92.6
9	157.8	158.3	157.8	157.8	157,8	157.4	157.8	157.2
10	104.9	104.8	104.5	104.5	105,2	104.8	104.3	103.2
1'	120.9	121.5	123.4	121.4	122,9	122.4	121.7	120
2'	131.8	132.4	131.9	131.9	131,4	130.9	131.4	NR
3'	123.5	122.2	120.5	120.5	122,2	121.6	122.8	122.9
4'	161.9	161.1	160.1	160.2	161,0	160.6	161.1	159.7
5'	117.1	117.0	116.7	116.7	111,2	111.8	115	116.2
6'	128.4	128.1	128.4	128.5	128,8	128.4	128.6	127,9
2"	163.5	163.9	163.7	163.8	163,5	163.1	163.8	163.1
3"	104.1	104.0	103.6	103.7	104,1	103.2	105.2	103.1
4"	182.5	182.9	182.6	182.7	182,5	182.1	182.4	182
5"	161.9	162.1	161.0	161.1	160,8	160.7	160.5	161.9
6"	99.6	99.7	99.1	99.2	99,2	98.7	98	99.6
7"	163.5	163.7	162.5	162.4	161,6	161.8	161.1	162.12
8"	103.7	103.9	104.1	104.2	104,0	103.7	102.9	103.6
9"	155.0	155.6	155.0	155.1	154,8	154.4	154.8	154.6
10"	104.9	105.2	105.2	105.2	103,7	103.6	104.3	NR
1'"	121.0	121.5	121.3	123.5	123,3	122.8	122.5	120.8
2"'/6"'	128.4	128.2	128.4	128.5	128,3	127.8	128.4	127.9
3"'/5"'	114.9	114.7	115.0	115.1	115,0	114.6	116.3	114.4
4'"	161.0	162.6	162.7	162.8	162,7	162.3	161.1	161
4'"-OCH_3	55.9	55.2	56.0	56.1	56,4	56.1		
7-OCH3			56.5	56.6	56,5	56.0	56.5	55.5
4'"-OCH3					56,0	55.5	56.4	56

Resultados de cuantificación por HPLC

La cuantificación de los bisflavonoides se realizó en las fracciones ricas en bisflavonoides de los extractos etanólicos de cada especie porque presentaban menos complejidad y más viabilidad para el análisis por HPLC. Los resultados de cuantificación de bisflavonoides, en *P. oleifolius, P. ingensis* y *P. parlatorei*, se muestran en la tabla 2, donde se da la cantidad en miligramos de los diferentes compuestos aislados, por cada kilogramo de planta seca, por extrapolación de datos.

Tabla 2. Contenido de bisflavonoides (1 – 4), en hojas de P. oleifolius, P. ingensis, y P. parlatorei

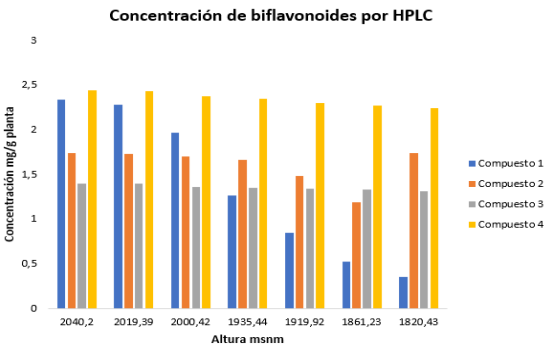
Especie	mg de 1 / g de planta	mg de 2 / g de planta	mg de 3 / g de planta	mg de 4 / g planta
P. oleifolius	2,02 ± 0,0023	1,79 ± 0,0012	1,30 ± 0,0026	1,68 ± 0,00
P. ingensis	2,06 ± 0,0067	1,74 ±0,0037	1,35 ± 0,0032	2,44 ± 0,00
P. parlatorei	1,58 ± 0,0036	1,03 ±0,0022	1,50 ± 0,0014	2,39 ± 0,00



Para el análisis del incremento por gradiente altitudinal se vio la necesidad de obtener diferentes extractos etanólicos, los mismos siguieron la metodología estandarizada de obtención de extractos, por lo cual cada muestra fue tratada de acuerdo a la metodología utilizada para todos los extractos, de acuerdo a lo descrito, los resultados obtenidos para cada muestra son los mostrados en la (tabla 2).

Tabla 3. Resultados de la cuantificación por UV, de podoflavona A, en muestras colectadas de P. ingensis, en un gradiente altitudinal del noreste del departamento de La Paz

Muestra	Elevación msnm	mg (1) / g planta seca Método HPLC	mg (2) / g planta seca Método HPLC	mg (3) / g planta seca Método HPLC	mg (4) / planta se Método HI
1	2040,20	2,34	1,74	1,40	2,44
2	2019,39	2,28	1,73	1,40	2,43
3	2000,42	1,97	1,70	1,36	2,37
4	1935,44	1,26	1,66	1,35	2,35
5	1919,92	0,85	1,48	1,34	2,30
6	1861,23	0,52	1,19	1,33	2,27
7	1820,43	0,35	1,74	1,31	2,24



Actividad antiproliferativa

La evaluación de la capacidad antiproliferativa de los extractos etanólicos de Podocarpus oleifolius en células de cáncer de colon (CaCo-2), cáncer de cuello uterino (HeLa) y cáncer de pulmón (A549) se muestra en la Figura 2. Como se observa en la Figura 3, las células de cáncer de cuello uterino (HeLa) expuestas al extracto etanólico de P. oleifolius no mostraron inhibición del crecimiento; en cambio, se observó un aumento de la proliferación celular dependiente de la dosis a partir de 12,5 µg/mL. En las células de cáncer de pulmón (A549), el extracto no afectó significativamente la proliferación celular en concentraciones entre 6,25 y 50 µg/mL, mientras que a 100 µg/mL indujo una ligera respuesta proliferativa en comparación con el control sin tratamiento. En el caso de las células de cáncer de colon (CaCo-2), la exposición al extracto etanólico de P. oleifolius no alteró la proliferación en ninguna de las concentraciones evaluadas. Estos resultados indican que el extracto etanólico de P. oleifolius no presenta actividad antiproliferativa contra las líneas celulares cancerosas evaluadas y, a concentraciones más altas, incluso puede promover el crecimiento celular en las células HeLa y A549.

Figura 2. Actividad citotóxica del extracto etanólico de Podocarpus oleifolius en tres líneas celulares cancerosas.

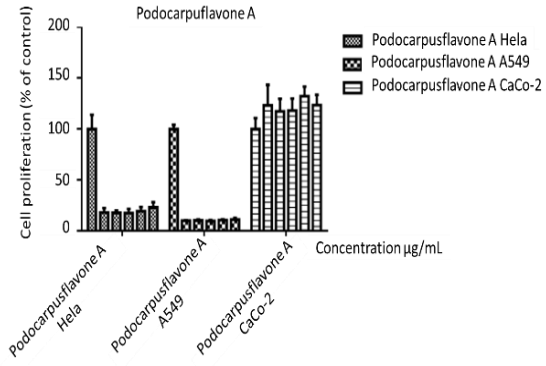
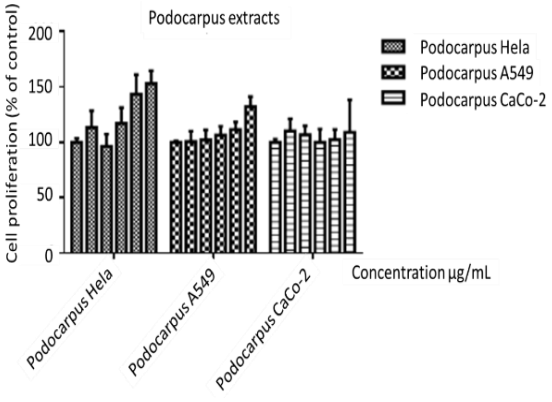


Figura 3. Actividad citotóxica de la flavona A de Podocarpus (PFA) en tres líneas celulares cancerosas.



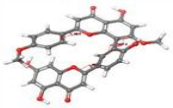
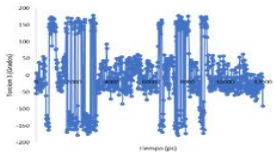
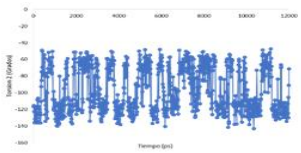
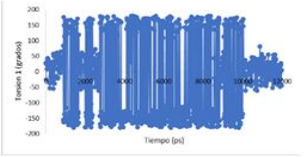
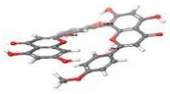
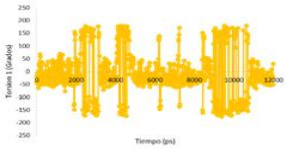
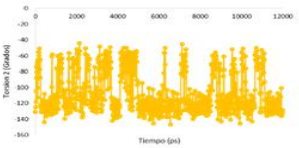
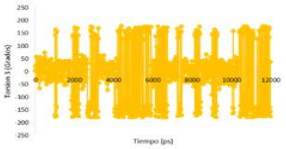
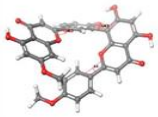
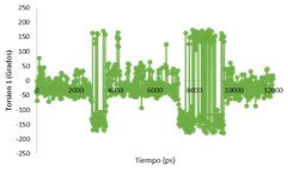
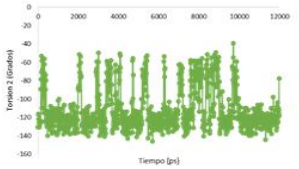
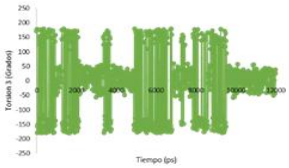
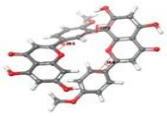
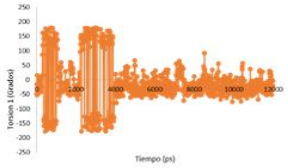
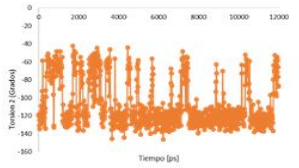
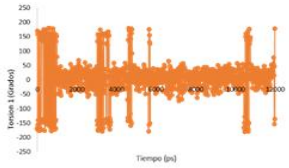
Dinámicas moleculares

Los resultados de los diferentes análisis fueron obtenidos en dos etapas:

- 1° Obtención del confórmero de menor energía y disposición espacial
- 2° Análisis de tres ángulos de torsión molecular mediante el uso de DM, los cuales nos enviaron datos de distribución poblacional y la amplitud de movimiento que presentara la molécula espacialmente en los medios dados.

Dentro la primera y segunda etapa del análisis, se obtuvieron los resultados mostrados en la tabla 4

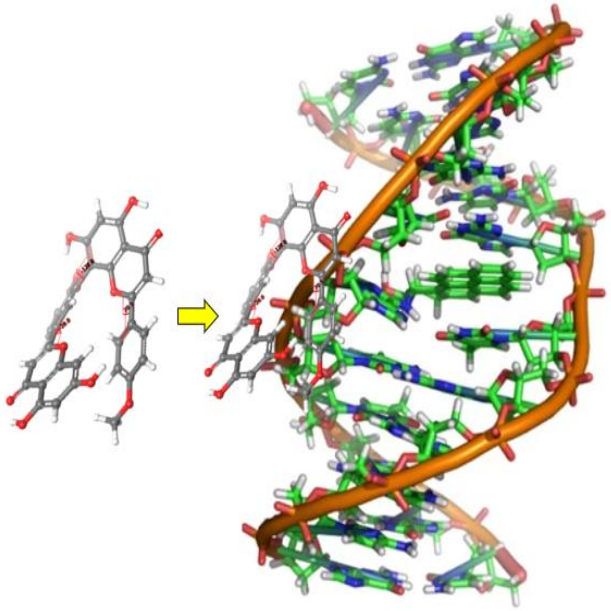
Tabla 4.16 Amplitud de movimiento, respecto a cada punto de torsión, para el confórmero de menor energía obtenido.

MUESTRA	TORSIÓN 1	TORSIÓN 2	TORSIÓN 3
Compuesto 4 (BIU) 			
Compuesto 1 (BO1) 			
Compuesto 2 (BOV) 			
Compuesto 3 (BO2) 			

Teniendo una flexibilidad de movimiento de acuerdo a los valores de la tabla 4.

Tabla 4. Amplitud de movimiento, poblaciones porcentuales y desviación estándar, obtenidas respecto al confórmero de menor energía obtenido.

MUESTRA	DATOS	TORSIÓN 1	TORSIÓN 2	TORSI
Compuesto 4	Amplitud de movimiento	-16.8° ± 29.2	-119.3 ± 8.6	12.3° ±
	Población porcentual relativa	63.3 %	53.9%	28.2
Compuesto 1	Amplitud de movimiento	-21.2° ± 26.9	-123.3° ± 8.9	10.1° ±
	Población porcentual	62.4 %	70.2 %	47.01
Compuesto 2	Amplitud de movimiento	-24.6° ± 25.5	-123.1° ± 8.4	10.9° ±
	Población porcentual	65.9 %	77.05 %	48.8
Compuesto 3	Amplitud de movimiento	-25.2° ± 23.9	-122.5° ± 7.9	7.5° ±
	Población porcentual	71.2%	71.8 %	77.4



Conclusión:

La presente investigación demostró que *Podocarpus oleifolius, P. ingensis* y *P. parlatorei* constituyen fuentes relevantes de compuestos fenólicos, particularmente bisflavonoides. El análisis fitoquímico confirmó un perfil rico en metabolitos secundarios, destacando flavonoides y triterpenos. Se optimizó la extracción etanólica, estableciendo 24 h para hojas y 72 h para tallos como condiciones óptimas.

Mediante técnicas cromatográficas y espectroscópicas se aislaron e identificaron cuatro bisflavonoides tipo amentoflavona (Podocarpus flavona A, putraflavona, sciadopitisina y 7,4'-O-dimetilamentoflavona), además de la antocianina pelargonidina. La cuantificación por HPLC evidenció la presencia de estos compuestos en las tres especies, con mayores concentraciones en P. ingensis. Asimismo, se observó un incremento en el contenido de flavonoides y bisflavonoides con la altitud, sugiriendo una relación con factores ambientales como la radiación UV y el estrés oxidativo.

Los extractos y compuestos aislados mostraron alta capacidad antioxidante, validando su potencial bioactivo. Destaca Podocarpus flavona A, que presentó actividad citotóxica selectiva frente a líneas celulares de cáncer, posicionándose como un candidato prometedor para el desarrollo de agentes antineoplásicos. En conjunto, estos resultados aportan evidencia significativa sobre la quimiodiversidad del género Podocarpus en Bolivia y su potencial en bioprospección farmacológica.

Referencias bibliográficas

- **[1]** Page, C.N. 1990. Podocarpaceae. pp. 332-337. En: Kubitzki, K., Kramer, K.U. and Green, P.S. (Editors). The families and genera of vascular plants. Pteridophytes and Gymnosperms. Springer–Verlag, New York.
- **[2]** Khan, R., Hill, R. S., Liu, J., Biffin, E. Plants, 2023, 12, 1171. https://doi.org/10.3390/plants12051171.
- **[3]** Mill, R. R., Journal of Botany, 2014, 71, 309.
- **[4]** Killeen, T. J., Garcia E, E., & Beck, S. G. (1993). Guía de árboles de Bolivia
- **[5]** Abdillahi, H. S., Stafford, G. I., Finnie, J. F., & Van Staden, J., South African Journal of Botany, 2010, 76, 1.
- **[6]** Duke, J. A., & Ayensu, E. S. (1985). Medicinal Plants of China. Algonac, MI: Reference Publications; Riley, M. (1994). Māori Healing and Herbal: New Zealand Ethnobotanical Sourcebook. Paraparaumu, New Zealand: Viking Seven Seas.
- **[7]** Ito, S., & Kodama, M. (1976). Norditerpene dilactones from Podocarpus species. Heterocycles, 4, 595–624. doi:10.3987/R-1976-03-0595.
- **[8]** Roy, S. K., Qasim, M. A., Kamil, M., & Ilyas, M. (1987). Bisflavones from the genus Podocarpus. Phytochemistry, 26, 1985–1987.
- **[9]** Abdillahi, H. S., Stafford, G. I., Finnie, J. F., & Van Staden, J., South African Journal of Botany, 2010, 76, 1.
- **[10]** Kim, C., Le, D., Lee, M., Molecules, 2021, 26, 4326.

- **[11]** Cheng, K.-T., Hsu, F.-L., Chen, S.-H., Hsieh, P.-K., Huang, H.-S., Lee, C.-K., & Lee, M.-H., Chemical & Pharmaceutical Bulletin, 2007, 55, 757.
- **[12]** Meng, H., Pang, Y., Liu, G., Luo, Z., Tan, H., & Liu, X., Journal of Dermatological Science, 2020, 100, 201.
- **[13]** Araujo, M. H. d., Muñoz Sánchez, S., Simão, T. L. B. V., Nowik, N., Antunes, S. S., Pinto, S. C., Sorze, D., Boldrin, F., Manganelli, R., Correia Romeiro, N., Lasunskaia, E. B., Verbeek, F. J., Spaink, H. P., Muzitano, M. F., Pharmaceuticals, 2024, 17, 1560.
- **[14]** Yeh, P.-H., Shieh, Y.-D., Hsu, L.-C., Kuo-Yang, L.-M., Lin, J.-H., Liaw, C.-C., Kuo, Y.-H., Journal of Traditional and Complementary Medicine, 2012, 2, 220.
- **[15]** Iturri, J. P., Rodrigo, G. D., Revista Boliviana de Química, 2018, 35, 6.

FORMULACIÓN DE LUMINOL CON TRIS-BASE COMO ALTERNATIVA PARA LA DETECCIÓN DE MANCHAS HEMÁTICAS EN EL INSTITUTO DE INVESTIGACIONES TÉCNICO CIENTÍFICAS DE LA UNIVERSIDAD POLICIAL (IITCUP), LA PAZ – BOLIVIA

(Plenaria)

Salazar K., Sotopeña H., Villca S. y Luna R.

Instituto de Investigaciones Técnico Científicas de la Universidad Policial Mcal. Antonio José de Sucre: La Paz, Bolivia.

Dirección Nacional de Instrucción y Enseñanza, Universidad policial "Mcal. Antonio José de Sucre", Escuela Superior de Policías, Unidad académica Posgrado.

karisach@gmail.com

Semblanza:

M. Sc. Karina Salazar Chávez es bioquímica boliviana titulada por la Universidad Mayor de San Andrés (UMSA) y cuenta con una Maestría en Ciencias Biológicas y Biomédicas con mención en Biología Molecular, realizada con apoyo del IRD de Francia. Posee formación complementaria en cromatografía, validación de métodos analíticos, inteligencia estratégica y educación superior. Actualmente trabaja como perito en química, toxicología, biología y genética forenses en el Instituto de Investigaciones Técnico Científicas de la Universidad Policial "Mcal. Antonio José de Sucre" y desarrolla actividades de docencia de pregrado y posgrado.

Resumen

La detección de manchas hemáticas es fundamental en las ciencias forenses y el análisis de evidencias criminales. Este estudio evaluó una formulación de luminol con Tris-base

como alternativa a la formulación tradicional con carbonato de sodio para la detección de sangre en escenarios alterados. Se consideró que el carbonato de sodio al ser una sustancia controlada tiene restricciones operativas, mientras el Tris-base no presenta esas limitaciones. La investigación se realizó en los laboratorios del Instituto de Investigaciones Técnico Científicas de la Universidad Policial "Mcal. Antonio José de Sucre" (IITCUP, La Paz) con diseño experimental comparativo. Se aplicaron muestras de sangre humana sobre recortes de tela de algodón y poliéster (blancas y negras), sometidas a distintos lavados con agua y detergente. Se evaluaron la sensibilidad, especificidad, intensidad y duración de la luminiscencia, así como la reproducibilidad entre evaluadores. Los resultados mostraron que la formulación con Tris-base tuvo mayor sensibilidad, detectando sangre hasta una dilución de 1:1.000.000 frente a 1:50.000 con la formulación tradicional. La luminiscencia con Tris-base fue más uniforme y duradera (~90 s frente a 30 s con carbonato). En cuanto a especificidad, ambas reaccionaron sólo con muestras hemáticas humanas y animales, y sin respuesta a interferentes vegetales. Ambas fórmulas permitieron identificar rastros en prendas lavadas, aunque la calidad de detección dependió del tipo de lavado y color del tejido. En conclusión, la formulación luminol-Tris base demostró ser una alternativa más eficiente, reproducible y económica para detección de manchas hemáticas, con aplicación potencial en los laboratorios forenses de Bolivia.

Palabras clave: luminol, tris-base, manchas hemáticas, quimioluminiscencia, investigación criminal.

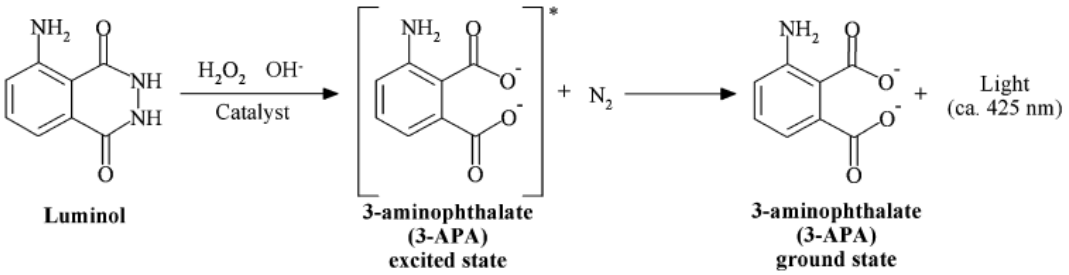
Introducción

La identificación de sangre modificada o alterada en la escena del crimen es un paso clave en la criminalística forense, pues permite orientar la recogida de evidencia biológica para posteriores análisis biológicos y genéticos.

El mecanismo se basa en la capacidad de la hemoglobina (Hb) para potenciar la oxidación del luminol en presencia de una solución alcalina, debido al efecto peroxidasa de la

hemoglobina. En condiciones alcalinas, el luminol pierde 1 o 2 átomos de hidrógeno y sufre un proceso de oxidación (generalmente se utiliza peróxido de hidrógeno o perborato de sodio). El anillo que contiene nitrógeno del compuesto se abre, dando lugar a una estructura intermedia excitada. La energía de este compuesto intermedio se libera en forma de luz azul fluorescente a 425 nm visible al ojo, figura 1 (Barni F., *et al.*, 2007). Sin embargo, el test de luminol tiene limitaciones conocidas: requiere un medio fuertemente alcalino (usualmente carbonato de sodio Na_2CO_3 o hidróxido de sodio NaOH) y puede producir reacciones cruzadas o falsos positivos ante oxidantes fuertes (lavandina) o compuestos con actividad peroxidasa (Stoica B., *et al.*, 2016). Además, la luminiscencia obtenida es breve, lo que complica su documentación fotográfica precisa. Estudios recientes han propuesto mejoras, como la modificación de protocolo o aditivos (urea, ciclodextrinas) para intensificar y prolongar la señal luminiscente. Por ejemplo, Stoica *et al*., demostraron que pretratamientos con agentes desnaturalizantes pueden aumentar la sensibilidad del ensayo y eliminar falsos positivos. Aun así, pocas investigaciones abordan alternativas de formulación química, como la sustitución del carbonato de sodio por bases diferentes.

Figura 1. Esquema de reacción de quimioluminiscencia del luminol.



Nota. Tomado de " Forensic application of the luminol reaction as a presumptive test for latent blood detection", por Barni, F., et al., 2007, Talanta, 72(3), p. 896-913.

En el contexto forense boliviano, los reactivos químicos están sujetos a regulaciones estrictas; en particular, el carbonato de sodio que se considera una sustancia controlada,

dificultando su adquisición y uso rutinario. En cambio, el Tris (tris(hidroximetil)aminometano) es un tampón orgánico ampliamente disponible, sin restricciones, que puede generar un medio alcalino adecuado. Sin embargo, no existe reporte publicado comparando sistemáticamente ambas formulaciones bajo condiciones forenses. Esto crea una brecha científico-institucional donde se desconoce si el Tris-base puede igualar o mejorar el rendimiento analítico del método clásico en escenarios forenses modificados, así como sí es seguro y práctico para uso policial.

El objetivo de la investigación es determinar la eficiencia de la formulación de luminol con Tris-base como alternativa a la formulación convencional con carbonato de sodio, para la detección de manchas hemáticas en indicios alterados. Se plantea un diseño experimental comparativo para evaluar parámetros de rendimiento clave (sensibilidad, especificidad, duración e intensidad de la luminiscencia) tanto en muestras no tratadas como en vestimentas sometidas a lavado. Esta propuesta integra perspectivas de bioquímica, biología forense y criminalística de campo, contribuyendo a la innovación tecnológica policial en Bolivia.

Metodología

Se obtuvo un paquete de 450 ml de sangre total mediante una solicitud escrita realizada al director del Hemocentro de la ciudad de La Paz, siguiendo protocolos éticos para su colección y preservando la cadena de frio y custodia. Los soportes analizados fueron recortes de tela de algodón y poliéster de 10x10 cm de colores blanco y negro, además de emplear prendas de vestir que se lavaron para su evaluación. Para los controles negativos se usó agua destilada.

Se aplico una muestra de sangre a fin de obtener una mancha rojiza con un diámetro de 5cm y se dejó secar al aire para su evaluación. A su vez, se preparó tres prendas de vestir que fueron impregnadas con sangre y posteriormente lavadas por 10 minutos a fin de simular las condiciones que podría encontrarse al querer alterar o modificar la misma con intentos de ocultar o borrar estos rastros.

Se prepararon dos formulaciones de luminol una bajo la formulación convencional empleando carbonato de sodio y una propuesta alternativa empleando tris base, bajo los protocolos validados del laboratorio del IITCUP. Se verificó la estabilidad de pH en cada caso, mostrando un pH de 10.8 para la formulación convencional y de 9.6 para la alternativa propuesta.

La detección de la quimioluminiscencia generada se efectuó en un ambiente oscuro aplicando un atomizador fino. Se aplicó el reactivo a una distancia aproximada de 30 cm, logrando un atomizado uniforme y parejo sin generar una saturación de la superficie estudiada. Se utilizó un retardo de exposición de 5 segundos tras rociar, y se fotografió la reacción con cámara digital fija en trípode (exposición ~25 s). Se registró la aparición de brillo (si se observó luz azulada sobre la mancha) y su persistencia en tiempo.

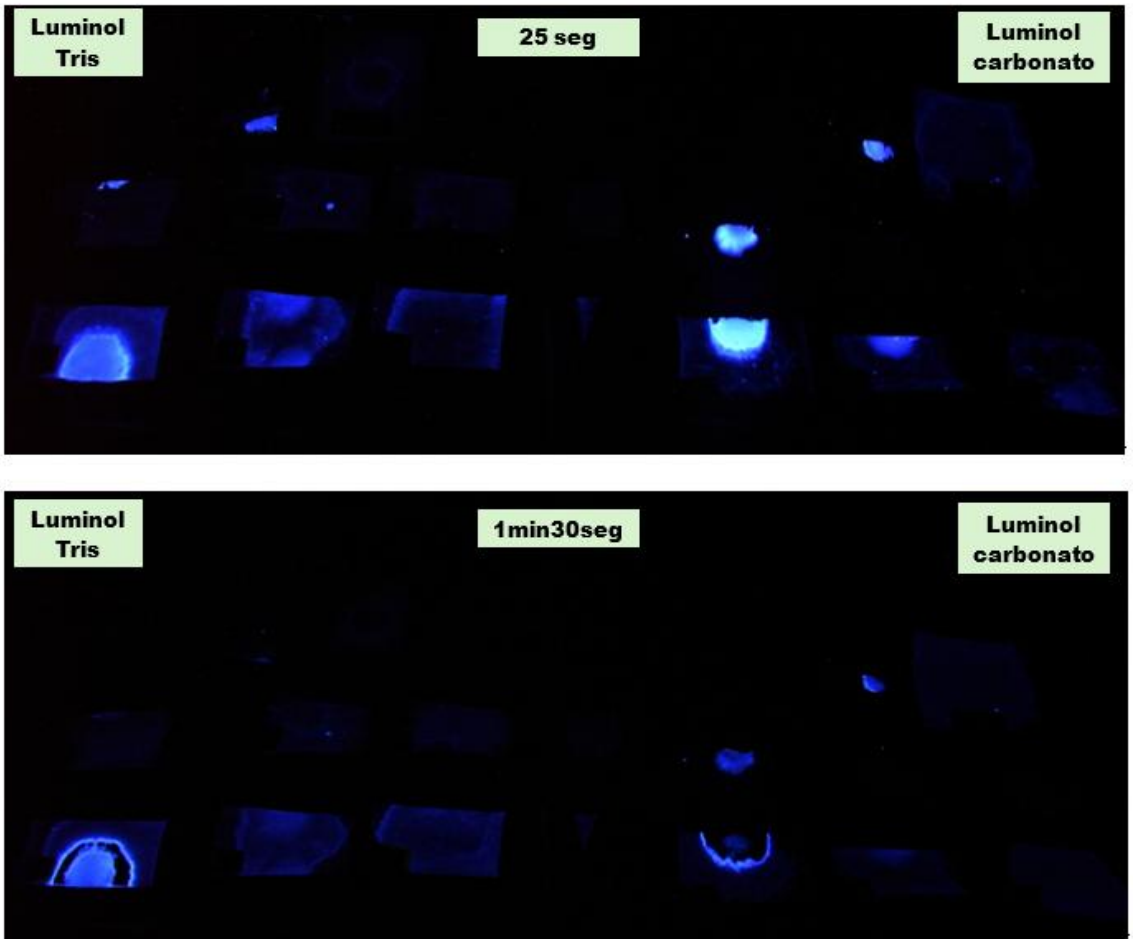
Para validar la formulación Luminol-Tris base, se siguió el protocolo de validación analítica forense. Se definieron los siguientes parámetros: sensibilidad (menor concentración de sangre detectable), especificidad (reacción contra falsos positivos: sangre animal, fluidos vegetales e interferentes forenses), intensidad de la luminiscencia (evaluada visualmente y con medición relativa de brillo en imágenes) y duración de la reacción. Además, se midió la uniformidad de la luminescencia (distribución homogénea vs parches) y la presencia de burbujeo (efervescencia observada al aplicar reactivos). Dos evaluadores independientes observaron las reacciones para evaluar reproducibilidad y robustez del método.

Resultados y discusión

Los ensayos de luminol compararon dos formulaciones: Luminol-Tris base y Luminol-Carbonato. Se observó que la formulación con Tris base presentó una sensibilidad muy superior. En diluciones seriadas de sangre humana, el Tris detectó manchas hasta una dilución 1:1.000.000, mientras que el carbonato sólo alcanzó 1:50.000. Además, la señal luminiscente con Tris fue más intensa, y homogénea y duró ≈90 segundos, frente a ≈30 segundos con carbonato, figura 2. Esta mayor persistencia facilita la fijación fotográfica

de la evidencia, un aspecto destacado en la bibliografía forense (Stoica B., *et al.,* 2016). Probablemente, el medio tamponado con Tris (pH ~9.6) promueve una oxidación sostenida del luminol sin agotar prematuramente el H_2O_2, a diferencia del carbonato (pH≈10.8) que libera CO_2 y consume reactivo rápidamente.

Figura 2. Observación de la intensidad de luminiscencia, permanencia y uniformidad de la formulación del Luminol-Tris (lado izquierdo) y Luminol-Carbonato (lado derecho), tras haber transcurrido 25 segundos (arriba) y 1 minuto con 30 segundos (abajo), posteriores tras la aplicación del reactivo, respectivamente.



Nota. Tomada por Flores J.P. (2025)

En cuanto a especificidad, ambas fórmulas reaccionaron exclusivamente con muestras hemáticas. No hubo reacción en interferentes vegetales (jugos, frutas, y chocolate), y el único falso positivo leve correspondió a hígado de pollo (contiene enzimas peroxidasa). Este hallazgo refuerza que el test sigue siendo específico en sangre humana/animal, tal como reportan Stoica B., *et al.* La reproducibilidad fue alta: evaluadores independientes consignaron los mismos hallazgos en cada formulación, indicando robustez metodológica.

La prueba se aplicó también a telas lavadas (agua o detergente). Ambas fórmulas permitieron detectar trazas sanguíneas tras lavado con agua, aunque la intensidad cayó al usar detergente. Asimismo, el color del tejido influyó: las telas blancas presentaron un fondo que podría estar interfiriendo o enmascarando la observación de la luminiscencia, aspecto que debe considerarse en la observación y en la fijación fotográfica. Estos resultados prácticos sugieren que, aún en escenarios alterados o prendas lavadas, el Luminol-Tris base podría ofrecer ventaja operativa.

Estudios recientes muestran que modificadores del medio (urea, ciclodextrinas) pueden prolongar la luminiscencia; de modo análogo, el uso de Tris parece actuar como "modificador" que amplía la señal. Por otro lado, Wu *et al.* (2025) han sintetizado análogos de luminol que mejoran la intensidad de la luz, lo que subraya el interés de optimizar el ensayo. Aunque no se probaron análogos en este trabajo, el principio es similar: tanto la química del buffer (Tris base) como la modificación del reactivo pueden aumentar el rendimiento.

En el ámbito forense, estos hallazgos tienen varias implicaciones. La formulación Tris-base es químicamente estable, de costo similar y no regulada (a diferencia del carbonato de sodio), lo que simplifica su uso logístico por las instituciones en Bolivia. Al dar una señal más duradera, mejora la cadena de custodia al permitir una fijación fotográfica adecuada y su alto nivel de reproducibilidad garantiza que distintos peritos lleguen a las mismas conclusiones sobre la presencia de sangre. No obstante, hay limitaciones que deben ser consideradas tales como la influencia de otros contaminantes (p.ej.

blanqueadores fuertes), el tipo de soporte, así como la medición cuantitativamente de la intensidad lumínica con instrumental. Además, los ensayos se hicieron en laboratorio controlado, por lo que futuros estudios deberían probar el método en campo.

En resumen, la formulación Luminol-Tris se muestra como alternativa eficaz para la identificación de manchas hemáticas. Ofrece detección en rangos de dilución mayores, quimioluminiscencia más duradera y efectiva en condiciones realistas. Se recomienda su uso como método presuntivo en investigaciones criminales y su validación adicional en otras circunstancias.

Conclusión

La formulación luminol-Tris-base demostró ser significativamente más sensible que la tradicional con carbonato, detectando sangre en diluciones hasta $1{:}1\times10^{6}$. Además, presentó una reacción luminiscente más homogénea y duradera (≈90 s frente a 30 s), facilitando la visualización. La especificidad fue alta en ambas fórmulas, reaccionando únicamente con sangre humana/animal. La formulación con Tris-base facilitó la detección en prendas lavadas, lo que es crítico para casos de encubrimiento. Estos resultados indican que la formulación del luminol con Tris-base es una alternativa analítica y operacional ventajosa: ofrece mayor eficacia analítica, mayor reproducibilidad entre evaluadores y es más económico y accesible para los laboratorios policiales.

Referencias bibliográficas

- Barni, F., Lewis, S. W., Berti, A., Miskelly, G. M., & Lago, G. (2007). Forensic application of the luminol reaction as a presumptive test for latent blood detection. Talanta, 72(3), 896-913.
- Stoica, B. A., Bunescu, S., Neamtu, A., Bulgaru-Iliescu, D., Foia, L., & Botnariu, E. G. (2016). Improving luminol blood detection in forensics. Journal of forensic sciences, 61(5), 1331-1336.
- Cassidy, B. M., Lu, Z., Martin, J. P., Tazik, S. K., Kellogg, K. W., DeJong, S. A., ... & Morgan, S. L. (2017). A quantitative method for determining a representative

detection limit of the forensic luminol test for latent bloodstains. Forensic science international, 278, 396-403.

- Wu, M., Liu, A., Xu, T., Zhang, S., Lan, J., & Wang, H. (2025). Highly sensitive chemiluminescence of water-soluble luminol and its application in forensic bloodstain detection. Analytical Methods, 17(15), 2934-2937.

GENÉTICA FORENSE DE LA BIODIVERSIDAD: UN NUEVO ENFOQUE PERICIAL EN LA POLICÍA BOLIVIANA CONTRA EL TRÁFICO ILEGAL DE VIDA SILVESTRE

(Plenaria)

Emma Torres Tola1*, Daniela Arteaga Voigt1, Karina Salazar Chávez1, Vanesa Serrudo Gonzales1, Georgia Poquechoque1, Aneliz Ninahuanca2, Silvana Limache2, Claudia Heredia2, María Esther Chuquimia2, Paulina Huanca3, Javier Huampo3, Alira Quispe3, María Eugenia Mamani3, Eva Chávez3, Vanesa Ramos4, Rusvania Cadena2, Maritza Pacari5 , Fabiola Suarez6 y Ruddy Luna Barrón1.

emmaotorres@gmail.com

Instituto de Investigaciones Técnico Científicas de la Universidad Policial Mcal. Antonio José de Sucre: La Paz, Bolivia.
Facultad de Ciencias Farmacéuticas y Bioquímicas de la Universidad Mayor de San Andrés: La Paz, Bolivia.
Unidad Académica Campesina de Tiahuanacu de la Universidad Católica Boliviana "San Pablo", La Paz, Bolivia.
Área de Ciencias Agrícolas, Pecuarias y Recursos Naturales de la Universidad Pública de El Alto, Bolivia.
Dirección de Postgrado e Investigación Científica de la Universidad Técnica de Oruro, Bolivia.
Facultad de Ciencias Puras y Naturales de la Universidad Mayor de San Andrés: La Paz, Bolivia.

Semblanza:

Bioquímica, actual responsable del Centro de Investigación Genética del Instituto de Investigaciones Técnico Científicas de la Universidad Policial (IITCUP), Magister en Ciencias Forenses (Universidad Policial "Mariscal Antonio José de Sucre" – Centro de Altos Estudios Nacionales "Federico Alhfeld"), Especialización en Genética Forense (Academia Nacional de Policías, Policía Federal del Brasil), miembro International Society for Forensic Genetics y del Grupo de Habla Española y Portuguesa (GHEP-ISFG), miembro del Sociedad Latinoamericana de Genética Forense (SLAGF), miembro de la Sociedad Boliviana de Genética Humana (SoBoGenH). Autora de Investigaciones científicas de:

identificación genética mitocondrial de piezas de tráfico de fauna silvestre, Identificación molecular de la Entomofauna Cadavérica, identificación taxonómica de especímenes provenientes de incendios forestales.

Resumen

Bolivia es uno de los países megadiversos del mundo y concentra una alta riqueza biológica distribuida en 85 de los 103 ecosistemas globales; sin embargo, enfrenta crecientes amenazas asociadas al tráfico ilegal de vida silvestre, delitos ambientales y actividades antrópicas que afectan la conservación y la salud pública. En este contexto, la genética forense constituye una herramienta científica estratégica para la identificación taxonómica, trazabilidad biológica y producción de evidencia con valor judicial. El objetivo general del presente trabajo es sistematizar, documentar y preservar el patrimonio genético nacional, fortaleciendo las capacidades estatales en conservación, bioseguridad y persecución penal de delitos ambientales.

Se realizó una sistematización retrospectiva de investigaciones científicas y casos atendidos desde 2010, considerando estudios en microorganismos, insectos, mamíferos, aves, reptiles y plantas de interés ecológico, sanitario y forense. Se emplearon herramientas moleculares utilizando genes mitocondriales y nucleares, aplicadas a muestras biológicas provenientes de decomisos, indicios forenses y proyectos de investigación.

Los resultados evidencian el fortalecimiento progresivo de capacidades técnico científicas institucionales, permitiendo la identificación molecular precisa de más de 110 especies de flora y fauna silvestre, la diferenciación de especímenes de interés forense, la trazabilidad de productos biológicos y el apoyo pericial en investigaciones desarrolladas en coordinación con el Ministerio Público, el Ministerio de Medio Ambiente y Agua, y organismos internacionales. Asimismo, estos avances sustentaron la creación del Programa de Investigación Científica de Catalogación Forense de Recursos Genéticos de Bolivia.

Se concluye que la genética forense de la biodiversidad representa una herramienta estratégica para la Policía Boliviana, al fortalecer la persecución penal de delitos ambientales, contribuir a la conservación de especies amenazadas, mejorar la bioseguridad nacional y consolidar capacidades estatales basadas en ciencia e innovación tecnológica.

Palabras clave: genética forense, biodiversidad, tráfico ilegal de vida silvestre, identificación molecular.

1. Introducción

El tráfico ilegal de vida silvestre constituye una de las economías criminales transnacionales de mayor crecimiento a nivel global, generando impactos severos sobre la biodiversidad, la bioseguridad y la estabilidad ecosistémica. Organismos internacionales estiman que este mercado ilícito moviliza miles de millones de dólares anualmente y se encuentra estrechamente vinculado con redes de crimen organizado, corrupción y delitos ambientales complejos (Sollund, 2019). La comercialización ilegal de fauna, flora y derivados biológicos afecta especialmente a países megadiversos, donde la alta riqueza de especies incrementa la vulnerabilidad frente a actividades extractivas ilícitas (UNODC, 2024).

En América Latina, la presión sobre especies silvestres se ha intensificado debido a la expansión del comercio ilegal de aves ornamentales, reptiles, mamíferos exóticos, carne de monte y productos derivados. Bolivia posee una relevancia estratégica en este contexto debido a su extraordinaria diversidad biológica y posición geográfica dentro de la región amazónica y andina (Maillard, 2025). El territorio boliviano alberga una elevada diversidad genética y ecosistémica, incluyendo especies endémicas y amenazadas sometidas a creciente presión (MMyA, 2019).

La identificación taxonómica tradicional basada exclusivamente en caracteres morfológicos presenta limitaciones significativas en escenarios forenses. Muchas evidencias derivadas del tráfico ilegal corresponden a tejidos fragmentados, carne

procesada, plumas, pieles, huesos o especímenes juveniles, objetos, prendas elaboradas a partir de partes de animal dificultando la determinación precisa de especies mediante métodos convencionales (Kanthaswamy, 2024). Estas limitaciones reducen la capacidad probatoria en investigaciones criminales ambientales y afectan la judicialización efectiva de delitos contra la biodiversidad.

En este escenario, la genética forense de biodiversidad emerge como una disciplina estratégica que integra herramientas moleculares, biología de la conservación y criminalística ambiental. El DNA barcoding y otros métodos de identificación molecular permiten determinar especies mediante secuencias genéticas estandarizadas (Tobe, 2010). Estas metodologías poseen creciente aceptación internacional en contextos judiciales y periciales vinculados al wildlife crime (Sollund, 2019).

Durante los últimos 15 años, el Centro de Investigación en Genética (CINGEN) del Instituto de Investigaciones Técnico Científicas de la Universidad Policial (IITCUP) desarrolló más de 30 investigaciones científicas orientadas a biodiversidad, taxonomía molecular y criminalística ambiental. Entre los estudios más relevantes destacan la identificación genética de piezas biológicas de jaguar (*Panthera onca*) y puma (*Puma concolor*) decomisadas por autoridades ambientales, análisis de parentesco en vicuñas (*Vicugna vicugna*), investigaciones sobre aves sometidas a tráfico ilegal, peces amazónicos y mamíferos del Parque Nacional Madidi, en coordinación con la Wildlife Conservation Society.

Asimismo, se desarrollaron investigaciones sobre diversidad genética de cacao amazónico (*Theobroma cacao*), identificación molecular del cactus *Echinopsis pachanoi*, entomología forense e identificación de microorganismos de interés sanitario y zoonótico. Estas investigaciones fundamentaron la creación del Programa de Investigación Científica de Catalogación Forense de Recursos Genéticos de Bolivia, orientado a fortalecer capacidades estatales en conservación, bioseguridad y persecución penal de delitos ambientales.

El presente trabajo tiene como objetivo analizar el potencial estratégico de la genética forense aplicada a biodiversidad como herramienta científica, investigativa y pericial para fortalecer las capacidades de la Policía Boliviana en la lucha contra el tráfico ilegal de vida silvestre y la protección del patrimonio genético nacional.

2. Material y métodos

Se realizó la extracción de material genético a partir de tejidos biológicos, sangre, huesos, plumas, pieles y muestras degradadas provenientes de decomisos e indicios criminalísticos, incluyendo pelos, patas de insectos, huevos en diferentes estadios de desarrollo y restos biológicos parcialmente degradados. La extracción de material genético se realizó mediante protocolos modificados basados en el sistema comercial Wizard Genomic DNA Purification Kit (Promega), adaptados al tipo de muestra biológica y al estado de conservación del material analizado. La concentración y calidad del ADN extraído fueron evaluadas mediante fluorometría utilizando el sistema Qubit dsDNA High Sensitivity Assay Kit (Qubit HS, Thermo Fisher Scientific), siguiendo las especificaciones del fabricante.

Posteriormente, se realizó la amplificación de regiones mitocondriales y nucleares mediante reacción en cadena de la polimerasa (PCR), utilizando cebadores universales ampliamente empleados en estudios de DNA barcoding y taxonomía molecular. Para el gen mitocondrial Cytochrome Oxidase I (COI) se emplearon los cebadores universales LCO1490 y HCO2198; para el gen Cytochrome b (cytB), los cebadores L15302 y H15915; y para el gen cloroplastidial matK en especies vegetales, los cebadores matk-GymF y matk-GymR. Adicionalmente, en microorganismos y bacterias de interés forense se amplificaron regiones ribosomales 16S rRNA mediante cebadores universales específicos.

Los productos amplificados fueron verificados mediante electroforesis en gel de agarosa, purificados y posteriormente secuenciados utilizando plataformas de secuenciación automatizada. Las secuencias obtenidas fueron editadas, alineadas y

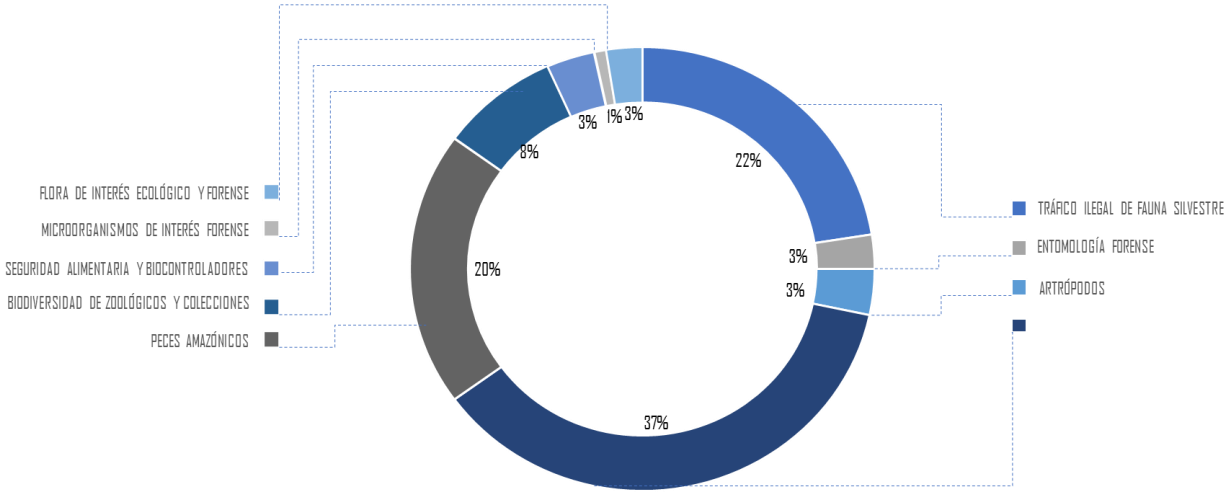
comparadas con bases de datos internacionales como Barcode of Life Data Systems (BOLD) y GenBank, permitiendo la identificación molecular y confirmación taxonómica de especies de interés ecológico, sanitario y forense.

Los procedimientos analíticos se desarrollaron considerando lineamientos internacionales de wildlife forensic science, incluyendo recomendaciones de SWGDAM Wildlife Forensics, Society for Wildlife Forensic Science (SWFS), INTERPOL Wildlife Crime y criterios de trazabilidad y cadena de custodia aplicables a evidencia biológica de interés criminalístico.

3. Resultados

La sistematización de investigaciones desarrolladas por el instituto de investigación de la policía boliviana evidencia un avance progresivo en la aplicación de herramientas de genética molecular y DNA barcoding orientadas a biodiversidad, criminalística ambiental, taxonomía molecular y conservación. En total, se documentaron más de 120 registros de identificación genética molecular correspondientes a organismos de interés ecológico, sanitario, alimentario y forense (fig. 1).

Figura 1. Síntesis de investigaciones genéticas aplicadas a biodiversidad y criminalística ambiental en Bolivia.



Los análisis incluyeron vertebrados, invertebrados, microorganismos y plantas, utilizando principalmente marcadores mitocondriales COI (Cytochrome Oxidase I) y cytB

(Cytochrome b), además de secuencias ribosomales 16S rRNA. Los porcentajes de identidad genética obtenidos oscilaron entre 85 % y 100 %, con predominio de valores superiores al 95 %, lo cual demuestra elevada confiabilidad taxonómica y robustez analítica (Tabla 1).

El marcador mitocondrial COI representó el principal locus utilizado, con 65 registros analizados, mostrando alta resolución interespecífica en aves, mamíferos, reptiles, insectos y peces de interés forense y de conservación. Por su parte, el gen cytB fue empleado en 46 registros, principalmente en estudios de filogenia y diferenciación molecular de mamíferos silvestres amazónicos y andinos.

Los resultados permitieron identificar molecularmente especies asociadas al tráfico ilegal de fauna silvestre, incluyendo *Panthera onca*, *Puma concolor*, *Ara rubrogenys*, *Leopardus jacobita*, *Boa constrictor* y diversas especies amazónicas sometidas a presión antropogénica. Asimismo, se evidenció la aplicabilidad de estas metodologías en investigaciones relacionadas con incendios forestales, entomología forense, seguridad alimentaria, biodiversidad vegetal y detección de microorganismos de interés sanitario.

La mayoría de los registros presentó porcentajes de identidad superiores al 95 %, confirmando la robustez analítica y la viabilidad técnica del DNA barcoding como herramienta aplicable a criminalística ambiental y Wildlife Forensic Science en Bolivia.

El marcador COI representó el principal locus utilizado para identificación molecular de especies silvestres y organismos de interés forense, confirmando su aplicabilidad en estudios de DNA barcoding y wildlife forensic genetics. Asimismo, el marcador cytB permitió fortalecer análisis filogenéticos y diferenciación interespecífica en mamíferos, reptiles y fauna silvestre sometida a tráfico ilegal.

Tabla 1. Rendimiento de identificación molecular según marcador genético empleado.

MARCADOR GENÉTICO	NÚMERO DE ESPECIES IDENTIFICADAS	RANGO DE IDENTIDAD (%)	APLICACIÓN PRINCIPAL
COI	65	85–100	DNA barcoding e identificación taxonómica de fauna silvestre.

CytB	46	91,27–100	Filogenia, trazabilidad molecular y diferenciación interespecífica.
matK-Gym	3	99,87–100	Identificación molecular de especies vegetales.
18S rRNA	5	97,62–100	Identificación de protozoarios y parásitos.
16S rRNA	1	97,75	Identificación bacteriana.
Total	120	95–100	Biodiversidad, criminalística ambiental y wildlife forensic science.

El marcador COI representó el principal locus utilizado para identificación molecular de especies silvestres y organismos de interés forense, confirmando su aplicabilidad en estudios de DNA barcoding y wildlife forensic genetics. Asimismo, el marcador cytB permitió fortalecer análisis filogenéticos y diferenciación interespecífica en mamíferos, reptiles y fauna silvestre sometida a tráfico ilegal.

Los resultados también evidenciaron la utilidad de la genética molecular en investigaciones relacionadas con tráfico ilegal de aves ornamentales, identificación de piezas biológicas derivadas de felinos silvestres, análisis de restos provenientes de incendios forestales y verificación taxonómica de organismos asociados a seguridad alimentaria y entomología forense.

La diversidad taxonómica registrada evidencia el potencial estratégico de consolidar un catálogo nacional de referencia genética orientado al fortalecimiento de la criminalística ambiental, la conservación de la biodiversidad y las capacidades estatales en investigación forense. Asimismo, estas bases de datos moleculares permitirían mejorar la trazabilidad biogeográfica de especímenes decomisados, facilitando la determinación de su posible origen geográfico y contribuyendo al esclarecimiento de rutas asociadas al tráfico ilegal de vida silvestre.

4. Discusión

Los resultados obtenidos evidencian el elevado potencial de la genética forense de biodiversidad como herramienta científica aplicada a la investigación criminal ambiental y conservación biológica en el sistema judicial boliviano. La identificación molecular de 120 especies correspondientes a fauna silvestre, flora, microorganismos y organismos de interés forense demuestra la viabilidad técnica de integrar metodologías de DNA barcoding y taxonomía molecular en procesos periciales asociados al tráfico ilegal de vida silvestre y delitos ambientales complejos.

El predominio de porcentajes de identidad genética superiores al 99 % confirma la robustez analítica de los marcadores COI y cytB, ampliamente utilizados en wildlife forensic science y taxonomía molecular (Staats y otros, 2016). Diversos estudios internacionales han demostrado que estas herramientas permiten identificar restos biológicos fragmentados, tejidos procesados, carne ilegal, pieles, plumas y derivados animales asociados al comercio ilícito de especies protegidas.

En estudios desarrollados por Farag *et al.*, 2016 y Andrejevic *et al.*, 2019 evidenciaron la utilidad del gen cytB y marcadores mitocondriales en la identificación molecular de diferentes especies y productos derivados de mamíferos silvestres comercializados ilegalmente (Kumar *et al.*, 2019). En Bolivia, la identificación genética de especies como *Panthera onca*, *Puma concolor*, *Leopardus jacobita*, *Ara rubrogenys* y *Boa constrictor* adquiere relevancia estratégica debido al creciente comercio ilegal de fauna silvestre en la región amazónica y andina (Maillard, 2025).

Asimismo, los resultados obtenidos a partir de muestras provenientes de incendios forestales evidencian que la genética molecular puede constituir una herramienta complementaria para evaluar impactos ecológicos, identificar especies afectadas y generar evidencia científica útil en investigaciones ambientales. En este contexto, durante los incendios forestales ocurridos en Bolivia en 2024, un equipo multidisciplinario de biólogos liderado por la bióloga Cristina López realizó la colecta de

muestras biológicas de fauna afectada, destinadas a estudios de identificación molecular y evaluación genética post incendio.

La diversidad taxonómica registrada evidencia la necesidad estratégica de consolidar un catálogo nacional de referencia genética. La ausencia de secuencias de especies endémicas constituye actualmente una limitación importante para wildlife forensic science (ciencia forense de la vida silvestre) en la región. Diversos autores han señalado que la construcción de bases de datos genéticas regionales resulta fundamental para fortalecer la trazabilidad biogeográfica de especímenes decomisados y determinar posibles rutas de tráfico ilegal (Gu y otros, 2024) .

En Bolivia, el fortalecimiento de capacidades institucionales en genética forense de biodiversidad podría contribuir significativamente al mejoramiento de la investigación y persecución penal de delitos ambientales, mediante la generación de evidencia científica robusta con valor pericial y judicial. La articulación interinstitucional entre la Policía Boliviana, el Ministerio Público, autoridades ambientales, universidades y laboratorios especializados permitiría consolidar información genética precisa sobre la biodiversidad nacional, fortaleciendo los procesos de identificación taxonómica, trazabilidad biológica y sustentación técnica de los casos judiciales. Asimismo, la incorporación de evidencia molecular en procesos penales podría favorecer una mayor solidez probatoria y una aplicación más efectiva del marco normativo relacionado con la protección de especies silvestres y delitos contra el patrimonio natural.

5. Conclusiones

La presente sistematización evidencia que la genética forense de biodiversidad constituye una herramienta científica estratégica para fortalecer las capacidades investigativas, periciales y judiciales del sistema judicial boliviano frente al tráfico ilegal de vida silvestre y otros delitos ambientales. La aplicación de metodologías de DNA barcoding y taxonomía molecular permitió la identificación molecular de 120 registros biológicos correspondientes a fauna silvestre, flora, microorganismos y organismos de

interés forense, demostrando elevada robustez analítica y aplicabilidad en contextos criminalísticos complejos.

La diversidad taxonómica documentada demuestra la necesidad de consolidar un catálogo nacional de referencia genética, orientado a fortalecer la trazabilidad biogeográfica de especímenes decomisados, la generación de evidencia científica con valor judicial y la determinación de posibles rutas asociadas al comercio ilegal de especies silvestres.

Agradecimientos

Los autores expresan su agradecimiento al Instituto de Investigaciones Técnico Científicas de la Universidad Policial (IITCUP) y al Centro de Investigación en Genética (CINGEN) por el apoyo institucional y científico brindado durante el desarrollo de las investigaciones sistematizadas en el presente trabajo. Asimismo, se reconoce la colaboración a Wildlife Conservation Society y a las universidades participantes por su apoyo académico y logístico en actividades de investigación, colecta y análisis de muestras biológicas.

Referencias bibliográficas

- Andrejevic, M., M., K. M., Bursac, B., Mihajlovic, M., Tanasic, V., Kecmanovic, M., & Keckarevic, D. (2019). Identification of a broad spectrum of mammalian and avian species using the short fragment of the mitochondrially encoded cytochrome b gene. *Forensic Sci Med Pathol, 15*, 169-177. https://doi.org/10.1007/s12024-019-00096-4
- Farag, M. R., Bohi, K. M., Khalil1, S. R., Alagawany, M., Arain, M. A., Sharun, K., . . . Dhama, K. (2016). FORENSIC APPLICATIONS OF MITOCHONDRIAL CYTOCHROME B GENE IN THE IDENTIFICATION OF DOMESTIC AND WILD ANIMAL SPECIES . *Journal of Experimental Biology and Agricultural Sciences, 8*(1), 1-8. https://doi.org/10.18006/2020.8(1).1.8

- Gu, T. T., Zhang, H., He, Y. X., Hu, J. Y., & Yu, L. (2024). Approaches to tracing the geographic origin of widlife trade. *National Science Review , 11*(nwae286), 1-5. https://doi.org/10.1093/nsr/nwae286
- Kanthaswamy, S. (2024). Review: Wildlife forensic genetics—Biological evidence, DNA markers, analytical approaches, and challenges. *Animal Genetics,, 55*, 177-192. https://doi.org/10.1111/age.13390
- Kumar, V., Chandra, K., Kundu, S., Tyagi, K., Boni, A., Singha, D., . . . Pakrashi, A. (2019). Utility of mitochondrial DNA in wildlife forensic science: reliable identification of confiscated materials from Eastern India. *Mitochondrial DNA Part B, 4*(1), 583-588. https://doi.org/10.1080/23802359.2018.1561216
- Maillard, O. (2025). Bolivia must prioritize biodiversity. *ScienceAdviser, 389*(6765), 1098. https://doi.org/10.1126/science.adz62
- MMyA, M. d. (2019). *Programa Plurinacional contra el tráfico ilegal de vida silvestre 2019-2025.* Ministerio de Medio Ambiente y Agua.
- Sollund, R. A. (2019). *The Crimes of Wildlife Trafficking Issues of Justice, Legality and Morality* (Vol. 1). Routledge. https://www.researchgate.net/profile/Ragnhild-Sollund/publication/
- Staats, M., J., A. A., B., G., Holst-Jensen, A., I., S., T., P., . . . E., K. (2016). Advances in DNA metabarcoding for food and wildlife forensic species identification. *Anal Bioanal Chem, 408*, 4615-4630. https://doi.org/10.1007/s00216-016-9595-8
- Tobe, S. L. (2010). DNA typing in wildlife crime: recent developments in species identification. *Forensic Sci Med Pathol, 6*, 195-206. https://doi.org/10.1007/s12024-010-9168-7
- UNODC, U. N. (2024). *WORLD WILDLIFE CRIME REPORT TRAFFICKING IN PROTECTED SPECIES.* UNODC.

COMUNICACIONES CIENTÍFICAS

IMPLEMENTACIÓN Y VALIDACIÓN COMPARATIVA DE DOS SISTEMAS ELECTRÓNICOS PARA LA DETERMINACIÓN CIENTÍFICA DE LA HISTÉRESIS (CELOSIDAD) DE ARMAS DE FUEGO DURANTE LAS INVESTIGACIONES PERICIALES DE LA POLICÍA BOLIVIANA

(Comunicación)

Tcnl. DEAP. Wilber René Bozo Villca & My. Serv. MSc. Ruddy Luna Barrón
solcitadav@gmail.com
INSTITUTO DE INVESTIGACIONES TÉCNICO CIENTÍFICAS DE LA UNIVERSIDAD POLICIAL "MCAL. ANTONIO JOSÉ DE SUCRE"

Semblanza:

El Tcnl. Wílber René Bozo Villca es Oficial de la Policía Boliviana e investigador adjunto del Instituto de Investigaciones Técnico Científicas de la Universidad Policial (UNIPOL) en La Paz, Bolivia. Especialista en tiro policial y balística, ha desarrollado actividades de investigación en la UNIPOL desde 2021, asesorando a los peritos de la unidad de "balística forense" de la Policía Boliviana. Actualmente continúa extendiendo su especialidad en el campo, estudiando los fenómenos balísticos asociados al uso de armas de fuego desde el punto de vista biométrico.

Resumen

La histéresis del mecanismo de disparo (HMD) o "celosidad" en armas de fuego, es la fuerza de tracción necesaria sobre la cola del disparador, para posibilitar la producción del disparo; es típicamente medida durante ensayos de control de calidad de armas y en casos forenses de disparos accidentales o supuestamente efectuados por menores de

edad o por personas con limitaciones. Su medición científica es, por tanto, crítica para el ejercicio de la justicia. El presente proyecto validó la técnica de medición de la HMD con datos de 11 armas cortas (7 pistolas y 4 revólveres), empleando dos instrumentos electrónicos de medición: un dinamómetro HF500 chino y un celosímetro Wheeler norteamericano.

Los resultados mostraron diferencias importantes entre los datos generados por ambos instrumentos para las mismas armas y los indicadores de validez sugieren que el instrumento chino es más confiable, con una exactitud global (proximidad al valor real) de 99,2272%, en contraste al 91,1538% del Wheeler. Asimismo, la precisión global (proximidad de datos entre repeticiones) mostró valores de 99,1229% para el instrumento chino y 98,2356% para el norteamericano. Las mediciones comparativas entre la HMD y la fuerza del músculo tensor del dedo índica (FMTDI), demostraron que, si bien la fuerza media necesaria para disparar una pistola o un revólver debe aproximarse a los 5 kgf, con el martillo percutor montado es mucho más probable la ocurrencia de disparos accidentales o producidos por menores de edad o, incluso, personas de la tercera edad, ya que solo necesitan superar los 1.8 kgf.

Una encuesta preliminar determinó que los peritos de los laboratorios de la Universidad Policial no validan regularmente los protocolos o instrumentos nuevos que emplean o reciben, por lo que este trabajo constituye un modelo para la Policía Boliviana. Por otro lado, la HMD debe determinarse en base al promedio de por lo menos 12 mediciones y, en ningún caso con un solo dato o medición. Dadas las diferencias encontradas, la elección del instrumento de medición debe depender de su confiabilidad estadísticamente determinada y no de la marca o la apariencia.

Palabras clave: Histéresis balística, celosidad, armas de fuego, investigación pericial.

Introducción

En diciembre de 2006 ocurrió uno de los casos de homicidio que, con mayor profundidad, hizo evidente la carencia del enfoque científico riguroso en las investigaciones periciales

y forenses de la Policía Boliviana. La falta de una metodología válida para determinar la fuerza necesaria que dispara un arma de fuego de corto calibre, impidió levar a cabo un proceso de investigación judicial correcto y establecer la responsabilidad de las personas sospechosas.

La variable que no pudo estudiarse ni determinarse con precisión en el caso citado, fue la celosidad del arma de fuego utilizada. Este factor físico, denominado técnicamente "histéresis del mecanismo de disparo (HMD)", es la fuerza que se necesita para jalar la cola del disparador del arma y producir el disparo, fuerza que es ejercida normalmente por el dedo índice de las manos. La persona auto implicada en el caso de 2006, era una mujer de la tercera edad con señales de reumatismo y que, a criterio directo de los observadores, no podría haber efectuado el disparo. Sin embargo, esto no pudo ser probado científicamente; no existía tecnología ni experiencia para medir la HMD, ni para determinar la fuerza que los dedos de la persona implicada podrían aplicar al arma.

Los fiscales y jueces del sistema judicial boliviano, dependen de la calidad técnica y certeza científica con que los peritos del IDIF y el IITCUP (u otras instancias) aplican metodologías y dan cumplimiento a requerimientos fiscales u órdenes judiciales, cuyos puntos periciales definirán el curso de las investigaciones judiciales, asignando responsabilidades o exonerando culpas, en última instancia.

Por lo tanto, el rigor científico en los datos generados por los peritos, es obligatorio y condicionante. Para probar ello, es necesario que, mínimamente, cada técnica e instrumento de medición esté científicamente validado; es decir, que se conozca de ellos, cuantitativa y/o cualitativamente, factores físicos intrínsecos como su precisión, exactitud, sensibilidad, especificidad, repetibilidad, consistencia y otros análogos.

En respuesta a esta realidad, patente hasta nuestros días a diversos niveles institucionales, el presente estudio ha implementado y optimizado dos técnicas e instrumentos de medición de la HMD, determinando paralelamente su validez científica en términos de precisión y exactitud, para los laboratorios del Instituto de Investigaciones Técnico Científicas de la Universidad Policial (IITCUP).

Objetivo(s)

Implementar y validar dos tipos de tecnología electrónica (china y norteamericana) de precisión para la determinación científica de la histéresis (celosidad) de armas de fuego durante las investigaciones periciales de la Policía Boliviana.

Marco teórico

El proceso de fabricación de un arma de fuego se efectúa en estricto ajuste a las normas y especificaciones fijadas por el diseñador lo que dará como resultado el logro de un producto de óptima calidad conforme a especificaciones en constante y práctica innovación en una industria que representa la creatividad y el avance tecnológico de las regiones en el mundo. Para ello el diseñador calculó y probó con anterioridad en los prototipos de las armas su forma, constitución, dimensiones y resistencia de todos y cada uno de los componentes de los distintos mecanismos que constituyen el arma. La operación armónica de los mecanismos en su acción permitirá la producción de un disparo de acuerdo a las exigencias y requerimientos del operador (seguridadpublica.es, 2010).

Uno de esos mecanismos en particular es el mecanismo de disparo del arma de fuego constituido principalmente por la cola del disparador, el fiador, el muelle del fiador, el martillo y la aguja de percusión. Para que el disparo se produzca es necesario que, presionando sobre la cola del disparador, se ponga en funcionamiento todo el conjunto de piezas hasta lograr que la aguja golpee sobre el fulminante del cartucho, produciendo su estallido; la celosidad o histéresis del mecanismo de disparo, es la fuerza necesaria para lograr este efecto.

La histéresis es un fenómeno que se manifiesta en una amplia variedad de sistemas naturales o construidos; fenómeno por el que el estado de un material depende de su historia previa y que se manifiesta por el retraso del efecto sobre la causa que lo produce (RAE, 2022).

Por otro lado, la validación científica es la verificación rigurosa de la calidad de una técnica o instrumento y se realiza mediante una serie de pruebas normalizadas y experimentales, de las que se obtienen datos sobre su exactitud, precisión y otros. En el presente caso, cuatro factores se estudiaron:

La precisión**,** que mide el grado de acuerdo entre los resultados analíticos obtenidos de una serie de mediciones repetidas del mismo analista, realizadas en las condiciones previstas en el método. La precisión refleja los errores aleatorios que se producen cuando se utiliza un método, se mide en términos de coeficiente de variación o desviación típica relativa de los resultados analíticos obtenidos con patrones de control preparados independientemente. La precisión depende de la concentración y debe medirse con concentraciones diferentes dentro del rango aceptado, normalmente en la parte baja, media y alta de éste (UNODC, 2010, pp.17).

La exactitud, es la cualidad de un instrumento de medida por la que tiende a dar lecturas próximas al valor verdadero de la magnitud medida. En otras palabras, es el grado de conformidad de un valor indicado a un valor estándar aceptado o valor ideal, considerando este valor ideal como si fuera el verdadero. El grado de conformidad independiente es la desviación máxima entre la curva de calibración de un instrumento y una curva característica especificada, posicionada de tal modo que se reduce al mínimo (wixsite/instrumentación, 2023).

La repetibilidad de las condiciones existe cuando el mismo analista estudia muestras el mismo día y con el mismo instrumento (por ejemplo, cromatógrafo en fase gaseosa) o los mismos materiales (por ejemplo, reactivos para pruebas visuales) y en el mismo laboratorio. Cualquier cambio de estas condiciones (por ejemplo, diferentes analistas, diferentes días, diferentes instrumentos, diferentes laboratorios) implica que las condiciones sólo serán reproducibles.

La consistencia se refiere a la capacidad de un instrumento para obtener los mismos resultados al medir una variable; las mediciones deben realizarse bajo las mismas condiciones de los participantes y de su entorno. El término consistencia también se usa

cuando distintos estudios de investigación derivan en las mismas conclusiones (Fajardo, 1991).

Metodología

El presente trabajo fue cuantitativo, correlacional y cuasi-experimental, donde los investigadores seleccionaron un grupo de variables independientes predefinidas, para observar y medir la histéresis del mecanismo de disparo (HMD) correspondiente.

La hipótesis: la HMD determinada por el dinamómetro HF 500 y por el celosímetro WHEELER 710904, tiene validez científica superior al 95%, siendo el WHEELER (diseñado para medir la HMD en armas de fuego) más preciso y exacto que el HF500.

Con carácter previo, se efectuó una encuesta a los peritos de la Sección Balística y al Jefe del Dpto. Técnico y de Servicios (DTS) del IITCUP, indagando sobre la rigurosidad científica de los datos generados durante las pericias de la Sección Balística del IITCUP y la actual existencia y aplicación de protocolos científicamente válidos para determinar la HMD.

1) Pistola calibre 9 mm, Glock 17, austriaca, serie xfr447.
2) Pistola 9 mm, Glock 17, austriaca, serie bhfm756.
3) P. 9 mm, prieto Beretta, norteamericana, sin serie.
4) P. 9 mm, Jericko 941F, israelita, serie 20304992.
5) P. 9 mm, Smith&Wesson, norteamericana, serie vaa5865.
6) P, S&W &w calibre 9 mm. fabricación usa. serie bdh 6198
7) P. AURUD MILLENIUM. calibre 9mm. serie no. tth57620
8) Revolver .38", S&W, norteamericana, serie 3d56827.
9) R. DETECTIVE calibre .38 pulgadas. serie no. 6727
10) R. PASPER.22 pulgadas. fabricación argentina. serie no. ld 437dx3
11) R. PASPER fabricación argentina calibre .22 pulgadas. serie no. 190751

A seguir, se efectuó la calibración de "pesas de laboratorio" pertenecientes a los laboratorios del IITCUP con ayuda del Instituto Boliviano de Metrología (IBMETRO), que

emitió la certificación de calibración correspondiente. Luego, se realizaron pruebas de linealidad de pesaje para verificar la calibración los dos instrumentos electrónicos elegidos (Figura 1): un dinamómetro genérico de investigación HF500 de industria china y un celosímetro técnico Wheeler de industria norteamericana. La exactitud y precisión de los instrumentos se determinó mediante pruebas estadísticas de linealidad y dispersión de pesos.

Se eligieron pistolas y revólveres (Figura 2) de las marcas GLOCK, PRIETO BERETTA, JERICKO Y SMITH&WESSON y revólveres SMITH&WESSON, PASPER y DETECTIVE, marcas comunes en la Policía Boliviana y procedentes de casos periciales del IITCUP. Luego, se ensambló el dinamómetro HF500 en una plataforma de corredera (Figura 3), estandarizando el protocolo de medición y, para el celosímetro Wheeler, se midió según el protocolo del fabricante (Figura 4).

Durante 14 meses se realizaron 8887 mediciones de la HMD con 14 armas de fuego, efectuando de 30 a 90 series por cada arma y con las variables: "martillo montado / desmontado" y "corredera montada / desmontada".

Los datos fueron analizados en planilla electrónica para determinar su normalidad estadística y, luego de depurarlos, calcular los estadísticos descriptores de tendencia central y dispersión, obteniendo finalmente los coeficientes de exactitud (EX), precisión (PR), repetibilidad (RP) y consistencia (CS) para ambos instrumentos.

La exactitud se determinó contrastando estadísticamente la HMD de cada arma con los valores de celosidad declarados por el fabricante y, paralelamente, evaluando la significancia de similitud entre series; la precisión a través de estadísticos de dispersión y variación; la repetibilidad contrastando los datos entre dos y tres momentos diferentes de medición, desmontando los sistemas y volviéndolos a ensamblar; y la consistencia contrastando estadísticamente los datos de dos momentos diferentes, desmontando los sistemas y volviéndolos a ensamblar y con mediciones de otros operadores (peritos del IITCUP). Los coeficientes calculados para cada sistema (HF500 y WHEELER) fueron combinados para determinar la confiabilidad.

Finalmente, se modificaron los sistemas con réplicas de armas para un ensayo complementario de medición de la fuerza del músculo tensor del dedo índice (FMTDI) con voluntarios de edades entre 10 y 65 años, para comparar esta fuerza con la HMD necesaria para disparar las armas.

Al término, tanto los protocolos de validación científica como los de medición de la HMD, fueron transferidos a la Sección Balística del IITCUP mediante un taller de capacitación.

Resultados obtenidos

PRELIMINARES:

La encuesta a los peritos de la Sección Balística del IITCUP hizo evidente la inexistencia de un protocolo válido para determinar la HMD, que se aplican protocolos a partir de publicaciones y que se desconoce la confiabilidad y margen de error de los mismos, se dijo también que pocas pericias requieren esta medición.

Durante el ensayo de calibración y linealidad de pesaje, se determinó que la exactitud del dinamómetro HF500 fue de 99,9939% y la del celosímetro Wheeler de 99,9867%. Los datos de la HMD se resumen en la Gráfica 1; la normalidad fue de 0.9371 con error estándar de 1,01%.

HISTÉRESIS DEL MECANISMO DE DISPARO (HMD) O CELOSIDAD:

La HMD no fue significativamente distinta para la variable corredera montada/desmontada, pero si para la posición del martillo: el martillo montado mostró (en las armas que permitían montarlo) menor HMD en orden de 2 a 4 veces (Gráfica 2).

La exactitud reportada para el sistema de medición de la HMD (celosidad) por empleando el dinamómetro HF500 y la plataforma de corredera fue de 99,9367%, mientras que para el celosímetro Wheeler de 92,6193%. El HF500 mostró una precisión del 99,8317% y el Wheeler de 99,8150%. La repetibilidad del HF500 fue de 91,3799% y la del Wheeler de 96,0109%. Finalmente, la consistencia del dinamómetro fue de 92,1373% y la del celosímetro de 86,4173%. El margen de error fue inferior al 2% para ambos sistemas.

Al combinar los coeficientes de validez de los instrumentos con los de los sistemas de medición HMD, se obtuvieron los siguientes valores para los factores de validación:

FACTOR	HF500	WHEELER
EXACTITUD %	99,2272	91,1538
PRECISIÓN %	99,1229	98,2356
REPETIBILIDAD %	90,7312	94,4917
CONSISTENCIA %	91,4832	85,0499

Al combinar los factores de precisión y exactitud de cada sistema de medición, la confiabilidad del HF500 fue de 98,3570% y la del Wheeler de 89,5450%.

Finalmente, un ensayo estadístico adicional para determinar el número mínimo de mediciones que deberían hacerse en un caso forense pericial para superar el 98% de exactitud, mostró que éstas no pueden ser inferiores a 12 ni es necesario que superen las 30 (Gráfica 3); tres mediciones tienen una exactitud del 93% y seis mediciones del 96%, ambas inaceptables en el contexto forense.

FUERZA DEL MÚSCULO TENSOR DEL DEDO ÍNDICE (FMTDI):

Para los menores entre 7 y 10 años de edad, la FMTDI media fue de 2,4360 kilogramos con un coeficiente de variación del 29% para la réplica de revólver (Figura 5), mientras que para la réplica de pistola fue de 4,3436 kg con un coeficiente de variación de 26%, con valor mínimo de 1,0897 kg y máximo de 3,1823 kg; para los adultos entre 25 y 67 años la FMTDI fue de 4,34 kg con cv de 26%, con un mínimo de 3,4057 kg y máximo de 5,2107; una persona de 65 años con artritis apenas alcanzó o los 1,7700 kg. La gráfica 4 muestra a la FMTDI de niños, adultos y adultos mayores.

La gráfica 5 muestra la FMTDI de todos los voluntarios, en contraste a la HMD de las armas estudiadas. Solo 3 de las 10 personas convocadas, podrían disparar todas las armas analizadas en el presente estudio y solo dos no podrían disparar ninguna, entre 30 y 38 años las primeras y entre 7 y 8 años las segundas. No obstante, la persona de 67 años con artritis, si podría disparar el revolver Smith&Wesson.

Discusión de resultados

Si bien los peritos encuestados de la Sección Balística reconocen la falta de protocolos validados para la determinación científica de variables en sus pericias, respaldan sus resultados con el conocimiento y experiencia de sus mentores, con la literatura disponible y con consultas a otros expertos nacionales e internacionales. No obstante, esto no es suficiente si se pretende ratificar un resultado pericial en un proceso judicial. Los criterios "Daubert" dejan en claro que la experiencia y antigüedad del perito, no pueden ser los factores para establecer la credibilidad del testimonio pericial, sino el rigor científico.

Clara demostración de esto es el ensayo del presente proyecto para determinar el número mínimo de datos que deben obtenerse de la HMD para justificar una certeza superior al 98%. Actualmente, los peritos obtienen un solo dato de cualquier variable, en algunos casos por la complejidad de la medición (justificado), en otros, por costumbre o desconocimiento (injustificado). En cualquier caso, se ha demostrado que el número mínimo de repeticiones debe ser de 12 para la HMD. De ahora en adelante, será responsabilidad de los peritos bolivianos el respetar esta realidad científica.

Por otro lado, ha sido sorprendente descubrir que el sistema de medición basado en el dinamómetro chino HF500 es más preciso que el norteamericano Wheeler, especialmente porque éste último fue diseñado y fabricado específicamente para medir la celosidad o HMD de armas de fuego. Esto es relevante ya que (y puede verse en los resultados de la encuesta preliminar), la costumbre de los peritos bolivianos es confiar ciegamente en la tecnología, sus especificaciones técnicas, su apariencia y su industria, sin preocuparse por verificar los factores de validez correspondientes. Es cuestión de tiempo que, durante una audiencia judicial, una de las partes en litigio contacte un asesor científico competente y que éste pregunte: ¿cuál es el nivel de certeza de los instrumentos que empleo y de los datos que obtuvo?, y que el perito no tenga una respuesta satisfactoria, con lo que su pericia correría el riesgo de ser invalidada o impugnada.

Si bien la inferior repetibilidad del sistema HF500 en contraste el sistema Wheeler, se debió a una modificación en la plataforma para medir la FMTDI, subsecuentes mediciones con la configuración original, mostraron una repetibilidad superior al 96%. Esto refuerza la importancia de validar los instrumentos.

Finalmente, ha sido preocupante descubrir que los peritos tampoco hacen uso regular de la estadística como herramienta para la prueba científica de hipótesis. La transferencia de los resultados de esta investigación es, por tanto, de amplia utilidad para ordenar los paradigmas bajo los cuales se desarrollan pericias en Bolivia.

Conclusiones

Se ha validado científicamente los sistemas de medición de la Histéresis (Celosidad) del Mecanismo de Disparo (HMD) para armas cortas, empleando dos tecnologías electrónicas: un dinamómetro genérico HF500 de industria china y un celosímetro técnico Wheeler de industria norteamericana.

Al momento de medir la HMD con propósitos periciales forenses, la tecnología china ha mostrado ser más exacta y precisa que la norteamericana, con una confiabilidad superior al 98% y un margen de error inferior al 2% vs 89,5% y 2% respectivamente.

La HMD es variable entre armas y depende del tipo de armas (pistola o revólver) y de su modelo específico. La variable corredera montada/desmontada, específicamente para las pistolas, no mostro diferencias significativa, pero la variable martillo montado/desmontado, sí.

El número de mediciones (repeticiones) que un perito balístico debe efectuar para determinar la HMD con confiabilidad superior al 98% es de 12, el máximo de 30. Una medición es inaceptable y tres estadísticamente insuficientes, lo cual contradice y corrige la mentada costumbre del "triplicado", especialmente para las mediciones repetidas de la HMD (celosidad) como fenómeno físico de histéresis mecánica.

Al contrastar la Fuerza del Músculo Tensor del Dedo Índice (FMTDI) con la HMD, los revólveres con el martillo montado fueron más probables a ser disparados por menores de edad y por personas de la tercera edad o con deficiencias.

Se ha transferido la tecnología y los protocolos para medir la HMD y la FMTDI a la Sección Balística del Instituto de Investigaciones Técnico Científicas de la Universidad Policial (IITCUP) y se ha demostrado la importancia de validar científicamente y no confiar ciegamente en la industria, la apariencia o las recomendaciones de los fabricantes de instrumentos electrónicos de medición para balística forense.

Referencias bibliográficas

- AITKEN, C.; TARONI, F. & BOZZA, S. 2021. Statistics and the Evaluation of Evidence for Forensic Scientists. Wiley.
- BELL, SUZANNE. 2017. Measurement uncertainty in Forensic Science a practical guide. Sound Parkway, NW. Taylor & Francis Group.
- BURRARD, SIR GERALD. 1934. The identification of firearms and Forensic Ballistics. United States. Willow Lodge, Hungerford, Berks.
- CHARLES, MICHAEL T. 2000. Accidental Shooting: An Analysis. Volume 8. Number 3. United States. Blackwell Publishers.
- CARLUCCI D. and JACOBSON S. 2007. Ballistics theory and design of guns and ammunition. Sound Parkway, NW. Taylor & Francis Group.
- DESMOND P. ELLIS. 2014. Does the trigger pull the finger? An experimental test of weapons as agression-eliciting stimuli. Vol. 34 Number 4. American Sociological Association.
- GARCIA CASTILLO, ZORAIDA. 2020. Elementos técnicos y racionales para la valoración de la confiabilidad de la prueba científica: referencia a tres áreas de las Ciencia Forense. Isonomía Núm. 53.
- GONZALES, RALPH. 1999. Trigger Pull Force Evaluation of Three Manual tree marking paints guns. United States. San Dimas.

- HEIM, CRISTOPHER. 2006. Towards an understanding of involuntary firearms discharges. Possible risks and implications for training. Esmerald Group Publishing Limited. Vol. 29.
- HERAD, BRIAN J. 2013. Forensic Ballistics in Court. United States. Wiley-Blackwell. A John Wiley and sons, Ltd. Publication.
- HERAD, BRIAN J. 2008. Firearms and Ballistics examining and interpreting Forensic Evidence. Second edition. United States. Wiley-Blackwell. A John Wiley and sons, Ltd. Publication.
- HEIM, CRISTOPHER. 2006. The risk of involuntary Firearms Discharge. Volume 48. Number 3. Frankfurt Alemania. Human Factors.
- KREIDER D., JOHN. 1993. Trigger Pull Testing M16A2 Rifle & M4 Carabine. United States. Small Arms Branch.
- MORALES TRUJILLO, LUIS JAVIER. 2011. Enciclopedia Criminalística, Criminología e Investigación. 1ra. Edición. Colombia. Sigma Editores.
- PYREK, KELLY M. 2018. Pioneers in Forensic Science. Innovations and Issues in Practice. 1st. edition. Sound Parkway, NW. Taylor & Francis Group.
- RAMIREZ VELAZQUEZ, NELSON ALEJANDRO. 2018. Aspectos Selectos en Balística Forense. 1ra. Edición. México. Editorial Trillas.
- REYES CALDERÓN, JOSÉ ADOLFO. 2005. Tratado de Criminalística. 3ra. Edición. México: Cárdenas Velasco Editores.
- RISINGER, D. MICHAEL. 2018. The five functions of Forensic Science and the validation Issues they raise: A piece to incite discussion on validation. 206 Forensic Sci.
- SARTORE, JHON, y DOREN, RebeccA. 2006. El veredicto Daubert obliga a los jueces a valorar las pruebas científicas. Pediatrics 62(5):747-9.
- SCOTT, A. and SHAUL R. 2015. The effects and trigger pull weight of marksmanship. Jacckson, Wyoming. Mountain Tactical Institute.

- VILLASÍS-KEEVER MÁ. El protocolo de investigación 7ma. Edición México: Editorial Prometeo. 2018.

Anexos

Figura 1: Instrumentos empleados para medir la Histéresis del Mecanismo de Disparo (HMD) en armas de fuego cortas: dinamómetro chino HF500 (izquierda) y celosímetro norteamericano Wheeler (derecha).



Figura 2: Los dos tipos de armas cortas estudiadas (revólver S&W izquierda, pistola Beretta derecha). Nótese la alineación que se aplica a las armas al montarlas en la plataforma de corredera para el HF500.

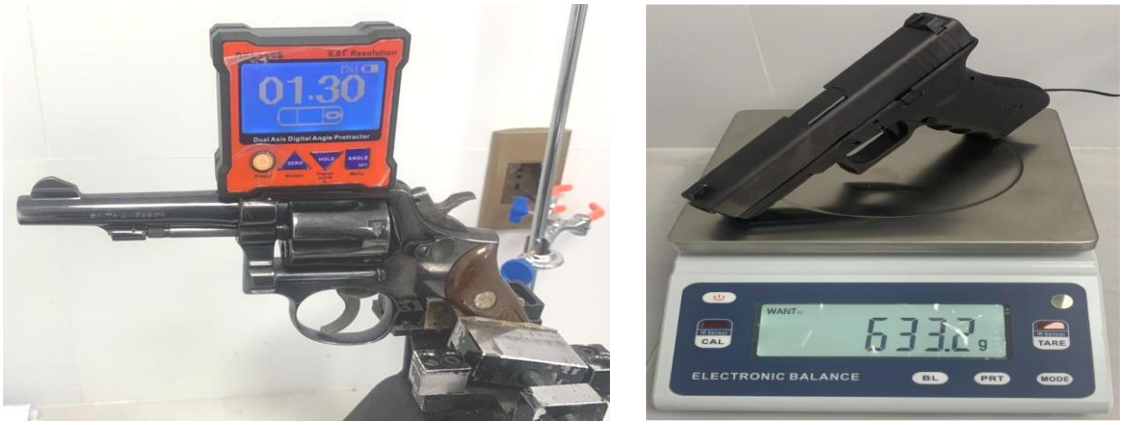


Figura 3: Montaje, alineación y mediciones en la "plataforma de corredera" para el dinamómetro HF500.



Figura 4: Mediciones directas para el celosímetro Wheeler.



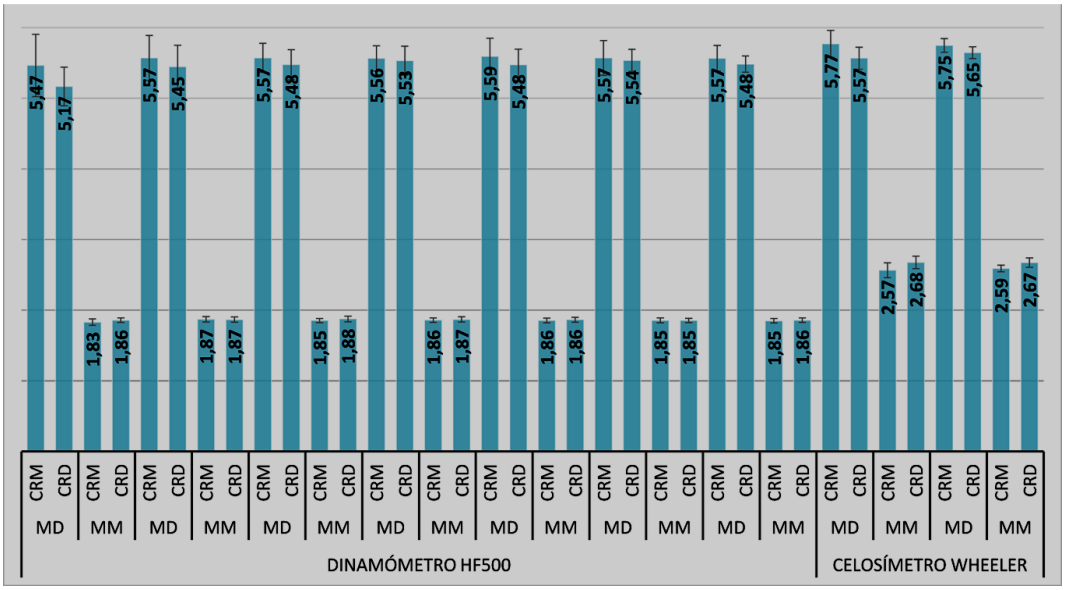
Figura 5: Determinación experimental de la Fuerza del Músculo Tensor del Dedo Índice (FMTDI) empleando réplicas de revólver y pistola con el dinamómetro HF500. El celosímetro Wheeler no permitió obtener datos estables para el mismo ensayo.



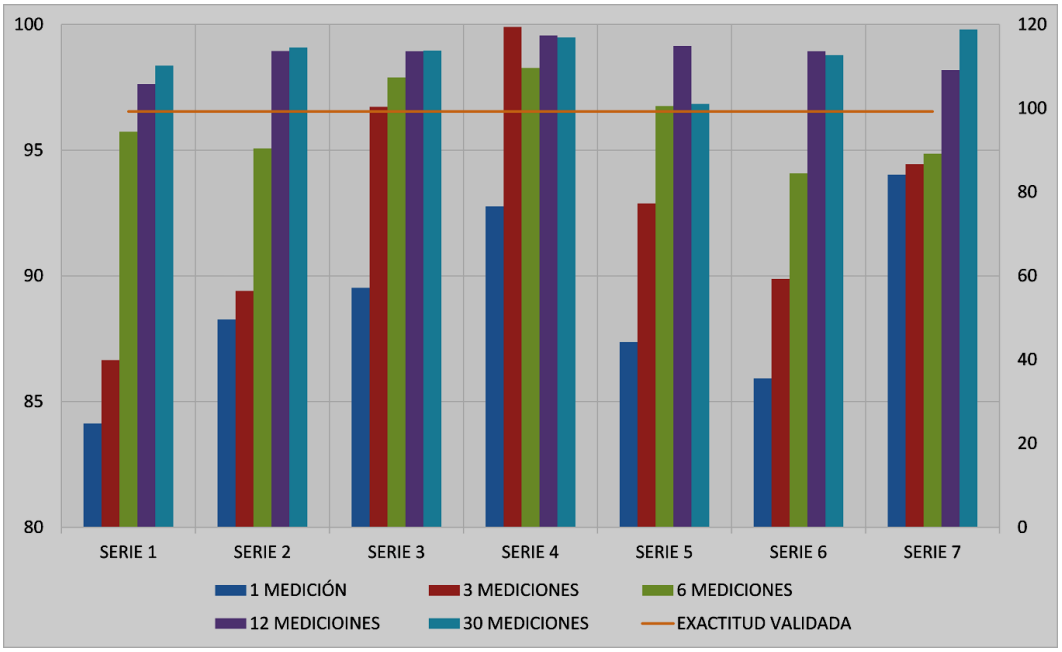
Gráfica 1: Linealidad comparativa de medición (pesaje) de los dos instrumentos empleados.



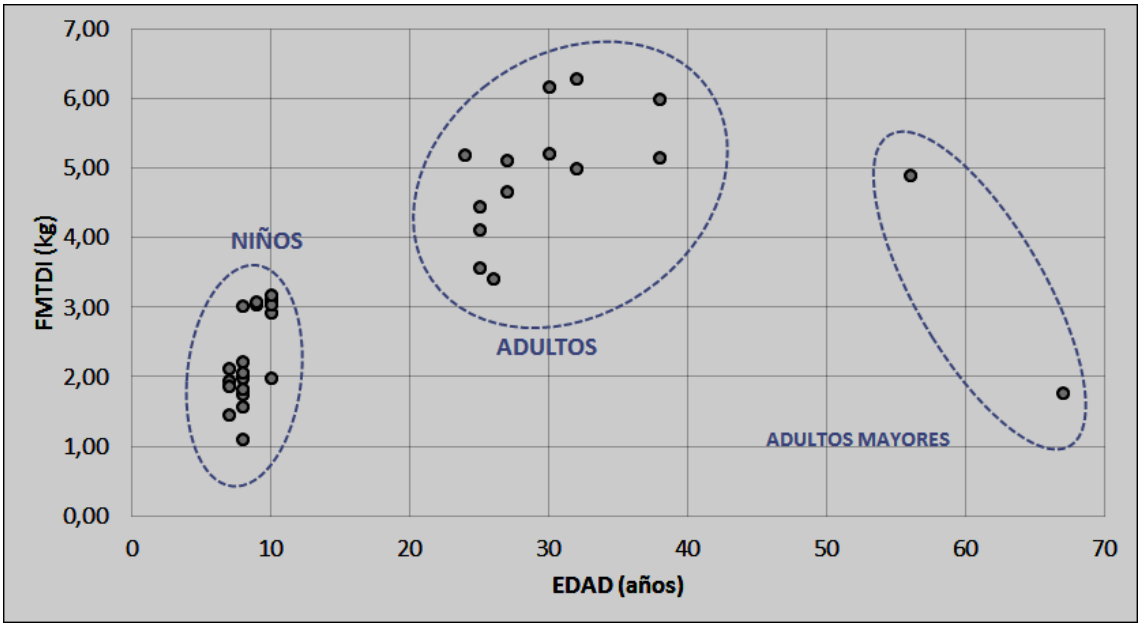
Gráfica 2: Histéresis del mecanismo de disparo (HMD) en kilogramos fuerza (y sus desviaciones estándar) para la pistola calibre 9 mm JERICKO-941-F, con ambos instrumentos. MD/MM = martillo desmontado/montado; CDM/CRD = corredera montada/desmontada.



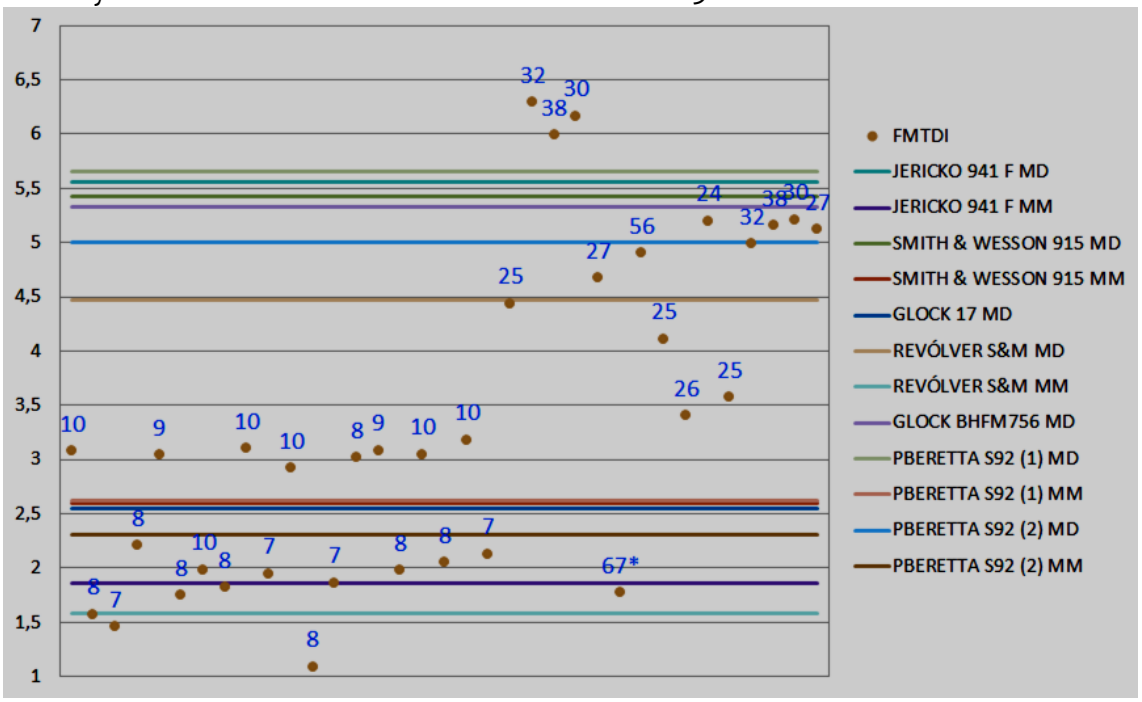
Gráfica 3: Confiabilidad % de la HMD según número de repeticiones de medición en 7 series. Doce mediciones de la HMD deben hacerse como mínimo para alcanzar la confiabilidad validada.



Gráfica 4: Edad y fuerza del músculo tensor del dedo índice (FMTDI) de 35 voluntarios con diferentes edades.



Gráfica 5: Comparación de edades y FMTDI de los 35 voluntarios con la HMD de las armas y variables estudiadas con el instrumento HF500.



LA IMPORTANCIA DE LA HISTORIA DE LA CIENCIA PARA LOS ESTUDIOS DE BIODIVERSIDAD EN BOLIVIA

(Comunicación)

Garitano-Zavala, Á.
Instituto de Ecología, Carrera de Biología, Facultad de Ciencias Puras y Naturales,
Universidad Mayor de San Andrés, La Paz.
agaritanozavala@umsa.bo

Semblanza:

Álvaro Garitano-Zavala, docente investigador titular de la Carrera de Biología e Instituto de Ecología de la Facultad de Ciencias Puras y Naturales de la UMSA. Licenciado en Biología por la UMSA, y doctorado en Biología Animal por la Universidad de Barcelona. Sus estudios se han enfocado sobre la biología, ecología y evolución de un grupo de aves enteramente neotropical, los tinamúes, aves emparentadas filogenéticamente con los avestruces y ñandúes. Su otra línea de investigación se centra en la ecología de las aves urbanas, relacionándose desde aquí en el trabajo interdisciplinario para generar propuestas y estrategias en desarrollo urbano sostenible.

Resumen

Los estudios sobre la historia de la ciencia permiten contextualizar teorías, paradigmas, hipótesis y problemas científicos actuales. Esto es particularmente importante para estudios sobre la biodiversidad de regiones poco estudiadas como Latinoamérica, donde el quehacer científico y la historia escrita presentaron dificultades durante los acontecimientos históricos de conquista, colonia e independencia. Estos eventos dificultaron no sólo la generación de conocimiento científico, sino también su adecuado resguardo y sistematización. Antiguos escritos, tanto impresos como manuscritos de los siglos XVI al XVIII, están resguardados en pocos ejemplares en bibliotecas europeas, y las obras clásicas de los siglos XIX y la primera mitad del siglo XX tuvieron una distribución

muy restringida en Latinoamérica. Sin embargo, esta literatura se ha hecho accesible gratuitamente al público gracias a la iniciativa internacional "Biblioteca del Patrimonio de la Biodiversidad" (Biodiversity Heritage Library, https://www.biodiversitylibrary.org/), abriendo nuevas oportunidades para estudiar la historia de la ciencia sobre biodiversidad. Para ilustrar la importancia de la historia de la ciencia, describo un proceso de búsqueda, sistematización y análisis de la literatura histórica con el fin de enfocar adecuadamente estudios científicos y estrategias de conservación para especies clave de nuestros ecosistemas. Este ejemplo se centra en la discrepancia sobre la asignación taxonómica del Suri o ñandú petiso de la puna (*Rhea pennata tarapacensis/garleppi*), cuyas poblaciones naturales están sufriendo una drástica disminución sin que exista una priorización a nivel mundial para su conservación, puesto que actualmente, y por razones históricas, se la considera una subespecie de un taxón de distribución más amplia.
Palabras clave: Historia de la ciencia, biodiversidad, conservación, aves, altiplano.

Introducción

La "Historia de la Ciencia" es una disciplina que documenta el desarrollo científico de la ciencia y la tecnología en relación al contexto político, social y económico y, por tanto, permite percibir a la ciencia como un proceso social, humanístico y cultural (Russell, 1981). La comprensión de estos procesos puede aportar con evidencia a los actuales debates y controversias científicos (Kuhn, 2014).

La generación de ciencia y tecnología ha ocurrido en todas las sociedades humanas, y esto es cierto también para el conocimiento de la biodiversidad en Latinoamérica, donde las culturas precolombinas desarrollaron un bagaje impresionante de conocimientos (p.e. Bastien, 1982), con vigencia incluso para la solución de problemas actuales (Davis y Choisy, 2024; Levis et al. 2024). A este conocimiento se ha incorporado la llamada "ciencia moderna", también conocida como "ciencia occidental". Los fundamentos de la ciencia moderna ocurrieron en la Europa occidental entre los siglos XII y XVI como

consecuencia de la sistematización e institucionalización del conocimiento científico, principalmente en las universidades medievales (Grant, 1997).

La incorporación de esta ciencia en Latinoamérica estuvo mediada por los procesos históricos de la conquista y colonia europea, así como la posterior independencia (Saldaña, 2006). En el caso concreto del conocimiento de la biodiversidad local en el marco de la "ciencia moderna", en Latinoamérica inició con los registros y descripciones desde el primer contacto de los europeos con la naturaleza de este continente. El análisis histórico de antiguas expediciones de naturalistas en Latinoamérica y de las colecciones científicas producidas en ellas, están generando, por ejemplo, aportes de importancia en el estudio moderno de la taxonomía y de procesos evolutivos (p.e. Steinheimer, 2004; Hairie et al. 2022; Bolman, 2023; Osório y Veracine 2025).

En Latinoamérica, y particularmente en Bolivia, el acceso a esta literatura ha estado restringido por el hecho de que estos antiguos escritos, tanto impresos como manuscritos de los siglos XVI al XVIII, están resguardados en pocos ejemplares en bibliotecas europeas, y las obras clásicas de los siglos XIX y la primera mitad del siglo XX tuvieron una limitada distribución en esta región. Pero actualmente, esta literatura se ha hecho accesible gratuitamente al público gracias a la iniciativa internacional "Biblioteca del Patrimonio de la Biodiversidad" (Biodiversity Heritage Library, https://www.biodiversitylibrary.org/), abriendo nuevas oportunidades para estudiar la historia de la ciencia sobre biodiversidad (Gwinn y Rinaldo, 2009).

Para graficar la posibilidad de utilizar a la historia de la ciencia para coadyuvar con evidencia a la solución de preguntas científicas actuales, he elegido como estudio de caso el actual problema de falta de definición taxonómica en la nominación del Suri (*Rhea pennata tarapacensis/garleppi*) como especie válida. El Suri, actualmente considerado una subespecie de Ñandú Petiso, es un ave icónica de los altos Andes de Bolivia, Perú y Chile, ha sido parte importante de la cosmovisión andina (Mamani y Capriles, 2015) y es funcionalmente clave en los ecosistemas que habita. Sus poblaciones están retrocediendo dramáticamente por la caza ilegal, la recolección de huevos, y la alteración

de su hábitat natural (Schmitt et al., 2024), pero al asumirla como subespecie de una especie de más amplia distribución y abundancia, como lo es *Rhea pennata*, se la cataloga actualmente como "en menor preocupación" (BirdLife International, 2022), lo que impide encarar adecuadamente esfuerzos y recursos para su conservación.

Desarrollo teórico

Planteamiento del problema

El Suri o "ñandú petiso de la Puna", tiene actualmente una taxonomía problemática. Por un lado, consiste de dos subespecies propuestas de difícil distinción entre sí (*R. p. tarapacensis* y *R. p. garleppi*), y por otro lado se la ha incorporado dentro de la especie *Rhea pennata*, no faltando las opiniones contrarias al respecto (Schmitt et al., 2024). En los hechos, varios autores en diferentes momentos propusieron previamente elevarla a un taxón de especie independiente (Chubb, 1913; Fjeldså y Krabbe, 1990; del Hoyo y Collar, 2014). Ante la dificultad de la distinción morfológica de las tres subespecies de *R. pennata* entre sí, se ha recomendado una profunda revisión del estatus taxonómico de las poblaciones de esta especie con estudios biológicos que permitan definir el nivel de aislamiento y diferenciación morfológica y genética entre ellas (Remsen et al., 2025).

Pero ha de considerarse que la propuesta taxonómica actual ha tenido un proceso histórico influenciado por eventos políticos, sociales y económicos, y comprenderlos puede dar luces sobre esta cuestión biológica. Precisamente, desde la perspectiva de la historia de la ciencia, es importante considerar que el Suri es un ave grande que difícilmente pudo pasar desapercibida por los primeros exploradores en los Andes de Sudamérica desde el siglo XVI, por lo que surge la interrogante de la razón por la que no fue descrito como especie antes de la primera descripción oficial del ñandú petiso patagónico (*Rhea pennata*) por Alcide d'Orbigny en el siglo XIX (d'Orbigny, 1837), así como también surge la interrogante sobre la razón histórica por la que posteriormente fue asimilada como subespecie de este taxón.

En este contexto, se plantea las siguientes preguntas: ¿Puede comprenderse a través de la historia de la ciencia las razones históricas que llevaron a los científicos a plantear que el Suri es una subespecie del Ñandú petiso descrito en la Patagonia Argentina por Alcide d'Orbigny en 1837?, ¿Han estado estas decisiones influenciadas por el entorno político, social o económico, y de esta manera no haber estado totalmente sujetas a una decisión científica objetiva?

Enfoque del estudio

En los altos Andes Centrales de Sudamérica, el Suri constituyó por su tamaño un importante recurso para los primeros humanos que arribaron al continente (p.e. Medina et al., 2011; Valenzuela et al., 2015; Capriles, 2016), y de esta forma, existen numerosos testimonios orales y gráficos de esta interacción en pinturas rupestres, cerámicas, textiles, tradiciones orales y rituales (Guamán Poma de Ayala, 1615; Mamani y Capriles, 2015; Valenzuela et al., 2018).

Sin embargo, las preguntas planteadas están enmarcadas en la taxonomía biológica, que es la ciencia que se encarga del ordenamiento, descripción, clasificación y nombramiento de los seres vivos, utilizando la llamada "clasificación linneana" propuesta por Carl von Linné en el siglo XVIII (Linnaeus, 1758), y por tanto cae en el marco histórico y conceptual de la "ciencia moderna". Por esta razón, la cota inferior para este análisis histórico se la ha de plantear en el siglo XVI, momento en el que habrían aparecido los primeros reportes escritos de los exploradores europeos en los altos Andes sudamericanos. Estos escritos pueden ser numerosos y de difícil acceso (siglos XVI-XVII), por lo que para este rango histórico se ha buscado en la "Biblioteca del Patrimonio de la Biodiversidad" (Biodiversity Heritage Library, https://www.biodiversitylibrary.org/), obras que tratasen biodiversidad en general en el ámbito geográfico de los Andes Centrales, buscando específicamente referencias directas o indirectas al Suri.

Posteriormente se analizó la literatura correspondiente al siglo XVIII e inicios del siglo XIX, influenciada por la taxonomía biológica fundada por Carl von Linné con su obra *Systema Naturae* publicada en varios tomos entre 1735 y 1770. Se evaluó en esta obra, y

otros trabajos taxonómicos de aves correspondientes a este periodo disponibles en la Biblioteca del Patrimonio de la Biodiversidad, la posible mención del Suri, hasta la primera descripción del ñandú petiso en la Patagonia argentina por d'Orbigny. Y finalmente se analizó el desarrollo histórico de esta taxonomía hasta la actualidad.

Resultados y discusión

En el análisis histórico realizado, se ha logrado distinguir cinco periodos: *a)* el periodo colonial de los siglos XVI y XVII en los que cronistas y misioneros, sin ser naturalistas ni expertos, hicieron referencia a la existencia del Suri en la región del altiplano de los Andes centrales; *b)* el siglo XVIII en el que se inaugura la taxonomía biológica moderna, pero que, debido a varias confusiones se obvia la existencia del Suri; *c)* la realización de expediciones científicas especializadas en Sudamérica durante la primera mitad del siglo XIX auspiciadas y financiadas por diferentes naciones europeas por intereses económicos y geopolíticos; en este periodo se describe el ñandú petiso en la Patagonia argentina por Alcide d'Orbigny; *d)* expediciones científicas auspiciadas por museos de historia natural de naciones europeas o las recientes naciones sudamericanas durante la segunda mitad del siglo XIX e inicios del siglo XX en las que se "redescubre" al Suri como habitante de los altos Andes, pero asumiéndolo como la misma especie descrita por d'Orbigny; y *e)* el periodo de discusión científica sobre la posibilidad de que el Suri sea considerado una especie distinta, inaugurado por Charles Chubb en 1913, y que a la fecha no se ha resuelto.

Primer periodo colonial

Tal como se había supuesto previamente, se encontró en la "Biblioteca del Patrimonio de la Biodiversidad" obras de los siglos XVI y XVII, en las que se menciona al Suri como un elemento de la fauna autóctona de los altos Andes Centrales. El primer reporte escrito que se ha podido descubrir es la obra del sacerdote misionero y científico español Joseph de Acosta S.J., quien residió en Perú desde 1572 y recorrió el territorio del Perú y el Alto Perú hasta 1586. Este autor refiere al Suri en la obra titulada en español "Historia natural

y moral de las Indias", sin llamarle con este nombre, sino con la siguiente descripción: "aves muy pesadas, como avestruces, que se hallan en el Perú, y aun a veces suelen espantar a los carneros de la tierra (llamas)" (Acosta, 1590). En este primer reporte se nota la influencia social europea del conocimiento previo de los avestruces (*Struthio camelus*) los cuales fueron difundidos en Europa a través de rutas comerciales desde África.

La primera obra en la que se utiliza el vocablo "Suri" para identificar a esta especie en los altos Andes Centrales es la de Ludovico Bertonio S.J., sacerdote misionero y lingüista italiano que estuvo desde 1582 en Perú, y desde 1585 fue destinado a Juli en el altiplano peruano. Este autor escribió un diccionario español-aimara (primer tomo) y aimara-español (segundo tomo) muy completo (Bertonio, 1612), obra notable por ser de las pocas impresas de América. En ella, el autor hace corresponder la palabra aimara "suri" con el vocablo español "avestruz". Es de entender que Bertonio, sin ser especialista en zoología, no consideró que el Suri podría ser una especie distinta a lo que él conocía previamente como avestruz.

Para el año 1615 se tiene conocimiento de la obra de Felipe Guamán Poma de Ayala, cronista indígena nacido en Cuzco, que escribió la obra "Nueva crónica y buen gobierno", existente sólo como un manuscrito en la Biblioteca Real de Dinamarca en Copenhague, el cual había sido enviado por el autor a Felipe III de España probablemente alrededor del año 1615, disponible a todo público actualmente gracias a la digitalización de este único ejemplar en la "Biblioteca del Patrimonio de la Biodiversidad". Guamán Poma de Ayala describe: "… sacrificaban con carneros negros y cestos de coca y con diez niños de un año y conejos y mullo y pluma de suri quemándolo, saumaban a las dichas uacas, ídolos y sacrificios…" (Guamán Poma de Ayala, 1615). Con este texto, los lectores no conocedores no podrían asociar el vocablo "suri" exactamente con la especie, sino apenas concebir que se trataba de un ave.

No es sino hasta el año 1635, con la obra de Juan Eusebio Nieremberg S.J., sacerdote, científico y teólogo español, que se asocia el vocablo "Suri" con una descripción.

Nieremberg no tuvo la oportunidad de estar en Sudamérica, pero recopiló copiosa información de otros naturalistas en su obra "*Historia naturae, maxime peregrinae*" (Nieremberg, 1635). Presenta al suri con el título *De Struthione* (El avestruz) como: "… Avestruz en Occidente es el personaje más sagaz. Suri por los indios, por otros se llama iardu, de pluma más inferior, que en África. El color no es completamente blanco; es decir, degenera a marrón (...)". Resalta el uso en sinonimia del vocablo "iardu", lo que junto con ciertas descripciones incluidas hace pensar que Nieremberg confundió al Suri como una misma especie con el ñandú común (*Rhea americana*), en esto pudo influir el hecho de que este autor no tuvo la experiencia de observar directamente estas especies.

La influencia de la taxonomía biológica moderna en el siglo XVIII o época de la ilustración

La época de la ilustración durante el siglo XVIII propició un ambiente de discusión científica bastante fructífero en Europa, abarcando también la sistematización de historia natural como ciencia. En este contexto, la confusión de Nieremberg es notable, pues genera un hito histórico en el análisis del problema en cuestión, al tomar las descripciones del Suri de los altos Andes y asimilarlas al ñandú de tierras bajas. Como se verá adelante, esto determinó la pérdida de la visión por parte de la ciencia moderna de la existencia de ñandúes en tierras altas. Paul Heinrich Gerhard Möhring en su libro *Avium Genera* (Moehringio, 1752), describe y nomina al "ñandú" como una especie única en Sudamérica y por primera vez diferenciada del avestruz: "Cabeza y cuello de avestruz, alas pequeñas no aptas para volar, casi sin cola, tres dedos anteriores todos con garras; en lugar del posterior, un callo subglobular", proponiendo, además, usar el género *Rhea* para separarlos del género *Struthio*. Esto influyó en la propuesta de Carl von Linné en el décimo tomo de su obra quien, sin considerar la propuesta de separación genérica de Möhring, describe en un único género *Struthio* a cuatro especies, entre ellas *Struthio americanus* (Linnaeus 1758), como la una única especie de ñandú para toda Sudamérica.

La enorme influencia científica de la obra de Carl von Linné fue decisiva para mantener la visión en la ciencia moderna de que en Sudamérica existía una sola especie de ñandú. Es así que en la obra de referencia fundamental en la época de Mathurin Jacques Brisson,

zoólogo y filósofo francés, se revive el género *Rhea*, pero se describe a los ñandúes de Sudamérica como una sola especie, mencionando sólo una distribución en los llanos del norte de Sudamérica, y citando el vocablo "Suri" como una sinonimia (Brisson, 1760). Esta confusión perduró hasta el siglo XIX en las obras de grandes naturalistas (p.e. Buffon, 1770; Cuvier, 1817), en las que, además, se extiende la distribución de la especie hasta el estrecho de Magallanes y Chile al reunir información de otros naturalistas.

Es importante mencionar la obra de Martin Dobrizhoffer S.J., sacerdote misionero austriaco, enviado al Paraguay en 1749, titulada "*Historia de Abiponibus equestri, bellicosaque Paraguariae Natione*", escrito en Europa tras la expulsión de los jesuitas de América (1767). En ella, Dobrizhoffer describe con claridad que en Sudamérica había al menos dos especies de ñandúes, una más grande al norte y una más pequeña al sur (Dobrizhoffer, 1784). Pero esta obra no influyó en la percepción de los grandes naturalistas de la época probablemente por su carácter más histórico y antropológico.

Las expediciones de naturalistas de la primera mitad del siglo XIX

La época de la ilustración europea promovió expediciones científicas a Sudamérica durante la primera mitad del siglo XIX con fines principalmente económicos y geopolíticos. Una de las pocas promovidas por el Estado español fue la de Félix de Azara, ingeniero militar y naturalista español que, con el mandato de establecer los límites hispanoportugueses, aprovechó de recopilar extensa información de la historia natural de aves de la región del Paraguay y Río de la Plata en su obra "Apuntamientos para la historia natural de los páxaros del Paragüay y Rio de la Plata" (Azara, 1805). En ella, el autor reporta información sólo del ñandú común de tierras bajas (*R. americana*) asumiendo, por la influencia de obras precedentes, que esta especie se extendía hasta el estrecho de Magallanes y, al no haber visitado regiones altoandinas, concluyó erróneamente que el nombre "Suri" sería uno más para el ñandú común.

Quien finalmente descubrió y describió la nueva especie de ñandú en la Patagonia argentina fue Alcide Dessalines d'Orbigny, científico, naturalista y explorador francés, a quien el Museo de Historia Natural de París le encomendó la exploración y colección de

especímenes en Sudamérica entre 1826 y 1833. De acuerdo a su diario (d'Orbigny, 1839-1843), él supo por los pobladores locales de la existencia de un ñandú petiso al sur, diferente al mayor del norte, y luego de una intensa búsqueda finalmente logró describir a la nueva especie con el nombre *Rhea pennata* a partir de restos de un solo individuo encontrado muerto y devorado por los zorros en julio de 1829 (d'Orbigny, 1937). Luego de su estadía en Argentina y Chile, Alcide d'Orbigny fue invitado por el general Andrés de Santa Cruz para que investigue las riquezas naturales de la recientemente creada República de Bolivia, comprometiendo todas las facilidades. d'Orbigny exploró territorio boliviano entre mayo de 1830 y junio de 1833, y aunque recorrió las cordilleras y altiplano, hábitats del Suri, no se percató ni reportó sobre su existencia, y esto es aún más llamativo considerando que estando en La Paz en junio de 1930 describió los tocados indígenas hechos con plumas de ñandú (d'Orbigny, 1839-1843), pasando por alto que podrían tratarse del ñandú petiso que con tanto ahínco había buscado en Argentina.

Después de d'Orbigny, el siguiente gran naturalista que visitó Sudamérica fue Charles Darwin, quien fue contratado como naturalista en la segunda expedición del "HMS Beagle" (1831-1836) que, en el marco de los intereses geopolíticos de Gran Bretaña, tenía la misión de circunnavegar el mundo para cartografiar las costas y medir corrientes oceánicas. Estando en la Patagonia argentina en agosto de 1833 tuvo la oportunidad de observar y diferenciar tanto al ñandú común como al ñandú petiso, y ante el desconocimiento de que d'Orbigny ya lo había descubierto previamente (pues la publicación de d'Orbigny recién salió en 1837), se propuso capturar especímenes. Finalmente, sólo logró rescatar partes de un individuo casualmente cazado para la cena que fueron entregadas a John Gould, conservador del museo de la Sociedad Zoológica de Londres, quien lo describió como una nueva especie nominándola *Rhea Darwinii* (Gould 1837). Cuando Alcide d'Orbigny se enteró de la publicación de Gould, se apresuró a reclamar la autoría sobre la especie (d'Orbigny 1837), generándose una discusión respecto a la autoría y nominación (p.e. Gould y Darwin, 1841) que llevó varios años. Aunque durante el siglo XIX e inicios del siglo XX prevaleció el uso del nombre *R. darwini*,

actualmente se reconoce la autoría a Alcide d'Orbigny, y el nombre para el ñandú petiso de *Rhea pennata*.

Para esta época se había consolidado la existencia de dos especies distintas de ñandúes, el ñandú común (*Rhea americana*), la más grande, en sabanas y pampas al norte del río Negro de Argentina, y el ñandú petiso (*Rhea pennata*) desde el sur del rio Negro hasta el estrecho de Magallanes. Por tanto, para la ciencia moderna, no existían ñandúes en tierras altas de los Andes.

Expediciones científicas durante la segunda mitad del siglo XIX e inicios del siglo XX: el redescubrimiento del Suri en los altos Andes

Estas expediciones fueron promovidas principalmente por museos de historia natural de Europa y en ocasiones de repúblicas sudamericanas, con un estricto interés científico. El naturalista y explorador suizo Johann Jakob von Tschudi exploró el Perú entre 1838 y 1842 realizando observaciones de historia natural y cultura, y recolectando especímenes biológicos. En la lista de aves que posteriormente publicó reportó al Suri con el nombre de *R. americana* (Tschudi, 1844). Władysław Taczanowski, zoólogo polaco curador de la colección zoológica del Museo de Varsovia, escribió una completa obra de la ornitología del Perú mencionando para el caso de ñandúes "…no hay datos para poder determinar a cuál de las especies conocidas puede pertenecer el ave peruana, o si es completamente desconocida…", pero lista para el altiplano sur del Perú a *R. americana* (Taczanowski, 1886), debido a la influencia del trabajo de Tschudi.

Rodulfo Amando Philippi, naturalista alemán profesor de la Universidad de Chile publicó un catálogo de aves existentes en el Museo Nacional de Santiago (Philippi, 1868), en la cual figura "*Rhea Darwini*" de material proveniente de Mendoza, Argentina. Este sería el primer reporte científico del ñandú petiso en la cordillera de los Andes. Posteriormente, Philippi realizó exploraciones auspiciadas por el Gobierno de Chile en el desierto de Atacama y la provincia de Tarapacá, antiguos territorios bolivianos y peruanos recientemente anexados a Chile. Philippi publicó una lista de 80 aves incluyendo a "Rhea

Darwini", este sería el primer reporte científico del ñandú petiso en el norte de Chile (Philippi, 1888).

El colector británico Ambrose Lane recorrió distintas regiones de Chile entre 1889 y 1890, obteniendo individuos de Suri cerca de la frontera con Bolivia, los cuales fueron incorporados como "*Rhea darwini*" en las colecciones científicas de la Sociedad Zoológica de Londres (Sclater, 1890; 1891). Jan Kalinowski, explorador y colector polaco contratado para incrementar la colección privada de historia natural de Konstanty Branicki de Varsovia, realizó varias expediciones en Perú y Bolivia entre noviembre de 1893 y 1899, y en julio de 1896 colectó en la vertiente occidental de los Andes de Perú cuatro individuos de suri identificados como *R. darwini* (Berlepsch y Stolzmann, 1906). Por otro lado, los hermanos alemanes Otto y Gustav Garlepp realizaron colecciones de miles de especímenes de aves en Sudamérica, incluido un espécimen de Suri en Sajama, Bolivia, también identificado como *R. darwini* (Berlepsch y Stolzmann, 1906). A partir de estas expediciones, la presencia del Suri se acepta en la literatura científica de la época como presente en los altos Andes del norte de Chile y Argentina, sur del Perú, y oeste de Bolivia, pero asumida como la misma especie descrita en Patagonia (Salvadori, 1895; Reed, 1896; Brabourne y Chubb, 1912).

Inicio de la discusión sobre si el Suri podría considerarse una especie distinta

La primera propuesta de separación del Suri como una especie distinta fue planteada relativamente pronto después de la confirmación de su presencia en los altos Andes de Sudamérica. Charles Chubb, revisando los especímenes de Suri coleccionados previamente, consideró que se trataban de una especie distinta a la patagónica, proponiendo llamarla *Pterocnemia tarapacensis*, nótese el uso del género propuesto por Robert Gray (Gray, 1871), y que ésta se subdividiría en dos subespecies: *Pterocnemia tarapacensis tarapacensis* y *Pterocnemia tarapacensis garlepii* (Chubb, 1913). El rasgo morfológico más sólido para la separación de *P. tarapacensis* respecto a *P. pennata* sería el número de escutelos en los tarsos, y aunque los matices de coloración son sutiles, las formas cordilleranas serían más obscuras en el plumaje del dorso. Los holotipos de estas

descripciones se encuentran alojados actualmente en la colección del Natural History Museum del Reino Unido (https://www.nhm.ac.uk/researchcuration/scientific-resources/collections/zoological-collections/bird-type-specimens/) con los códigos 1892.2.10.1040 (*P. t. tarapacensis*) y 1939.12.9.1124 (*P. t. garleppi*).

Si bien la propuesta de Chubb fue aceptada por Dabbene (1920) para Argentina y por Hellmayr (1932) para Chile, pronto se generó una confusión en la literatura científica cuando James Lee Peters en su "Lista de aves del mundo" describe al ñandú petiso con tres subespecies (Peters, 1931), y en adelante las siguientes publicaciones mantuvieron este esquema taxonómico (p.e. Bond y de Schauensee, 1943; Goodall et al., 1946-1951; Plenge, 1982; Cajal, 1988). Esta situación anuló tempranamente la discusión científica sobre la nominación del ñandú petiso cordillerano como una especie separada del ñandú petiso patagónico.

La literatura científica de fines del siglo XX y siglo XXI mantuvieron una posición cauta respecto a la identidad taxonómica del Suri, por un lado, cuestionando que las subespecies *tarapacensis* y *garleppi* sean válidas (p.e. Hellmayr y Conover, 1942; Blake, 1977; Fjeldså y Krabbe, 1990; Davies, 2002), y por otro, proponiendo que el Suri podría ser nominado como una especie separada (p.e. Jaramillo, 2003; del Hoyo y Collar, 2014). Pero el consenso actual acepta, por ahora, una sola especie de ñandu petiso como *Rhea pennata*, sin haberse refutado el número de escutelos como diferencia entre las dos posibles especies (BirdLife International, 2025). Esto lleva a plantear la urgente necesidad de realizar investigaciones genéticas para contar con una propuesta taxonómica formal (Remsen et al., 2025).

Conclusiones

1. En el estudio de caso específico planteado, se ha evidenciado que la historia de la ciencia ha permitido comprender que la actual falta de definición taxonómica de la identidad del Suri como especie ha estado influenciada por los acontecimientos históricos, así como por las decisiones de naturalistas y científicos basadas en muchos casos en confusiones o desconocimiento. Es así que, pese a que la

existencia del Suri en los altos Andes de Sudamérica se reconoció muy tempranamente, la ciencia moderna desconoció su existencia, luego la confundió con el ñandú común, y finalmente la asimiló al ñandú petiso patagónico, la cual, para la ciencia moderna, fue descubierto y descrito antes que el Suri.

2. La historia de la ciencia no permite develar si el Suri es una especie distinta, pero descubre que la actual clasificación taxonómica se ha basado en una serie de errores que pueden tenerse en cuenta para futuras tomas de decisiones. Por ejemplo, de aceptarse que el Suri es una especie distinta, lo correcto sería asignarle el nombre de *Rhea tarapacensis* (Chubb, 1813).
3. El estudio de caso presentado, demuestra, tanto la importancia de considerar la historia de la ciencia para la comprensión de problemas científicos actuales, así como la posibilidad de encarar estudios serios y completos gracias al acceso universal a la literatura histórica, al menos para el caso de biodiversidad.
4. Por esta razón, este ensayo espera motivar a los investigadores de Bolivia a incorporar la historia de la ciencia tanto en sus investigaciones, así como en los procesos de enseñanza-aprendizaje de ciencias en las universidades.

Referencias bibliográficas

- Acosta, J. (1590). Historia natural y moral de las Indias. En casa de Juan de León, Sevilla. 535 pp. (Disponible en: https://www.biodiversitylibrary.org/item/234510).
- Azara, F. (1805). Apuntamientos para la Historia Natural de los Páxaros del Paraguay y Rio de la Plata. Tomo tercero. Imprenta de doña Manuela Ibarra, Madrid. 479 pp. Disponible en: https://www.biodiversitylibrary.org/item/310493
- Bastien, J. W. (1982). Herbal curing by Qollahuaya Andeans. Journal of Ethnopharmacology, 6(1), 13-28. doi.org/10.1016/0378-8741(82)90069-1
- Berlepsch, P. H. von y J. Stolzmann. (1906). Rapport sur les nouvelles collections ornithologiques faites au Pérou par M. Jean Kalinowski. Ornis 13(2): 63-134. Disponible en: https://www.biodiversitylibrary.org/page/24740057

- Bertonio, L. (1612). De la lengua aymara. Segunda parte, Impresa en la casa de la Compañía de IESUS, Juli (Perú). 399 pp. (Disponible en: https://archive.org/details/vocabulariodelal00bert/page/n1/mode/2up)
- BirdLife International (2022). Species factsheet: Lesser Rhea *Rhea pennata*. Downloaded 13/05/2026 from https://datazone.birdlife.org/species/factsheet/lesser-rhea-rhea-pennata
- BirdLife International. (2025). HBW-BirdLife Version 9.1.http://datazone.birdlife.org/species/taxonomy
- Blake, E. R. (1977). Manual of Neotropical Birds, Volume 1. The University of Chicago Press, Chicago.
- Bolman, B. (2023). What mysteries lay in spore: taxonomy, data, and the internationalization of mycology in Saccardo's Sylloge Fungorum. The British Journal for the History of Science, 56(3), 369-390. doi.org/10.1017/S0007087423000158
- Bond, J. y R. M. de Schauensee. (1943). The birds of Bolivia. Part II. Proceedings of the Academy of Natural Sciences of Philadelphia 95:167-221.
- Brabourne, L. y C. Chubb. (1912). The birds of South America, Vol. I. Taylor & Francis, London, 504 pp. Disponible en: https://www.biodiversitylibrary.org/item/116823
- Brisson, M. J. (1760). Ornithologie ou Méthode contenant la division des Oiseaux en Ordres, Sections, Genres, Especes & leurs Variétés. Tome V, Chez C.J.B. Bauche, Libraire, Paris. 544 pp. Disponible en: https://www.biodiversitylibrary.org/item/111922
- Buffon, M. (1770) Histoire naturelle des oiseaux. Tome Second. De L'Imprimerie Royale, Paris. 351 pp. (accesible en https://www.biodiversitylibrary.org/item/133866)

- Cajal, J. L. (1988). The lesser Rhea in the Argentine Puna Region: present situation. Biological Conservation 45(2):81-91. https://doi.org/10.1016/0006-3207(88)90040-7
- Capriles, J. M. (2016). The subsistence economy of early Andean pastoralists: zooarchaeological insights from a formative period Wankarani house. Págs: 39-54. En: J. M. Capriles y N. Tripcevich (Eds.) The archaeology of Andean pastoralism. University of New Mexico Press, Albuquerque
- Chubb, C. (1913). Exhibition and description of two forms of Rhea (*Pterocnemia tarapacensis* and *P. t. garleppi*), with a key to the genera and species of Rheas. Bulletin of the British Ornithologists' Club, 33: 79-81. Disponible en: https://www.biodiversitylibrary.org/item/101093
- Cuvier, G. (1817). Le règne animal distribué d'après son organisation, pour servir de base a l'histoire naturelle des animaux et d'introduction a l'anatomie comparée. Tome I, L'Introduction, les Mammifères et les Oiseaux. Chez Deterville, Libraire, Paris. 540 pp. Disponible en: https://www.biodiversitylibrary.org/item/18030
- Dabbene, R. (1920). Los ñandúes de la República Argentina. El Hornero 2(2):81-84.
- Davies, S. J. J. F. (2002). Ratites and Tinamous. Oxford University Press, Oxford. 310 pp.
- Davis, C. C., & Choisy, P. (2024). Medicinal plants meet modern biodiversity science. Current biology, 34(4), R158-R173. DOI: 10.1016/j.cub.2023.12.038
- del Hoyo, J. y N. J. Collar. (2014). HBW and BirdLife International Illustrated Checklist of the Birds of the World. Vol. 1: Non-passerines. Lynx Edicions, Barcelona.
- Dobrizhoffer, M. (1784). Historia de Abiponibus equestri, bellicosaque Paraguariae Natione. Vol I. Josephi Nob. De Kurzbek, Viena. 476 pp. Disponible en: https://archive.org/details/historiadeabipon00dobr/page/342/mode/2up

- d'Orbigny, A. (1839-1843). Voyage dans l'Amérique Méridionale, exécuté pendant les années 1826, 1827, 1828, 1830, 1831, 1832 et 1833. Tome Deuxième. Chez P. Bertrand, Éditeur, Libraire de la Societé géologique de France, Paris. 667 pp. Disponible en: https://www.biodiversitylibrary.org/item/163114
- d'Orbigny, A. (1837). Rhea pennata. L'Echo du Monde Savant, 67: 58.
- Fjeldså, J., y N. Krabbe (1990). Birds of the High Andes. A Manual to the Birds of the Temperate Zone of the Andes and Patagonia, South America. Zoological Museum, University of Copenhagen and Apollo Books, Copenhagen and Svendborg, Denmark.
- Goodall, J. D., A. N. Johnson y R. A. Philippi. (1946-1951). Las aves de Chile. Su conocimiento y sus costumbres. Dos volúmenes. Platt establecimientos gráficos, Buenos Aires.
- Gould, J. (1837). On a New Rhea (*Rhea Darwinii*) from Mr. Darwin's Collection. Proceedings of the Zoological Society of London 5:35.
- Gould, J. y C. Darwin. (1841). The zoology of the voyage of H.M.S. Beagle, under the command of captain FitzRoy, R.N., during the years 1832 to 1836. Part III Birds. Smith, Elder and Co., London, 156 pp. Disponible en: http://darwinonline.org.uk/contents.html
- Grant, E. (1997). History of science: When did modern science begin? The American Scholar, 66(1), 105-113. https://www.jstor.org/stable/41212592
- Gray, G. R. (1871). Hand-list of Genera and Species of Birds, distinguishing those contained in the British Museum, Part III Struthiones, Grallae, and Anseres. Taylor and Francis, London, 350 pp. Disponible en: https://www.biodiversitylibrary.org/item/65171
- Guamán Poma de Ayala, F. (1615 aprox). Primer nueva crónica y buen gobierno. Manuscrito único, puede leerse en línea en: http://www5.kb.dk/permalink/2006/poma/titlepage/en/text

- Gwinn, N. E. y Rinaldo, C. (2009). The Biodiversity Heritage Library: sharing biodiversity literature with the world. IFLA Journal 35(1): 25-34. doi.org/10.1177/0340035208102O3
- Hairie, C., Forel, M. B., Bartolini, A., Argot, C., Herbin, M., & Rouchon, V. (2022). The peregrination of Alcide d'Orbigny's Foraminifera Collection at the Museum of Natural History, Paris: From the creation of a Palaeontology chair to the advent of Micropalaeontology. Annales de Paléontologie 108(4): 102557. doi.org/10.1016/j.annpal.2022.102557
- Hellmayr, C. E. (1932). The Birds of Chile. Field Museum of Natural History, Zoological Series 19: 1-472. https://www.biodiversitylibrary.org/item/20866
- Hellmayr C.E. and B. Conover. (1942). Catalogue of birds of the Americas and the adjacent islands in Field Museum of Natural History. Zoological Series Field Museum of Natural History Volume XIII, Part I, Number 1, Publication 514. 636 pp. Disponible en: https://www.biodiversitylibrary.org/item/25983
- Jaramillo, A. (2003). Birds of Chile. Princeton University Press, New Jersey, 240pp.
- Kuhn, T. (2014). The history of science. Págs. 106-121. En: L. Patton (Ed.) Philosophy, Science, and History: a guide and reader. Routledge Taylor & Francis Group, New York.
- Levis, C., Flores, B. M., Campos-Silva, J. V., Peroni, N., Staal, A., Padgurschi, M. C., ... & Clement, C. R. (2024). Contributions of human cultures to biodiversity and ecosystem conservation. Nature Ecology & Evolution, 8(5), 866-879. doi.org/10.1038/s41559-024-02356-1
- Linnaeus, C. (1758). Systema naturae per regna tria naturae: secundum classes, ordines, genera, species, cum characteribus, differentiis, synonymis, locis. Tomus I, Editio decima, reformata. Holmiae, Impensis Direct. Laurentii Salvii [Stockholm, Sweden], 824 pp. Disponible en: https://www.biodiversitylibrary.org/item/10277

- Mamani, M. y C. Capriles. (2015). Suri Awicha. La "doncella" andina. Propuesta de conservación de una especie en vías de extinción. Producciones CIMA Editores, La Paz. 202pp.
- Medina, M., S. Pastor, E. Apolinaire y L. Turnes. (2011). Late Holocene subsistence and social integration in Sierras of Córdoba (Argentina): the South American ostrich eggshells evidence. Journal of Archaeological Science, 38(9):2071-2078. DOI:10.1016/j.jas.2011.05.001
- Moehringio, P. H. G. (1752). Avium Genera. Aurich und Bremen, 88 pp. Disponible en: https://www.biodiversitylibrary.org/item/104154
- Nieremberg, J. E. (1635). Historia naturae, maxime peregrinae. Libris XVI. Distincta". Oficina Plantiniana Balthasaris Moreti, Amberes. 502 pp. https://www.biodiversitylibrary.org/item/134066
- Osório, M., & Veracini, C. (2025). Mozambique's Colonial-Era Non-Human Primate Collection at the National Museum of Natural History and Science of Lisbon: Taxonomy, Provenance, and Historical Context. American Journal of Biological Anthropology, 188(4), e70174. doi.org/10.1002/ajpa.70174
- Peters, J. L. (1931). Check-list of Birds of the World. Harvard University Press, Cambridge, Mass. 345 pp. Disponible en: https://www.biodiversitylibrary.org/item/50578
- Philippi, R. A. (1868). Zoolojia Chilena. Catálogo de las aves chilenas existentes en el Museo Nacional de Santiago, formado por su director don Rodulfo Armando Philippi. Anales de la Universidad de Chile 31(2):241-335. Disponible en: https://www.biodiversitylibrary.org/item/206427
- Philippi, R. A. (1888). Ornis der Wüste Atacama und der Provinz Tarapacá. Ornis 4:155-160. Disponible en: https://www.biodiversitylibrary.org/item/35646
- Plenge, M. A. (1982). The distribution of the Lesser Rhea Pterocnemia pennata in Southern Perú and Northern Chile. Ibis 124 (2): 168-172. https://doi.org/10.1111/j.1474-919X.1982.tb03755.x

- Reed, E. C. (1896). Catálogo de las aves chilenas. Anales de la Universidad de Chile 93: 197-213. Disponible en: https://www.biodiversitylibrary.org/page/4992993
- Remsen, J. V., Jr., J. I. Areta, E. Bonaccorso, S. Claramunt, D. F. Lane, L. N. Naka, M. B. Robbins, F. G. Stiles y K. J. Zimmer. (2025). A classification of the bird species of South America. Museum of Natural Science, Louisiana State University. http://www.museum.lsu.edu/~Remsen/SACCBaseline.htm
- Russell, T. L. (1981). What history of science, how much, and why? Science Education, 65(1), 51-64.
- Saldaña, J.J. (2006) The Latin American Scientific Theater. Págs. 29-50. (*En*): J. J. Saldaña, Science in Latin America: a History. University of Texas Press, Austin.
- Schmitt, F., G. M. Kirwan, A. Folch, D. A. Christie, F. Jutglar, E. Garcia, and V. Pantoja-Maggi (2024). Lesser Rhea (Rhea pennata), version 2.1. In Birds of the World (G. M. Kirwan, Editor). Cornell Lab of Ornithology, Ithaca, NY, USA. https://doi.org/10.2173/bow.lesrhe2.02.1
- Salvadori, T. (1895). Catalogue of the Chenomorphae, Crypturi and Ratitae in the Collection of the British Museum. Catalogue of the Birds in the British Museum, Vol. XXVII, London. 636 p. Disponible: https://www.biodiversitylibrary.org/item/34500
- Sclater, P. L. (1890). Exhibition of, and remarks upon, two young specimens of Drawin's Rhea (*Rhea darwini*) from Province of Tarapacá. Proceedings of the Zoological Society of London, 1890: 412. Disponible en: https://www.biodiversitylibrary.org/item/91455
- Sclater, P. L. (1891). On a second Collection of Birds from the Province of Tarapacá, Northern Chili. Proceedings of the Zoological Society of London, 1891: 131-137.
- Steinheimer, F. D. (2004). Charles Darwin's bird collection and ornithological knowledge during the voyage of HMS "Beagle", 1831–1836. Journal of ornithology, 145(4), 300-320. doi.org/10.1007/s10336-004-0043-8

- Taczanowski, L. (1886). Ornithologie du Pérou. Tomo III. Typographie Oberthur, Rennes (Francia). 522 pp. Disponible en: https://www.biodiversitylibrary.org/item/49582
- Tschudi, J.J. (1844). Avium conspectus quae in Republica Peruana reperiuntur et pleraeque observatae vel collectae sunt in itinere a Dr. J. J. de Tschudi. Archiv für Naturgeschichte, 10 (1): 262-317. Disponible en:https://www.biodiversitylibrary.org/page/7088772
- Valenzuela, D., C. M. Santoro, J. M. Capriles, M. J. Quinteros, R. Peredo, E. M. Gayo, I. Montt y M. Sepúlveda. (2015). Consumption of animals beyond diet in the Atacama Desert, northern Chile (13,000–410 BP): Comparing rock art motifs and archaeofaunal records. Journal of Anthropological Archaeology, 40:250-265. Doi: 10.1016/j.jaa.2015.09.004
- Valenzuela, D., V. Castro y R. Peredo. (2018). El suri y el cóndor en el arte rupestre prehispánico del desierto de Atacama. Revista Chilena de Ornitología 24(1):3-14.

SECUENCIACIÓN Y MICROEVOLUCIÓN DEL GEN S (ESPIGA) DEL VIRUS SARS COV-2 EN MUESTRAS DE BOLIVIA: CORRELACIÓN ENTRE SU FILOGENIA Y LAS OLAS DE CONTAGIO

(Comunicación)

Aneliz Ninahuanca Terán (1), Daniela Andrea Arteaga Voigt (2), Emma Torres Tola (3), Ruddy Luna Barrón (4)

1. Instituto de Investigaciones Técnico Científicas de la Universidad Policial, Universidad Policial "Mcal. Antonio José de Sucre" (UNIPOL), Investigadora Adjunta.
Laboratorio GENÓMICA B-29 S.C.S., Responsable del área de investigación.
aninahuancat@gmail.com
La Paz-Bolivia, ORCID: 0009-0004-3326-7622

2. Instituto de Investigaciones Técnico Científicas de la Universidad Policial, Universidad Policial "Mcal. Antonio José de Sucre" (UNIPOL), Investigadora Adjunta.
d.arteaga.voigt@gmail.com
Cochabamba-Bolivia, ORCID: 0009-0008-7659-0269

3. Instituto de Investigaciones Técnico Científicas de la Universidad Policial, Universidad Policial "Mcal. Antonio José de Sucre" (UNIPOL), Responsable Centro de Investigación Genética.
emma0torres@gmail.com
La Paz-Bolivia, ORCID: 0009-0006-4449-7620

4. Instituto de Investigaciones Técnico Científicas de la Universidad Policial, Universidad Policial "Mcal. Antonio José de Sucre" (UNIPOL), Jefe del Departamento Científico.
rlunab@gmail.com
La Paz-Bolivia, ORCID: 0009-0005-7939-8836

Semblanza:

Bioquímica con maestría en Investigación Científica y con diplomado Internacional de Genética Médica y Enfermedades Raras para el médico de Primer y Segundo Nivel de

Atención, con especialidad en Patentes: Defensa y valoración de patentes-Transferencia de tecnología, y especialidad en Gestión de Calidad ISO 9001.
Con más de 15 años de experiencia en el área de genética, con especial énfasis en genética de poblaciones, genética médica y genética forense. Actualmente, desempeña el rol de investigadora en el laboratorio privado GENÓMICA B-29 S.C.S.

Resumen

Desde su origen en Wuhan-China, el virus SARS CoV-2 ha causado la muerte de millones de personas a nivel mundial. Hasta agosto de 2023, la OMS registró en Bolivia 1.206.420 casos de contagio y 22.399 muertes, siendo identificadas 6 olas por el INLASA. Diversos estudios profundizaron en el conocimiento de la estructura y composición genética del virus. Haciendo énfasis en el gen *S* se los fue clasificando por variantes. El objetivo del trabajo fue analizar la estructura génica poblacional y filogenia del gen *S* del virus SARS CoV-2 de pacientes COVID-19 positivos del Estado Plurinacional de Bolivia para luego correlacionar su filogenia con las diferentes olas de contagio. Empleando secuenciación Sanger y secuencias descargadas de la base de datos GISAID se analizó la estructura genética y la filogenia para luego correlacionar la presencia de las distintas variantes con las olas de contagio. La secuencia más larga obtenida por Sanger de 3060pb fue analizada junto a 348 secuencias descargadas de GISAID obteniéndose un árbol filogenético y una red de haplogrupos que revelaban la formación de clados y nodos que dieron origen a variantes de las seis olas. Se identificó la mutación Y508S como nueva, ya que hasta la fecha del análisis no se encontraba identificada en las bases de datos CoVariants® y CoV-Glue®. La filogenia, red de haplogrupos y coeficiente de correlación de Pearson relevaron la existencia de una correlación positiva entre la microevolución del fragmento analizado y la aparición de las diferentes olas de contagio.

PALABRAS CLAVE: Gen *S*, SARS CoV-2, filogenia, olas de contagio, Bolivia.

Introducción

El responsable de la pandemia de COVID-19 fue el virus SARS CoV-2 que tuvo su origen en Wuhan-China a finales del 2019. Desde su aparición experimentó una propagación mundial afectando a millones de personas en diversas olas de contagio de variantes en continua evolución[1].

Desde el 1 de agosto de 2023, la OMS ha dejado de recopilar información epidemiológica registrando en el Estado Plurinacional de Bolivia un total de 1.206.420 de casos de contagio y 22.399 decesos[2]. Según el Instituto Nacional de Laboratorios de Salud "Dr. Néstor Morales Villazón" (INLASA) de Bolivia, el país enfrentó 6 olas de contagio en Julio 2020, enero 2021, junio 2021, enero 2022, Julio 2022 y diciembre 2022, siendo las variantes predominantes 20B (B.1.1), 20B (B.1.1) y 20I (Alpha, V1, B1.1.7), 20J (Gamma, V3, P.1), 21K (Omicrón, BA.1) y 21A (Delta, B.1.617.2), 22B (Omicrón, BA.5), y 22E (Omicrón, BQ.1), respectivamente.[3]

Fueron diversas las investigaciones que se desarrollaron dando a conocer la información genética que alberga el virus SARS CoV-2 en sus diferentes regiones informativas (proteínas E, M, N, S, ORF), p.e. Tang et al. (2020)[4] analizando 103 genomas revelaron la existencia de dos tipos de evolución prevalentes, el tipo L y el tipo S, siendo el primero derivado del segundo y más virulento y agresivo.

La clasificación de SARS CoV-2 dentro de la familia Coronaviridae y el género Betacoronavirus se basa en su estructura genómica y las características de su proteína Espiga (S) que utiliza para ingresar a las células huésped, siendo la molécula convertidora de angiotensina II (ACE-2) el receptor primario del virus en humanos[5]. El material genético del SARS CoV-2 es un ARN monocatenario positivo, con 30.000 bases de longitud, siendo el genoma de ARN más grande identificado hasta la fecha[6]. Consta de aproximadamente 1.273 aminoácidos, y sus dominios están claramente definidos. Dada su importancia en la adherencia del virus y su entrada en las células huésped, se ha puesto un énfasis particular en las mutaciones que afectan el dominio de unión al receptor (RDB)[7]. Por otro lado, Resende et al. (2021)[8] describen mutaciones en otros

dominios, como el dominio amino (N)-terminal (NTD), que también tienen el potencial de inducir cambios conformacionales en la estructura de la proteína S, lo que puede influir en su funcionalidad.

Amicone et al. (2021)[9] a partir de las mutaciones acumuladas y excluyendo los genes con señales de selección en un ensayo realizado, estimaron una tasa de mutación espontánea de 16×10^{-6} nt^{-1} por ciclo de infección, demostrando que la acumulación de mutaciones es heterogénea a lo largo del genoma, y evidenciando que el gen *S* acumula mutaciones a un ritmo cinco veces mayor que el promedio genómico.

El presente estudio fue publicado in extenso en el Journal of Health & Biological Sciences de Brasil con el doi: 10.12662/2317-3076jhbs.v12i1. 5426.p1-8.2024. Cuyo objetivo fue analizar la estructura génica poblacional y filogenia del gen *S* del virus SARS CoV-2 de pacientes COVID-19 positivos del Estado Plurinacional de Bolivia para luego correlacionar su filogenia con las diferentes olas de contagio. Esto para coadyuvar a la generación de conocimiento que resulte útil para el diagnóstico, seguimiento epidemiológico, y tratamiento del paciente.

Metodología

La metodología consistió en la extracción de ARN a partir de muestras nasofaríngeas de pacientes COVID-19 positivos corroborados mediante PCR en tiempo real, hasta llegar a la secuenciación Sanger de fragmentos del gen *S*. A continuación, se obtuvo secuencias bolivianas de la base de datos GISAID, se analizó y comparó las secuencias para luego realizar un análisis estadístico descriptivo e inferencial.

Resultados y discusión

Se analizaron 3 muestras por secuenciación Sanger, amplificándose una secuencia con más del 80% (3060pb) del tamaño total del gen *S*, siendo denominada CINGEN-IITCUP-LP2/2021, la misma fue anexada a la base de datos GISAID bajo el ID de accesión EPI_ISL_18918411. Las otras dos muestras CINGEN-IITCUP-LP1/2021 y CINGEN-IITCUP-

LP3/2024 se anexaron a GISAID bajo los IDs de accesión EPI_ISL_18981787, EPI_ISL_18981788, cuyas longitudes informativas fueron 1557pb y 623pb, respectivamente.

De 488 secuencias descargadas de GISAID, únicamente se obtuvo 348 secuencias completas según el fragmento amplificado de la muestra IITCUP-LP2/2021 (3060pb), de esa forma se obtuvo un total de 150 haplotipos bolivianos.

Según la secuencia patrón de Wuhan (EPI_ISL_402124), la secuencia CINGEN-IITCUP-LP2/2021 presentó 27 mutaciones aminoacídicas: T19I, L24del, P25del, P26del, A27S, H69del, V70del, V213G, R408S, W436R, N440K, L452R, S477N, T478K, E484A, F486V, Q498R, N501Y, Y505H, Y508S, D614G, H655Y, N679K, P681H, N764K, D796Y y Q954H (Fig. 1). La secuencia CINGEN-IITCUP-LP1/2021 presentó 7 mutaciones: T19R, G142D, E156G, F157del, R158del, L452R y T478K. La secuencia CINGEN-IITCUP-LP3/2024 presentó 10 mutaciones: T19I, L24del, P25del, P26del, A27S, V83A, G142D, H146Q, Y144del y Q183E. De las mutaciones identificadas en CINGEN-IITCUP-LP2/2021, el 73,53% corresponden a mutaciones presentes en la variante Omicrón, subvariante BA.4 y 5 según la base CoVariants®. De éstas, 25 mutaciones aminoacídicas se identificaron en la secuencia obtenida, 5 no fueron identificadas debido a la no amplificación de sus segmentos, y 4 no mutaron. Se identificó las mutaciones W436R y Y508S como mutaciones nuevas para estas variantes. Se evidenció que la mutación W436R fue estudiada para la elaboración de vacunas[10]; mientras que la Y508S representó un hallazgo significativo en el contexto de la evolución del virus SARS CoV-2, particularmente en el panorama genético de las variantes circulantes en Bolivia, puesto que no se encuentra registrada en bases de datos ampliamente utilizadas como CoVariants® y CoV-Glue®.

En CINGEN-IITCUP-LP3/2024 se identificaron 10 mutaciones, entre las cuales H146D, no fue encontrada en la base de datos CoVariants ®, pero sí en la base de datos CoV-Glue®. Las otras nueve mutaciones corresponden a la variante omicron XBB.

En CINGEN-IITCUP-LP1/2021 se identificaron 7 mutaciones, de las cuales E156G y R158del no se hallaron en la base de datos CoVariants ®, pero sí en la publicación de Tarun, et al. (2022)[11]. Las otras 5 mutaciones corresponden a una variante Delta.

Si bien, se logró identificar el tipo de variante de las muestras secuenciadas por Sanger, para una clasificación definitiva es necesario contar con la secuencia completa del gen S[12].

La diversidad haplotípica de las secuencias analizadas con una longitud de 3060pb fue igual a 0,9615, lo que representa al 96,15%, indicando que de 100 virus SARS CoV-2 de Bolivia analizados, 96 son diferentes entre sí para el fragmento S analizado. La diversidad nucleotídica obtenida fue 0,00486 con una desviación estándar igual a 0,00019. Se encontraron 170 sitios polimórficos y 2812 sitios monomórficos, siendo un total de 78 sitios que contenían gaps y/o deleciones. La distancia genética promedio fue igual a 0, 0057. Los valores obtenidos dan a conocer que el fragmento analizado (3060pb) es hipervariable, pues mientras más secuencias son analizadas, más haplotipos son identificados. Esto puede deberse a la presencia de las subunidades NTD y RBD que son las regiones encargadas del reconocimiento y unión del virus a la ACE2[13].

Como mencionan Singh & Yi, (2021)[14], se sabe que las proteínas S de los coronavirus experimentan frecuentes cambios de secuencia en la naturaleza, incluidas deleciones, mutaciones y recombinaciones, en particular el RBD muestra más divergencia que otras regiones, lo que sugiere alguna alteración en la afinidad de unión a la ACE2 humana.

El árbol filogenético (Fig. 2) obtenido para las secuencias bolivianas y CINGEN-IITCUP-LP2/2021 revela la presencia de 6 clados diferenciados cada uno asociado con un año de aparición y una variante específica, lo que sugiere una posible relación con la presencia de las 6 olas (Fig. 3) que atravesó la población boliviana durante las gestiones 2020 al 25 de septiembre de 2023. Esto también se observa en la red de haplogrupos de la Fig. 4, donde la secuencia obtenida (3060pb) se encuentra en el haplogrupo identificado como de la 5ta ola, época donde las variantes predominantes fueron la Omicrón BA.4 y 5.

En la red de haplogrupos se encontraron nodos clave que reflejan la diversidad genética entre diferentes olas epidémicas.

Finalmente, el coeficiente de correlación de Pearson con un valor igual a 0,9359 (Fig. 5) evidencia una correlación positiva significativa (p>0,9) entre la evolución del gen *S* de las variantes de SARS CoV-2 que se presentaron en la población boliviana conforme el tiempo.

Los resultados resaltan la importancia de la vigilancia genómica continua en Bolivia para rastrear la evolución del virus y detectar la aparición de variantes que puedan tener implicaciones en términos de transmisibilidad, gravedad y eficacia de las vacunas.

Así también, es crucial destacar el papel de la secuenciación Sanger para completar aquellas regiones no amplificadas por NGS, además de poder corroborar la presencia de mutaciones puntuales[15], además se debe considerar su uso para aumentar la precisión de la predicción del umbral de confiabilidad de las variantes detectadas.[16]

Conclusión

Con una correlación positiva significativa (p>0,9), la estructura genética poblacional y la filogenia de los genomas virales del gen *S* del SARS CoV-2 provenientes de secuencias bolivianas disponibles en la base de datos GISAID desde el 2020 al 25 de septiembre de 2023 mostraron una correlación directa con las olas de contagio que atravesó el Estado Plurinacional de Bolivia, así como con el surgimiento cronológico de variantes (microevolución) en cada ola.

Se identificó la mutación Y508S como única en la población boliviana, ya que no se encontró en ninguna otra secuencia descargada de GISAID.

Agradecimientos

Agradecemos a Laboratorios IFA S.A. por su contribución a la adquisición de consumibles y reactivos para el desarrollo del estudio. A la Universidad Politécnica de Bolivia por autorizar la realización del trabajo en sus instalaciones.

Agradecemos a todos los autores que subieron las secuencias obtenidas del SARS CoV-2 de Bolivia a la plataforma GISAID.

Referencias bibliográficas

- Alisoltani, A., Jaroszewski, L., Iyer, M., Iranzadeh, A., & Godzik, A. (2022). Increased Frequency of Indels in Hypervariable Regions of SARS-CoV-2 Proteins-A Possible Signature of Adaptive Selection. *Front Genet, 13*. Doi:10.3389/fgene.2022.875406
- Salud, O. M. (16 de 09 de 2023). *COVID-19 Americas' Regional Dashboard*. Obtenido de https://who.maps.arcgis.com/apps/dashboards/c147788564c148b6950ac7ecf54689a0
- INLASA. (2023). Dashboard de Vigilancia Genómica. Obtenido de https://vigilancia.inlasa.gob.bo/dashboard-vigilancia/
- Tang, X., Wu, C., Li, X., Song, Y., Yao, X., Wu, X., . . . Lu, J. (2020). On the origin and continuing evolution of SARS-CoV-2 . *National Science Review*, 1012-1023.
- Wrapp, D., Nianshuang Wang, N., Corbett, K., Goldsmith, J., Hsieh, C., Abiona, O., . . . McLellan, J. (2020). Cryo-EM structure of the 2019-nCoV spike in the prefusion conformation. *Science, 367*, 1260 – 1263. doi:10.1126/science.abb2507
- Zhou, P., Yang, X.-L., Wang, X.-G., Hu, B., Zhang, L., Zhang, W., . . . Shi, Z.-L. (2020). A pneumonia outbreak associated with a new coronavirus of probable bat origin. *Nature, 579*(270-288). doi:10.1038/s41586-020-2012-7
- Salles, T., Cavalcanti, A., daCosta, F., Dias, V. L., daSilva, J., Amaral, C., . . . Azevedo, R. (2022). Genomic surveillance of SARS-CoV-2 Spike gene by sanger sequencing. *pLOS oNE, 17*(1), e0262170. doi:10.1371/journal.pone.0262170
- Resende, P., Delatorre, E., Gräf, T., Mir, D., Motta, F., Appolinario, L., . . . Nard. (2021). Evolutionary Dynamics and Dissemination Pattern of the SARS-CoV-2

Lineage B.1.1.33 During the Early Pandemic Phase in Brazil. *Front. Microbiol., 11*(615280), 1-14. doi:10.3389/fmicb.2020.615280

- Amicone, M., Borges, V., Alves, M., Isidro, J., Zé-Zé, L., Duarte, S., Vieira, L., Guiomar, R., Gomes, J., Gordo, I. (2021). Mutation rate of SARS-CoV-2 and emergence of mutators during experimental evolution. *BioRxiv*: 1-26. Doi: 10.1101/2021.05.19.444774
- Bergasa-Cáceres, F., & Rabitz, H. A. (2021). The Promise of Mutation Resistant Drugs for SARS-CoV-2 That Interdict in the Folding of the Spike Protein Receptor Binding Domain. *COVID, 1*(1), 288-302. doi:10.3390/covid1010023
- Tarun, M., Rishikesh, D., Garima, J., Atul, K., Pankaj, P., Sanjeev, S., Ram, K M., Ajit, Ch. (2022). SARS-CoV-2 spike E156G/Δ157-158 mutations contribute to increased infectivity and immune escape. *Life Science Alliance 5(7),* 1-14. doi: 10.26508/lsa.202201415
- Murillo, E., Palacio-Rua, K., Afanador-Ayala, C., García-Correa, J., & Zuluaga, A. F. (2023). Validación de una nueva estrategia para la identificación de variantes de SARS-CoV-2 mediante secuenciación del gen espiga por Sanger. *Enferm Infecc Microbiol Clin., 41(5)*, 284–289. doi:10.1016/j.eimc.2022.04.014
- Magazine, N., Zhang, T., Wu, Y., McGee, M. C., Veggiani, G., & Huang, W. (2022). Mutations and Evolution of the SARS-CoV-2 Spike Protein. *Viruses, 14*(3). doi:10.3390/v14030640
- Singh, D., & Yi, S. V. (2021). On the origin and evolution of SARS-CoV-2. *Experimental & Molecular Medicine volume, 53*, 537–547.
- Daniels , R. S., Harvey , R., Ermetal , B., Xiang, Z., Galiano , M., Adams , L., & McCauley, J. (2021). A Sanger sequencing protocol for SARS-CoV-2 S-gene. *Influenza Other Respi Viruses, 15*, 707-710. doi:10.1111/irv.12892
- Mu, W., Lu, H.-M., Chen, J., Li, S., & Elliot, A. M. (2016). Sanger Confirmation Is Required to Achieve Optimal Sensitivity and Specificity inNext-Generation Sequencing Panel Testing. *The Journal of Molecular Diagnostics, 18*(6), 923-932.

ANEXOS

Fig. 1. Ubicación de las mutaciones identificadas en el gen *S* de la muestra CINGEN-IITCUP-LP2/2021

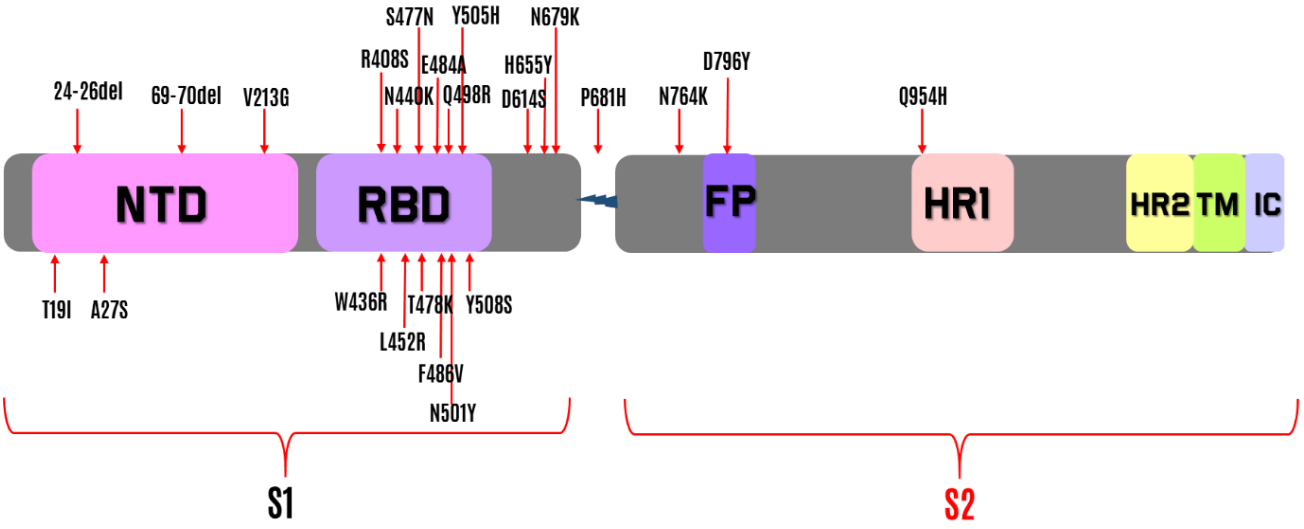
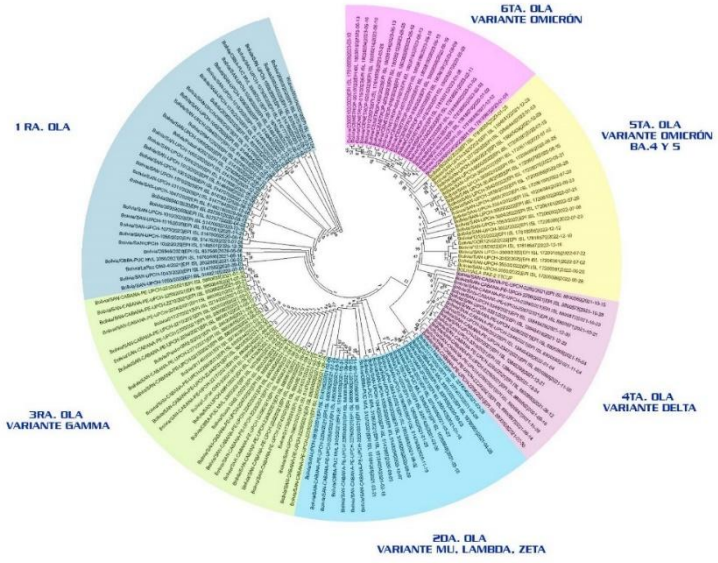


Fig. 2. Árbol filogenético del fragmento del gen *S* analizado en secuencias bolivianas (3060pb), identificando clados vinculados a olas y variantes: A. Configuración circular filogenética y B. Configuración de la correlación de las olas y el filograma.

A.



B.

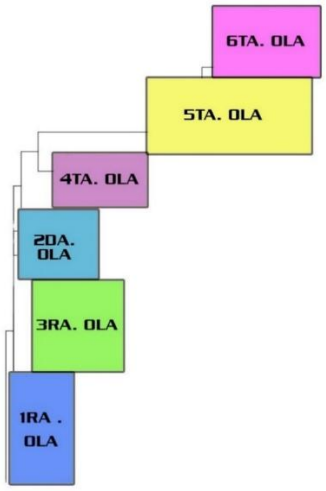


Fig. 3. Picos de las seis olas que atravesó la población boliviana (Modificado de Our World in Data).

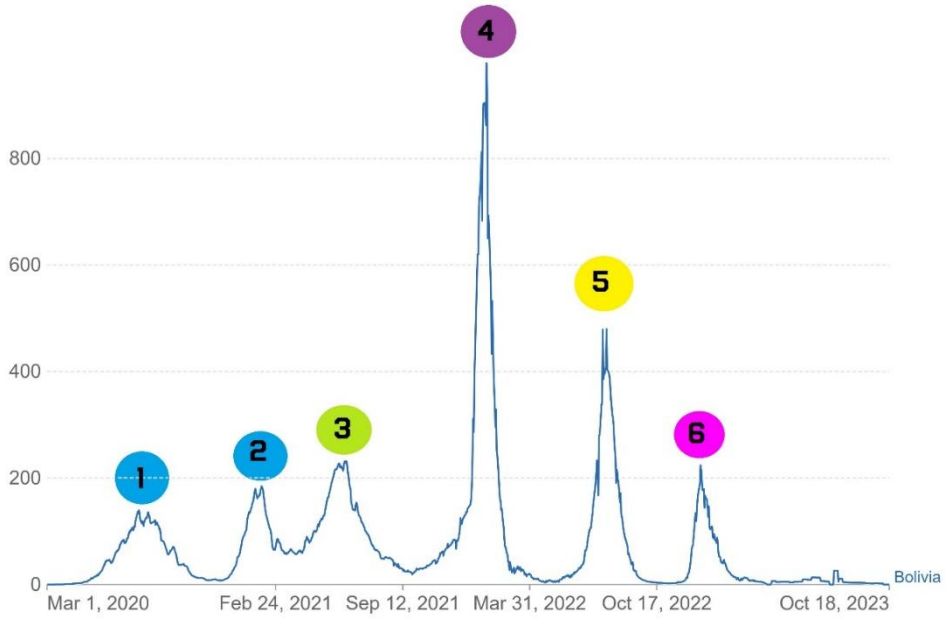


Fig. 4. Red de haplogrupos del gen S (3060pb) del SARS COV-2 de Bolivia que corresponden a cinco filogrupos identificados.

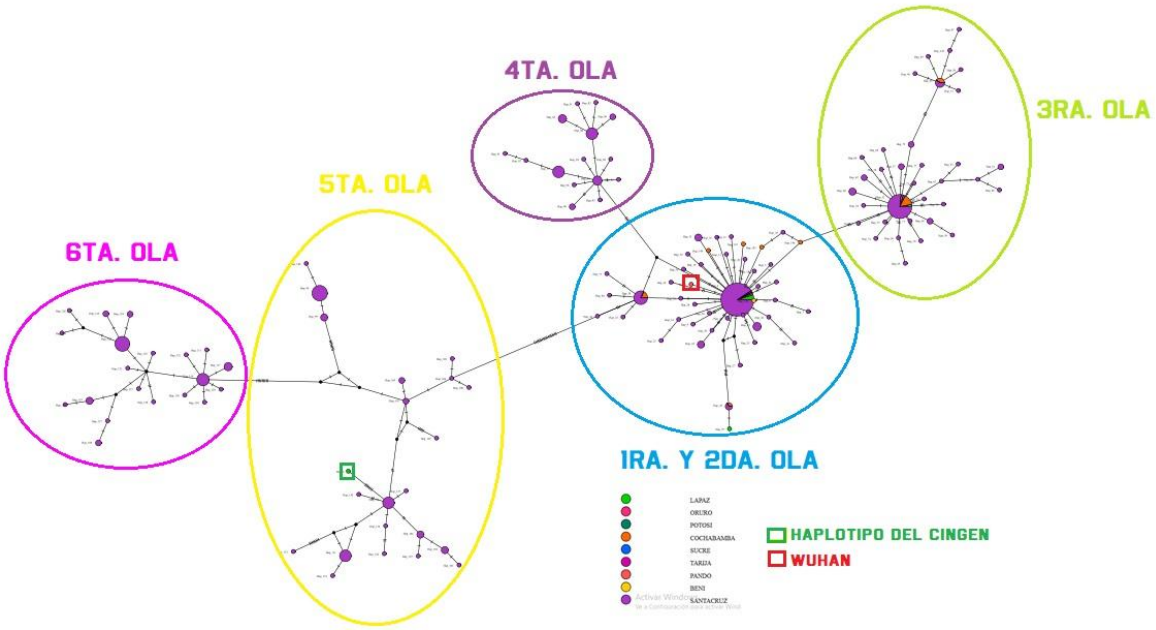
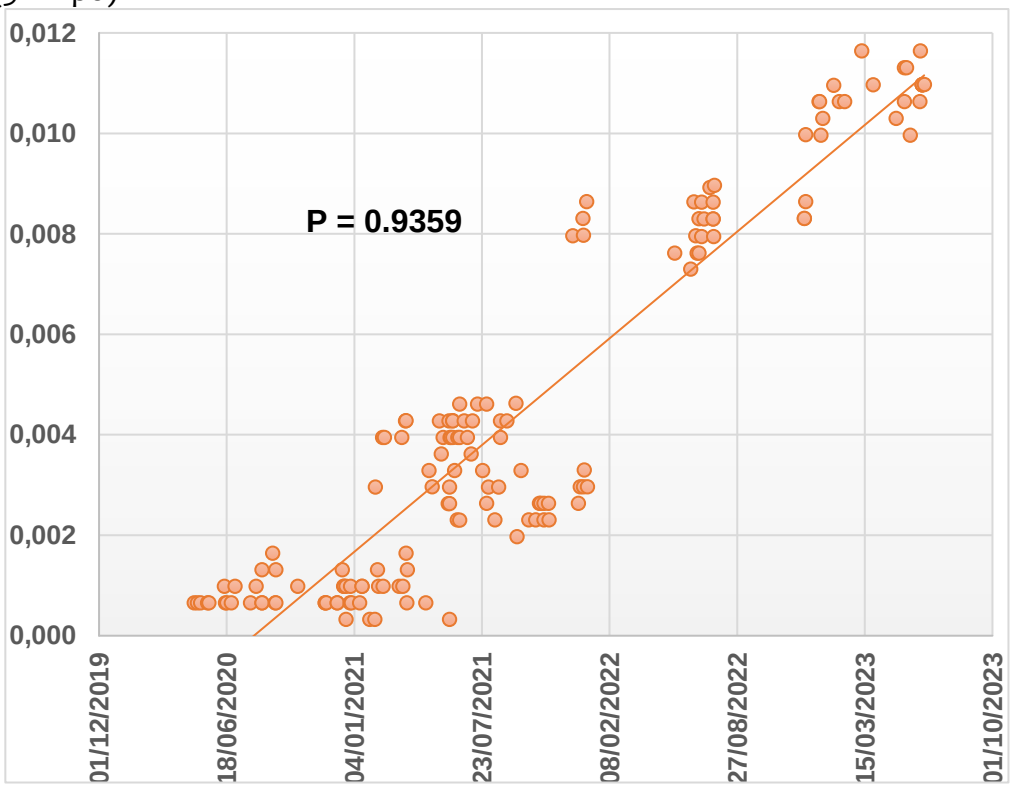


Fig. 5. Coeficiente de correlación lineal de Pearson de la secuencia entera analizada del gen S (3060pb).



INTEGRANDO LA BIODIVERSIDAD EN LA PLANIFICACIÓN TERRITORIAL PARA EL DESARROLLO SOSTENIBLE DEL CORREDOR MADIDI-PILÓN LAJAS-COTAPATA, BOLIVIA

(Comunicación)

Moya M.I., Meneses R.I., Cuba E., Rico A.*, Palabral A., Thompson N., Gómez M. I., Palabral O., Loayza E., Ocampo M.
Instituto de Ecología
Programa para la Conservación de los Murciélagos de Bolivia
Colección Boliviana de Fauna
arico@fcpn.edu.bo

Semblanza:

Adriana Rico Cernohorska es bióloga boliviana, docente universitaria e investigadora de la Universidad Mayor de San Andrés, con una trayectoria dedicada al estudio de la biodiversidad, la ecología y la conservación de mamíferos en Bolivia. Es Licenciada en Biología por la Universidad Mayor de San Andrés y Doctora en Ecología por la University of South Bohemia in České Budějovice, República Checa. Su labor académica articula investigación científica, docencia universitaria, formación de nuevos profesionales y gestión institucional en áreas estratégicas para la biología y la conservación del país.

Desde el Instituto de Ecología, la Carrera de Biología y la Colección Boliviana de Fauna, ha desarrollado investigaciones centradas en la ecología, taxonomía y distribución de roedores en Bolivia, así como en fragmentación de bosques, ecología de caminos, especies exóticas invasoras, conflictos entre fauna silvestre y poblaciones humanas, y zoonosis asociadas a pequeños mamíferos. Estas líneas reflejan una mirada integradora de la biodiversidad, en la que los ecosistemas, la salud pública, el territorio y las sociedades humanas se comprenden como dimensiones estrechamente relacionadas.

A lo largo de su carrera ha ocupado cargos de dirección académica y científica, incluyendo la Dirección del Instituto de Ecología, la Dirección de la Colección Boliviana de Fauna y la Dirección de la Carrera de Biología de la UMSA. También ha coordinado el Centro de Postgrado en Ecología y Conservación, fortaleciendo procesos de formación, investigación y articulación institucional.

Su producción científica incluye artículos, capítulos de libro y proyectos vinculados con mamíferos altoandinos, roedores sigmodontinos, enfermedades zoonóticas, biodiversidad en paisajes transformados, áreas clave para la biodiversidad y el enfoque de Una Salud. Como docente de grado y posgrado, imparte asignaturas relacionadas con evolución, bioestadística, ecología animal, comportamiento animal, métodos de estudio de fauna, manejo de colecciones zoológicas, estadística y conservación. Su trayectoria expresa un compromiso sostenido con la investigación, la docencia y la conservación de la biodiversidad boliviana.

Marcia Isabel Moya Díaz es bióloga titulada por la Universidad Mayor de San Andrés, con Maestría en Ecología y Conservación, especialidad en Manejo de Vida Silvestre, y Diplomado en Educación Superior. Cuenta con más de veinte años de experiencia profesional en investigación, conservación de la biodiversidad, gestión ambiental, planificación estratégica y monitoreo de la biodiversidad. Su trayectoria se ha desarrollado en instituciones académicas, entidades gubernamentales y organizaciones de la sociedad civil, consolidando un perfil técnico y científico orientado a la conservación de la biodiversidad en Bolivia.

Su experiencia se ha centrado en la conservación de ecosistemas, el manejo y monitoreo de fauna silvestre, la mastozoología, la gestión de áreas protegidas y el fortalecimiento de políticas públicas relacionadas con biodiversidad. Ha participado en procesos vinculados a la implementación del Convenio sobre la Diversidad Biológica, particularmente en la actualización y consolidación de la Estrategia Nacional de Biodiversidad y Plan de Acción, alineada al Marco Mundial de Biodiversidad Kunming–Montreal, en coordinación con el Programa de las Naciones Unidas para el Desarrollo y

la Dirección General de Biodiversidad y Áreas Protegidas. A lo largo de su trayectoria ha coordinado y ejecutado proyectos de investigación, conservación, monitoreo de biodiversidad, adaptación al cambio climático y fortalecimiento de capacidades institucionales y comunitarias. Ha trabajado con entidades como el Museo Nacional de Historia Natural, SERNAP, FUNDECO, BIOTA, Fundación Teko Kavi y otras instituciones nacionales.

Entre sus principales áreas de especialización se encuentran el monitoreo de áreas protegidas, el fortalecimiento de sistemas de información para la gestión territorial y ambiental, y el manejo de conflictos entre fauna silvestre y actividades humanas. Ha liderado procesos de capacitación técnica dirigidos a guardaparques, gobiernos subnacionales, comunidades indígenas y actores de la sociedad civil. Además, cuenta con producción científica y técnica en biodiversidad, ecología, mastozoología y conservación, contribuyendo al fortalecimiento de capacidades para la gestión de la biodiversidad en Bolivia.

Resumen

La integración de la biodiversidad en la planificación territorial es un desafío para Bolivia. Actualmente, esta información se encuentra dispersa en múltiples repositorios, es altamente especializada y no está desagregada a nivel de unidades territoriales, como municipios, que es desde donde se planifica el desarrollo en el país. En este contexto, el objetivo del proyecto fue poner a disposición de los tomadores de decisiones y actores clave en la gestión y planificación territorial del desarrollo, información sobre biodiversidad para ser incorporada en sus instrumentos de planificación, para el corredor Madidi–Pilón Lajas–Cotapata, siendo esta una región de alta diversidad biológica y prioritaria para su conservación. El proyecto sistematizó más de 146.000 registros georreferenciados de flora y fauna, incluyendo 69.281 datos de vertebrados, demostrando que el corredor alberga el 58% de las especies conocidas del país, incluyendo especies endémicas y amenazadas. A partir de esta base, se generaron

análisis espaciales para 23 unidades territoriales priorizadas (municipios, áreas protegidas, TCOs y cuencas), incluyendo mapas de vegetación, amenazas, estado de conservación y vacíos de información. Productos de este proyecto fueron una aplicación digital (BioApp) y un atlas digital que permiten el acceso público a la información procesada. El proyecto constituye un modelo replicable y sienta una base sólida para generar los lineamientos que orienten la incorporación de esta información en los instrumentos de planificación establecidos por el Sistema de Planificación Integral del Estado (Ley 777), promoviendo la toma de decisiones basada en evidencia para un desarrollo sostenible

Palabras claves: Biodiversidad, desarrollo planificado, fauna, flora, planificación territorial

Introducción

La integración de los valores de la biodiversidad en los procesos de planificación territorial es una prioridad global. En el ámbito nacional, la Política y Estrategia Plurinacional para la Gestión Integral y Sustentable de la Biodiversidad (Plan de Acción 2019-2030) establece, en su objetivo estratégico 2.2, la necesidad de articular la gestión de la biodiversidad con los instrumentos de planificación del Sistema de Planificación Integral del Estado (SPIE - Ley 777).

El SPIE define los principales instrumentos de planificación para los distintos niveles territoriales, estableciendo que el conocimiento detallado del entorno natural es parte fundamental del diagnóstico. Por ejemplo, los Planes Territoriales de Desarrollo Integral (PTDI) deben incluir el registro de los "componentes estratégicos de la Madre Tierra" mediante inventarios de la naturaleza y evaluaciones de la disponibilidad de biodiversidad y recursos genéticos. Asimismo, requieren el análisis del equilibrio de los sistemas de vida, donde las funciones ambientales —que integran la biodiversidad presente— constituyen uno de los tres pilares clave. Esta lógica se aplica a otros instrumentos, como los planes directores de cuencas, los planes de manejo de áreas

protegidas y los planes de vida de territorios indígenas, cuya estructura exige un conocimiento exhaustivo del entorno. En consecuencia, es imposible incorporar los valores de la biodiversidad sin información de base; de lo contrario, se incumplirían los requisitos técnicos ya establecidos para la elaboración de estos documentos de gestión territorial.

Esta realidad se replica en las unidades territoriales del corredor Madidi-Pilón LajasCotapata. Si bien existe información sobre biodiversidad, esta no se encuentra desagregada por unidad territorial, lo que limita su disponibilidad para planificadores, gestores públicos y tomadores de decisiones que requieren datos específicos a escala local (como municipios, departamentos o Tierras Comunitarias de Origen). Esta carencia constituye una barrera para integrar el componente biológico en los instrumentos de planificación, lo que provoca que la conservación de ecosistemas y especies sea frecuentemente relegada.

Ante este escenario, el proyecto se propuso recopilar, sistematizar y analizar la información existente para ponerla a disposición de los actores clave de manera sencilla y accesible. El objetivo es facilitar su uso en la planificación de municipios, áreas protegidas, territorios indígenas y cuencas dentro del corredor de los Andes Tropicales (identificado por el CEPF para Bolivia). Así, el objetivo del proyecto fue poner a disposición de los tomadores de decisiones y actores clave en la gestión territorial, de información sobre biodiversidad procesada y priorizada, para su incorporación en la gestión y planificación de las diferentes unidades territoriales. Para ello, el proyecto desarrolló instrumentos innovadores de difusión, como aplicaciones digitales, que permiten tanto a la sociedad civil como a los tomadores de decisiones acceder a datos de biodiversidad actualizados y procesados mediante el uso de recursos tecnológicos.

Métodos

COMPONENTE 1 “Sistematización, análisis y se interpretación de la información sobre biodiversidad prioritaria para la planificación en cada unidad territorial identificada”

- Dos bases de datos georeferenciadas, una de la fauna y otra de la flora dentro del corredor Madidi-Pilón-Lajas-Cotapata elaboradas hasta marzo de 2023
  - Se recopiló y sistematizó la información secundaria disponible en bases de datos estandarizadas. La información recabada consistió en registros georeferenciados de fauna (mamíferos, aves, reptiles, anfibios y peces) y flora.
  - Se generaron bases de datos estandarizadas que fueron incluidas en geodatabases que se usaron para los análisis territoriales posteriores
- Mapa base de unidades de vegetación identificadas en el corredor Madidi-Pilón Lajas-Cotapata priorizado por CEPF para Bolivia, elaborado hasta mayo de 2023.
  - Este mapa se cruzó con las unidades territoriales priorizadas para contar con información a esa escala.
  - De la base de datos en una geodatabase sistematizada, se generaron índices de vegetación, modelos digitales y de elevación
  - Gracias al análisis espacial se generó de un mapa de vegetación a escala en base a información y juicio de expertos, donde se caracterizó cada unidad de vegetación en cuanto a la flora y fauna presente
- Reporte técnico que presente la información de biodiversidad analizada y disgregada para cada Municipio dentro del corredor Madidi-Pilón Lajas-Cotapata, elaborado hasta mayo de 2023
  - Primero se generaron las listas de todas las especies verificadas y las potencialmente presente en cada uno de los Municipios, las TCOs, las Área protegida dentro del corredor Madidi-Pilón Lajas-Cotapata y las cuencas dentro del corredor. Con esas listas se obtuvo la riqueza de especies por grupo taxonómico dentro de cada unidad territorial.
  - Se identificaron de especies amenazadas y endémicas en cada Municipio a través de herramientas como los Libros Rojos de Especies Amenazadas de Bolivia y las listas rojas de la UICN, por otros indicadores específicos por grupos

COMPONENTE 2. Se generan capacidades para la inclusión de información sobre biodiversidad en Planificación

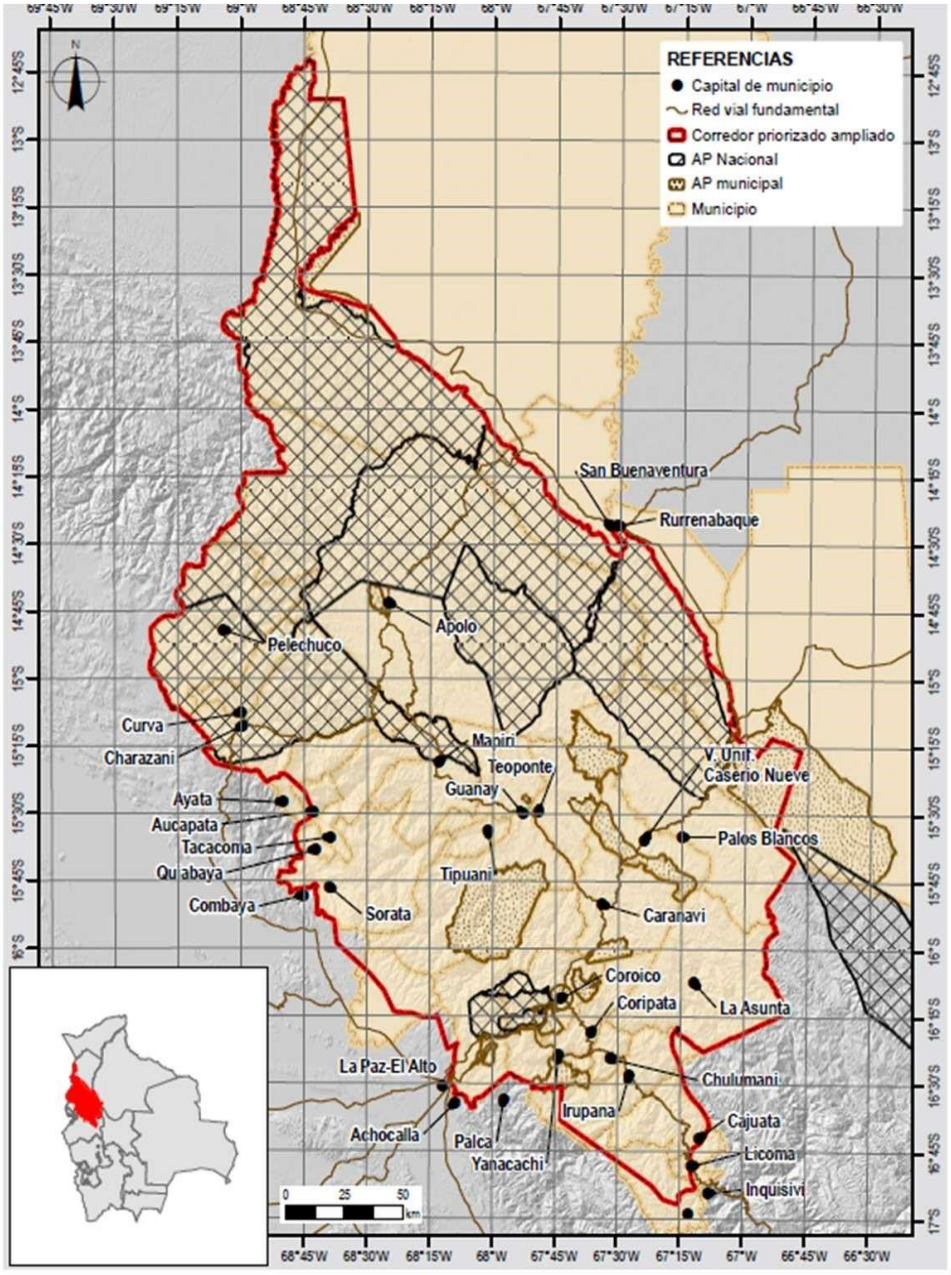
- Aplicación digital donde se incorpore la información de biodiversidad para las diferentes unidades territoriales de forma didáctica y sencilla, publicada hasta septiembre de 2023
  - Se resumieron y prepararon los principales resultados del proyecto para ser incorporados en la aplicación digital.
  - Se diseñó una aplicación digital, en cuanto a su formato, línea gráfica y contenido, de tal forma que sea muy amigable para los usuarios.
  - Se incorporó a la aplicación digital la información sobre biodiversidad de cada unidad territorial.
  - La aplicación fue diseñada para que contenga tablas, mapas y texto de información de biodiversidad detallada para cada unidad territorial.
  - Se probó el funcionamiento de la aplicación y en función de esto realizar las correcciones necesarias.
  - Finalmente se publicó la aplicación para que pueda ser usada por los actores clave en la planificación de las unidades territoriales.
- Atlas digital donde se resuma la información de biodiversidad por cada unidad territorial y se visualice la existencia de esta herramienta tecnológica que alberga información sobre biodiversidad, elaborado hasta septiembre de 2023
  - Se resumieron y prepararon los principales resultados del proyecto para ser incorporados en el Atlas que será impreso.
  - Se diseñó el Atlas, en cuanto a su formato, línea gráfica y contenido. Se incorporó al Atlas la información sobre biodiversidad de cada unidad territorial.

Resultados

El proyecto fue desarrollado en el corredor Madidi-Pilón Lajas-Cotapata, ubicada al norte del departamento de La Paz, área que es considerada de alta diversidad. Este corredor

alberga 12 Áreas Clave de Biodiversidad (KBA, por sus siglas en inglés), cuatro Áreas Protegidas de interés nacional, 14 Áreas Protegidas municipales y 10 Territorios Indígenas (Fig. 1).

Figura 1. Mapa de ubicación geográfica del Corredor Madidi-Pilón Lajas-Cotapata. Se presenta la delimitación de los Municipios, Áreas Protegidas Nacionales y KBAs.



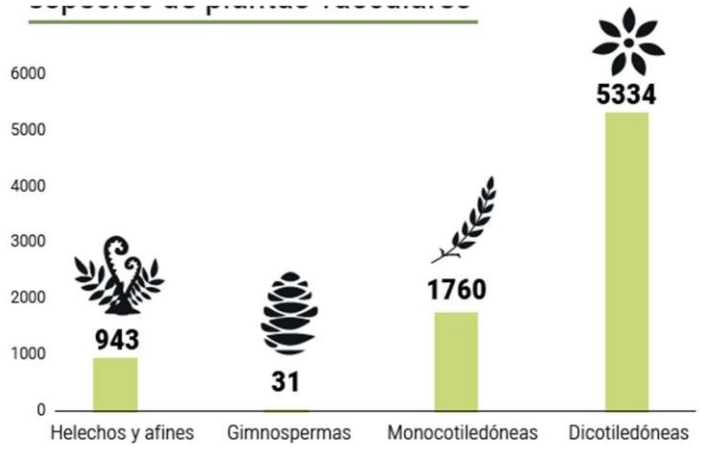
COMPONENTE 1 "Sistematización, análisis y se interpretación de la información sobre biodiversidad prioritaria para la planificación en cada unidad territorial identificada"

Se analizaron, limpiaron y georeferenciaron 146 000 registros para el corredor MadidiPilón-Lajas-Cotapata. Con los mismos se generaron dos bases de datos, una para flora y otra para fauna. de flora y fauna. Una base de datos corresponde a los registros de fauna y otra a los registros de flora dentro del corredor. Ambas bases de datos están en proceso de devolución al Herbario Nacional de Bolivia y la Colección Boliviana de Fauna, instancias que actuarán como repositorios de esta información.

Base de datos de flora

Esta base cuenta con 86.313 registros de especímenes colectados en todo el corredor. Esta información proviene de las colecciones depositadas en el Herbario Nacional de Bolivia y de la base de datos del proyecto Madidi del Missouri Botanical Garden. El corredor presenta 8.068 especies de plantas vasculares, de las cuales 7.555 son especies nativas y 513 son especies introducidas, lo que representa al 53% de todas las especies conocidas para Bolivia. Es importante mencionar que en algunos grupos esta representatividad es realmente relevante. Por ejemplo, de las 1.145 especies de helechos (Pteridófitas) conocidas para Bolivia, el 82% se concentra en este corredor (Fig 2).

Figura 2. Número total de especies de flora presentes en el corredor Madidi-Pilón Lajas-Cotapata



En el corredor se encuentran 1.002 especies endémicas, que corresponde al 43% de endemismos conocidos para Bolivia. La familia de las orquídeas (Orchidaceae) es la que tiene más especies endémicas, con 159. Le sigue la familia de las compuestas (Asteraceae), con 93 especies (Fig. 3). Con relación a las especies en alguna categoría de amenaza, el corredor alberga el 46% de todas las especies de flora identificadas como amenazadas para el país. De estas, 17 se encuentran en Peligro Crítico, 130 En Peligro y 96

especies como Vulnerables. (Fig. 4).

Figura 4. Número de especies de plantas vasculares según categoría

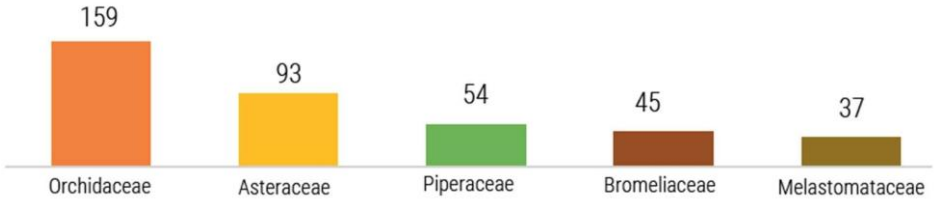
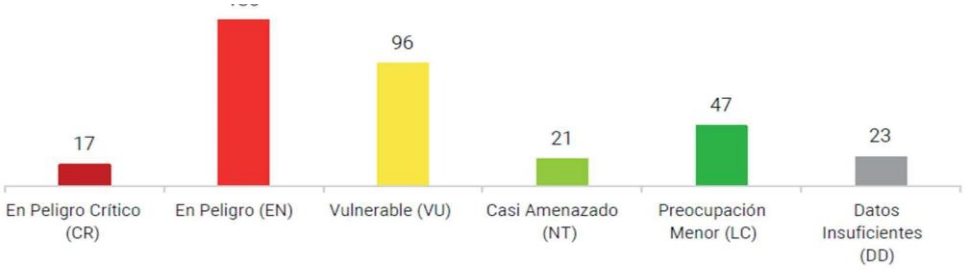
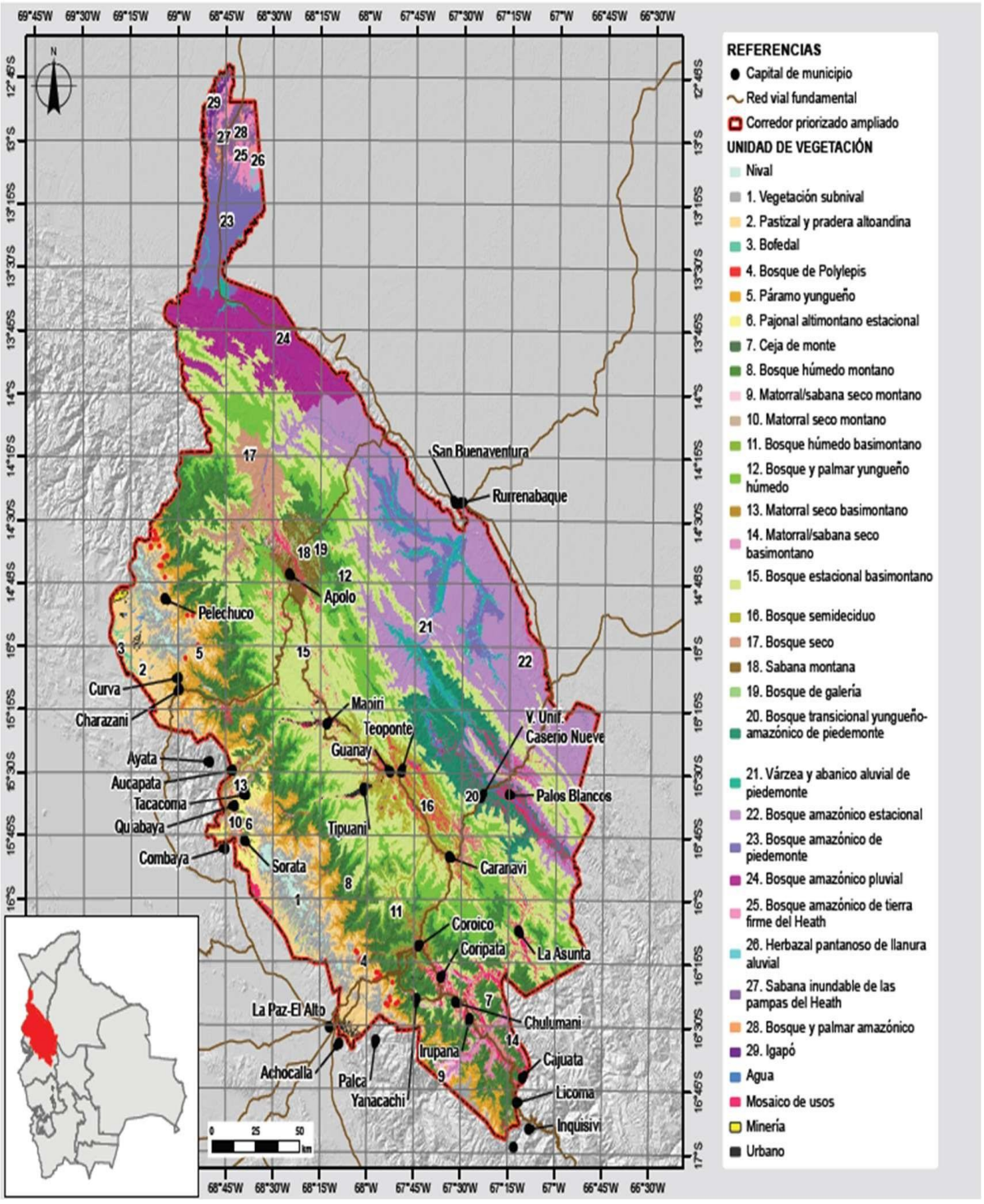


Figura 3. Número de especies de plantas vasculares endémicas por familia



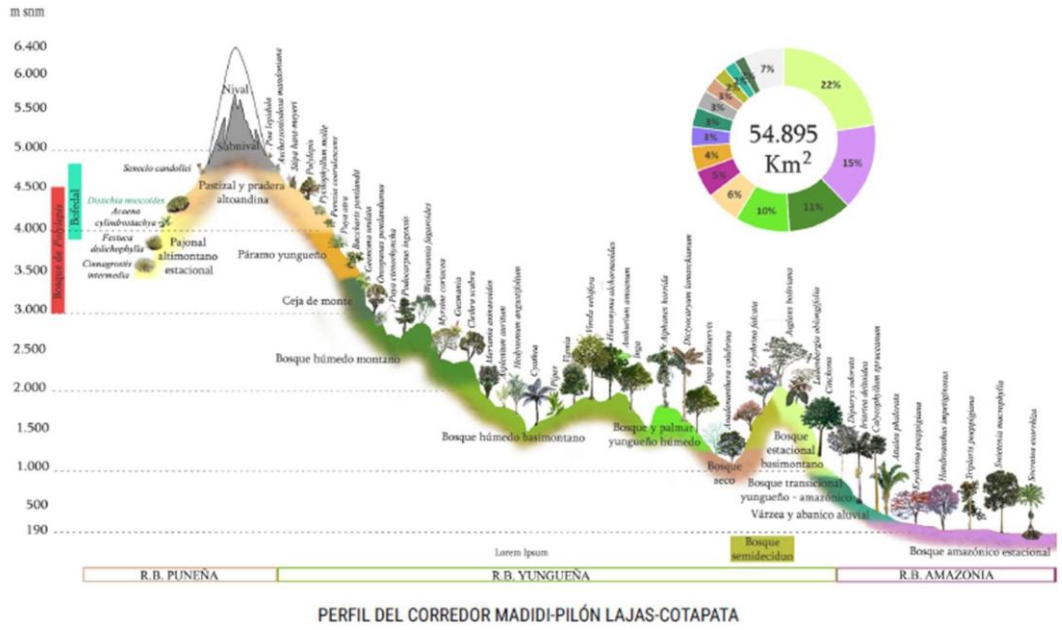
Con toda la información de la flora del corredor, se elaboró un mapa de las unidades de vegetación para el corredor Madidi- Pilón Lajas- Cotapata (Fig 4). El mismo cuenta con 29 unidades de vegetación descritas, que se distribuyen desde los 6404 msnm (con vegetación sub nival), hasta los 178 msnm (con bosques amazónicos estacionales).

Figura 4. Unidades de vegetación del corredor Madidi-Pilón Lajas-Cotapata



Debido a la gran diferencia altitudinal que presenta el corredor, se generó el perfil altitudinal de unidades de vegetación, donde es posible diferenciar de forma gráfica cuál es la distribución altitudinal de la vegetación (Fig 5).

Figura 5. Perfil de las unidades de vegetación del corredor Madidi-Pilón Lajas-Cotapata.

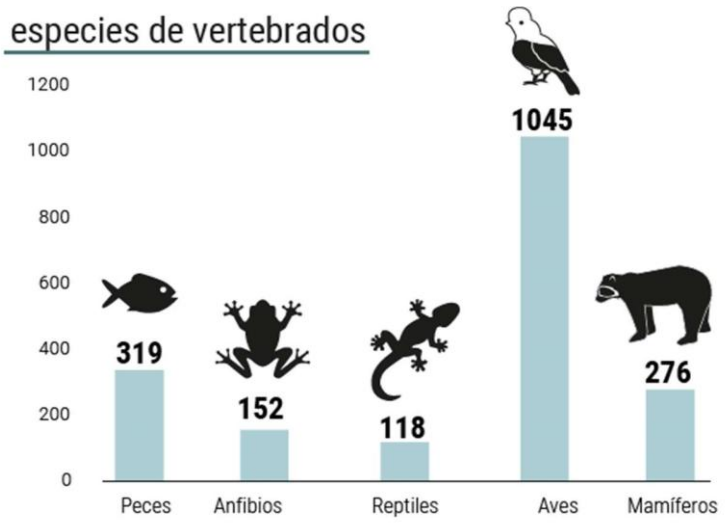


PERFIL DEL CORREDOR MADIDI-PILÓN LAJAS-COTAPATA

Base de datos de fauna

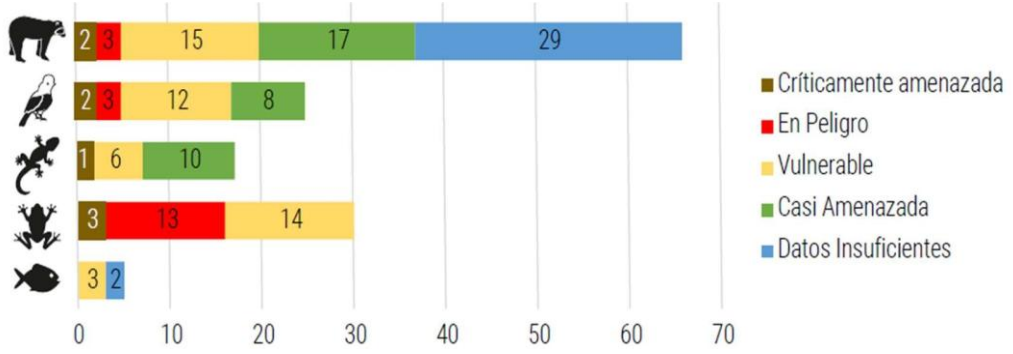
Esta base contiene 69.281 de especímenes. El corredor Madidi-Pilón Lajas-Cotapata representa el 4,6% de la superficie del territorio nacional y alberga al menos 1910 especies de animales vertebrados (entre peces, anfibios, reptiles, aves y mamíferos), representando el 57,7% de las especies de vertebrados conocidas para Bolivia. Los grupos faunísticos más representativos en el corredor son las aves, donde el 72,1% de las especies conocidas para Bolivia se encuentran en el corredor, de la misma formal, el 67,4% de las especies de mamíferos y el 64,5% de anfibios se encuentran en esta región (Fig. 7).

Figura 7. Número total de fauna presentes en el corredor Madidi Pilon Lajas-Cotapata



En el corredor se encuentra el 44% de las especies endémicas de Bolivia y el 26% de todas las especies que se encuentran en alguna categoría de amenaza para el país, incluyendo 8 especies Críticamente Amenazadas, 19 especies consideradas en Peligro de Extinción, 50 especies Vulnerables y al menos 31 especies consideradas Casi Amenazadas (Fig. 8)

Figura 8. Número total de especies de animales vertebrados amenazados en el corredor Madidi-Pilón Lajas-Cotapata.



Información generada

Utilizando toda la información obtenida, se generaron varios análisis espaciales, como se:

- Análisis de estado de conservación para el corredor Madidi- Pilón Lajas-Cotapata, y para cada unidad territorial.
- Análisis de amenazas para el corredor Madidi-Pilón Lajas-Cotapata, y para cada unidad territorial.
- Análisis de Vacíos de Información para el corredor Madidi-Pilón Lajas-Cotapata, lo que permitirá identificar visualmente las regiones que carecen de información y deberían ser priorizadas.

También se generaron mapas de ubicación para cada Unidad Territorial. Estos mapas contienen información relevante, como la presencia de KBAs, Áreas Protegidas Nacionales y Sub Nacionales, y TCOs. Tanto la información a nivel del corredor como de cada una de las unidades territoriales cuenta con mapas de ubicación geográfica. Como producto de todo el trabajo desarrollado, se elaboró un Atlas de Biodiversidad, donde se integra toda la información tanto a nivel del todo el corredor, como de 23 Unidades Territoriales priorizadas, que incluyen a 12 municipios, cuatro áreas protegidas, cuatro TCOs y tres cuencas nivel 5.

Cada unidad territorial cuenta con información de riqueza de especies, especies amenazadas, especies endémicas, especies prioritarias para la conservación, y para el caso de flora se cuenta, además, con especies cultivadas, adventicias y especies potencialmente invasoras. Además, se presenta los resultados del análisis de biodiversidad, además de mapas de vegetación, mapa de amenazas y mapa de estado de conservación. Se elaboró también el mapa del Estado de Conservación mapa de Amenazas del corredor Madidi-Pilón Lajas-Cotapata.

COMPONENTE 2: Generación de capacidades para la inclusión de información sobre biodiversidad en la planificación

Se elaboró y está a disposición una aplicación digital, denomina "BIOAPP" Biodiversidad para la Planificación del Desarrollo de Bolivia, que contiene de manera sistematizada la información de biodiversidad del corredor Madidi - Pilón Lajas - Cotapata y para cada unidad territorial (Fig 9). A través de esta aplicación es posible obtener información

procesada de flora y fauna para cada Unidad Territorial, así como los mapas de ubicación, estado de conservación, y amenazas.

Adicionalmente, se cuenta con un Atlas digital con los principales resultados obtenidos en el proyecto, elaborado hasta septiembre de 2023. Se cuenta con un documento final donde se ha plasmado la información de biodiversidad del Corredor Madidi-Pilón Lajas-Cotapata y ha sido impreso para su publicación. Para el caso de la información para todas las unidades territoriales, se cuenta con un documento digital (Fig 10).

Figura 9. Imágenes de la BIOAPP del corredor Madidi-Pilón Lajas-Cotapata

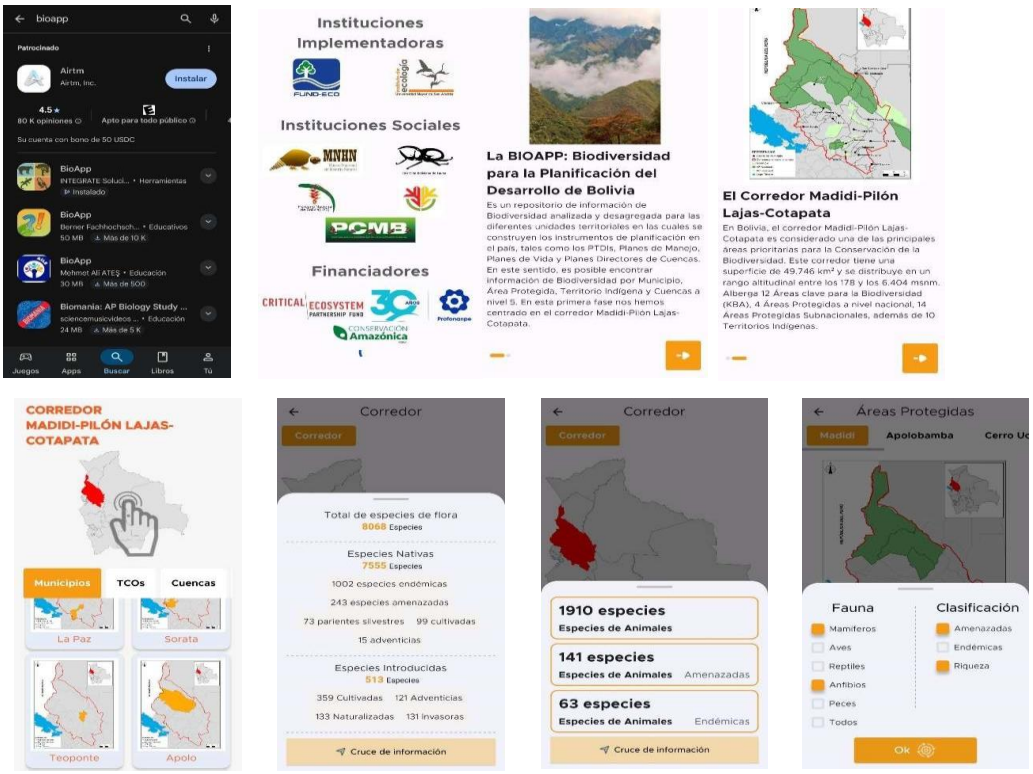
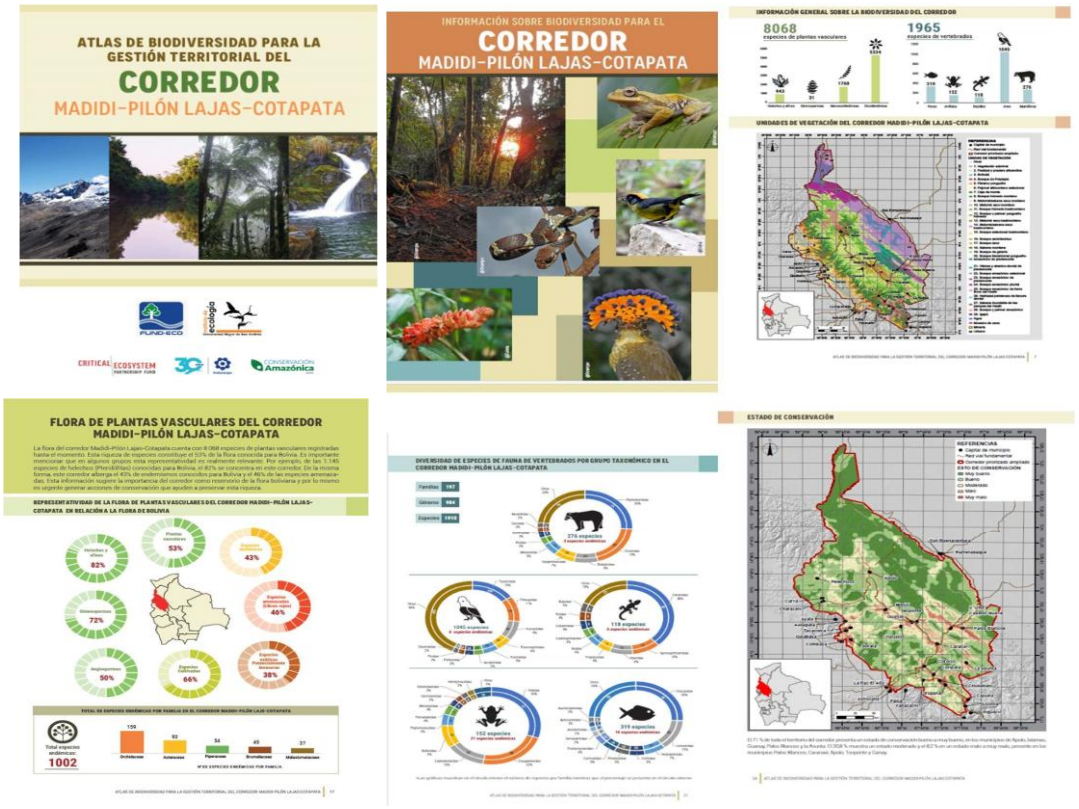


Figura 10. Imágenes del Atlas de Biodiversidad del corredor Madidi-Pilón Lajas-Cotapata



Conclusiones

La implementación del proyecto permitió identificar varias lecciones importantes que deberán ser consideradas en futuras intervenciones.

En primer lugar, se evidenció que el volumen de información a sistematizar puede superar ampliamente las previsiones iniciales. Esta situación fue particularmente notoria en el caso de la información de flora. Si bien el equipo contaba con experiencia previa en proyectos similares, no se tenía una estimación precisa de la cantidad de registros disponibles para el área de intervención. Los principales repositorios consultados fueron el Herbario Nacional de Bolivia y el proyecto Madidi del Missouri Botanical Garden.

Entre ambas instituciones se recopilaron más de 300.000 registros de colectas de flora, una cantidad considerablemente mayor a la esperada.

Posteriormente, fue necesario revisar, depurar y estandarizar esta información. Este proceso incluyó la identificación de colectas duplicadas, la actualización taxonómica, la

verificación de la distribución de las especies y la georreferenciación de registros que no contaban con datos espaciales. Debido a la magnitud y complejidad de estas tareas, el proceso demandó más tiempo del inicialmente planificado, lo que implicó ajustes en el cronograma del proyecto. En futuras intervenciones, será fundamental realizar una estimación previa del volumen de información disponible, con el fin de construir calendarios de trabajo más realistas y prever adecuadamente los tiempos necesarios para la depuración, validación y análisis de los datos.

En segundo lugar, la participación de especialistas resultó determinante para la implementación de un proyecto orientado a la sistematización de información de biodiversidad. La intervención de expertos en cada grupo taxonómico permitió contar con información más confiable, actualizada y revisada, apta para ser utilizada en los análisis propuestos. Esta experiencia evidencia la importancia de fortalecer y ampliar este tipo de iniciativas, no solo para profundizar el trabajo ya realizado en el corredor Madidi–Pilón Lajas–Cotapata, sino también para replicar el proceso en otras regiones del país.

Finalmente, el proyecto ha sentado bases sólidas para la construcción de una línea base de información sobre biodiversidad en el corredor Madidi–Pilón Lajas–Cotapata, así como en cada una de las Unidades Territoriales priorizadas. Sin embargo, también se identificó la necesidad de continuar fortaleciendo este proceso, tanto mediante la complementación de la información disponible como a través de una mayor articulación entre los datos de biodiversidad y los instrumentos de planificación territorial. Esta articulación es clave para contribuir al desarrollo de las poblaciones locales desde una perspectiva que integre conservación, gestión territorial y toma de decisiones informada. Para ello, será necesario trabajar de manera estrecha con planificadores, entidades gubernamentales, instituciones académicas y profesionales vinculados a la gestión de la biodiversidad y del territorio. En este sentido, el proyecto puede considerarse una iniciativa semilla, con alto potencial para consolidarse, crecer y escalar hacia nuevas regiones del país.

Referencias bibliográficas

- Araujo-Murakami, A., Jørgensen, P. M., Maldonado, C., & Paniagua-Zambrana, N. (2005). Composición florística y estructura del bosque de ceja de monte en Yungas, sector de Tambo Quemado-Pelechuco, Bolivia. Ecología en Bolivia, 40(3), 325– 338.
- Calzadilla-Tomianovich, M. H., & Cayola, L. (2006). Estructura y composición florística de un bosque amazónico de pie de monte, Área Natural de Manejo Integrado Madidi, La Paz-Bolivia. Ecología en Bolivia, 41(2), 117–129.
- Domic, A. I., Gómez, M. I., Hurtado, R., Palabral-Aguilera, A., Rico, A., & Liberman,
- M. (2015). Los bosques de queñua (Polylepis pacensis) del Valle de La Paz. En M. I. Moya, R. I. Meneses, & J. Sarmiento (Eds.), Historia natural de un valle en los Andes: La Paz (2.ª ed.). Museo Nacional de Historia Natural.
- Fernandez Choque, A. T. (2008). Estructura de composición florística del bosque seco deciduo subandino en el Parque Nacional y Área Natural de Manejo Integrado Madidi, La Paz, Bolivia [Tesis doctoral].
- Fuentes, A. (2005). Una introducción a la vegetación de la región de Madidi. Ecología en Bolivia, 40(3), 1–31.
- Haase, R., & Beck, S. G. (1989). Structure and composition of savanna vegetation in Northern Bolivia: A preliminary report. Brittonia, 41(1), 80–100.
- Identidad Madidi, & Servicio Nacional de Áreas Protegidas. (2016). Informe científico 2015: Relevamientos de biodiversidad en el Parque Nacional y Área Natural de Manejo Integrado Madidi. Identidad Madidi; Servicio Nacional de Áreas Protegidas.
- Identidad Madidi, & Servicio Nacional de Áreas Protegidas. (2020). Informe de la expedición científica Identidad Madidi 2017: Relevamientos de biodiversidad en el Parque Nacional y Área Natural de Manejo Integrado Madidi. Identidad Madidi; Servicio Nacional de Áreas Protegidas.

- Ministerio de Medio Ambiente y Agua. (2012). Libro rojo de la flora amenazada de Bolivia: Vol. I. Zona Andina. Ministerio de Medio Ambiente y Agua.
- Navarro, G. (2002). Vegetación y unidades biogeográficas. En G. Navarro & M. Maldonado (Eds.), Geografía ecológica de Bolivia: Vegetación y ambientes acuáticos (pp. 1–500). Centro de Ecología Simón I. Patiño–Departamento de Difusión.
- Navarro, G. (2011). Clasificación de la vegetación de Bolivia (1.ª ed. en español). Centro de Ecología Difusión, Fundación Simón I. Patiño.
- Navarro, G., Arrázola, S., Balderrama, J. A., Ferreira, W., De la Barra, N., Antezana, C., Gómez, I., & Mercado, M. (2010). Diagnóstico del estado de conservación y caracterización de los bosques de Polylepis en Bolivia y su avifauna. Revista Boliviana de Ecología y Conservación Ambiental, 28, 1–35.
- Navarro, G., & Ferreira, W. (2007). Mapa de vegetación de Bolivia a escala 1:250.000 [CD-ROM]. The Nature Conservancy; RUMBOL.
- Paniagua Zambrana, N., Maldonado Goyzueta, C., & Chumacero Moscoso, C. (2003). Mapa de vegetación de los alrededores de la Estación Biológica de Tunquini, Bolivia. Ecología en Bolivia, 38(1), 15–26.
- Ribera-Arismendi, M. O., & Morales, C. B. (1995). Caminos de Cotapata. Instituto de Ecología.

TRANSICIONES AGROECOLÓGICAS EN BOLIVIA: SOSTENIBILIDAD SOCIOAMBIENTAL, GÉNERO Y RECONFIGURACIÓN TERRITORIAL EN CONTEXTOS PERIURBANOS

(Comunicación)

Mg. Sc. Daniela Romero Romay
dromero5@umsa.bo

Instituto de Investigaciones Sociológicas (IDIS–UMSA)

Semblanza:

Socióloga-lingüista y magíster en Desarrollo Social (CIDES–UMSA) y en Desarrollo Ambiental (PUCP). Investigadora académica especializada en desarrollo rural y estudios de género. Cuenta con experiencia en investigación cualitativa aplicada a desarrollo rural, género, capital social, empoderamiento y salud, así como en evaluación de programas socioambientales. Ha participado en proyectos de investigación con universidades y centros académicos nacionales e internacionales, entre ellos la Universidad de Groninga, la Universidad de Berna, la Universidad de Misuri y la Universidad Estatal de Colorado. Asimismo, cuenta con publicaciones académicas y libros sobre ruralidad y género en el altiplano boliviano, desarrollados en el marco del Proyecto FATE (CIDES–UMSA / Universidad de Berna) y el programa trAndeS de la Universidad Libre de Berlín.

Resumen

La agroecología se ha consolidado como una alternativa frente a los impactos socioambientales del modelo agroindustrial dominante. No obstante, su desarrollo enfrenta fuertes condicionamientos territoriales, sociales e institucionales que tensionan su sostenibilidad, particularmente en contextos periurbanos marcados por la expansión urbana y la presión de dinámicas agroindustriales. En este marco, la

investigación tiene como objetivo analizar las transiciones agroecológicas en contextos periurbanos de la ciudad de Santa Cruz de la Sierra en la provincia Andrés Ibáñez, una región de alta aptitud agroecológica caracterizada por la coexistencia de agricultura familiar, procesos acelerados de urbanización y sistemas productivos de gran escala. El análisis se centra en la sostenibilidad socioambiental de las transiciones agroecológicas, las dinámicas organizativas y de género al interior de las asociaciones de productores, así como en los procesos de reconfiguración territorial e institucional que inciden en estas experiencias. Metodológicamente, el estudio adopta un enfoque sociológico cualitativo de carácter exploratorio–comparativo, basado en entrevistas en profundidad a expertos y referentes institucionales, entrevistas semiestructuradas a técnicos, grupos focales con productores y análisis de marcos normativos vinculados a la agroecología y la soberanía alimentaria. Las asociaciones agroecológicas constituyen la unidad de análisis del estudio. Los resultados esperados buscan comprender avances, límites y tensiones de las transiciones agroecológicas periurbanas, así como el grado en que los marcos normativos e institucionales generan condiciones efectivas para su sostenimiento, incorporando el análisis de la participación diferenciada de hombres y mujeres en la producción y comercialización agroecológica, desde una perspectiva de género.

Palabras claves: Agroecología, sostenibilidad socioambiental, territorios periurbanos, género, sistemas agroalimentarios

1. Introducción

En los últimos años, la agroecología se ha consolidado como una alternativa frente a los impactos socioambientales del modelo agroindustrial dominante, caracterizado por la degradación de los ecosistemas, la concentración de la tierra y la creciente vulnerabilidad de los sistemas alimentarios. En América Latina, este enfoque ha sido impulsado tanto por movimientos sociales como por ámbitos académicos y normativos, articulándose con el paradigma de la soberanía alimentaria y con propuestas orientadas a la

sostenibilidad de la vida. No obstante, lejos de constituir un modelo homogéneo o plenamente consolidado, la agroecología se despliega como un proceso situado, atravesado por condicionamientos territoriales, institucionales, organizativos y de género que inciden directamente en su viabilidad.

En Bolivia, la expansión de experiencias agroecológicas se desarrolla en un contexto de fuerte tensión con el modelo agroexportador, particularmente en regiones como Santa Cruz, donde la intensificación del agronegocio y la urbanización acelerada reconfiguran de manera profunda el uso del suelo y las dinámicas productivas. En este escenario, los territorios periurbanos emergen como espacios estratégicos y conflictivos, en los que convergen la agricultura familiar, los mercados urbanos, la presión inmobiliaria y las disputas por el acceso a recursos productivos. Estas dinámicas afectan de manera directa las condiciones de sostenibilidad de las iniciativas agroecológicas, al tiempo que revelan desigualdades persistentes, especialmente en términos de género, vinculadas al acceso a la tierra, la organización social del trabajo y la participación en la toma de decisiones.

En este marco, la presente investigación tiene como objetivo analizar las transiciones agroecológicas en contextos periurbanos de la ciudad de Santa Cruz de la Sierra, ambos pertenecientes a la provincia Andrés Ibáñez, debido a su relevancia estratégica en la articulación entre producción agrícola, expansión urbana y mercados locales; así como a la presencia de experiencias agroecológicas importantes del departamento organizadas en los mismos. Estas experiencias agroecológicas, organizadas generalmente en asociaciones de productores, son entendidas como las unidades de análisis del estudio, pues permiten observar procesos de transición productiva, organización social, articulación institucional y estrategias de comercialización alternativa de manera situada y con una trayectoria más consolidada.

Asimismo, la investigación se nutre de aportes de la agroecología crítica y de los estudios sobre nuevas ruralidades, incorporando de manera transversal los enfoques de soberanía alimentaria y de género. Desde esta perspectiva más sociológica, la agroecología es abordada como un modelo en disputa, cuyos resultados no se asumen

de manera normativa, sino que se analizan a partir de las prácticas concretas, los arreglos organizativos y los vínculos socioeconómicos que se configuran en los territorios estudiados. Bajo estos parámetros, el estudio busca contribuir a la comprensión de las condiciones sociales que posibilitan o limitan la viabilidad de las transiciones agroecológicas en territorios periurbanos, aportando elementos relevantes para el debate académico y para el diseño de políticas públicas orientadas a sistemas alimentarios sostenibles en contextos de expansión urbana.

2. Desarrollo teórico

2.1 Estado del arte

El estado del arte sobre los nuevos movimientos alimentarios sitúa el surgimiento de la agroecología y de otras alternativas productivas como una respuesta directa a una crisis agraria y alimentaria mundial persistente. Esta crisis no es coyuntural, sino estructural, y se origina en la convergencia de la industrialización agrícola, la liberalización de los mercados y el ascenso de los llamados imperios alimentarios. A continuación, se presenta la recopilación y análisis de información bibliográfica referente a distintas dimensiones de contexto que permiten comprender el desarrollo de la agroecología, no solo como ciencia, sino como práctica y movimiento político y su vínculo con la soberanía alimentaria y la perspectiva de género.

2.1.1 Del régimen alimentario industrial a la agroecología como ciencia, práctica y movimiento

El surgimiento de la agroecología y otros movimientos de resistencia se origina en una crisis agraria mundial persistente directamente relacionada con la consolidación del régimen alimentario industrial. Autores como Van der Ploeg (2010), afirman que la industrialización de la agricultura ha generado una profunda desconexión entre los sistemas productivos, la naturaleza y los territorios locales, puesto que ha sustituido el capital ecológico por insumos externos, produciendo una creciente dependencia del capital financiero. A su vez, los denominados imperios alimentarios se han adjudicado un

poder monopólico sobre la producción que presiona a los productores al imponerles precios bajos que no recompensan sus gastos y posibles eventos climático que hayan afectado la producción, además de llevarlos al endeudamiento con el fin de producir al menos una cantidad suficiente para su abastecimiento. Sumado a esto, los mismo terminan por restringir el acceso de los consumidores a alimentos saludables puesto que acaparan los principales espacios de oferta de los mismos. Todo esto deriva en una "doble expropiación" del trabajo agrícola, por lado material debido al drenaje de riqueza hacia capitales externos, y por otro, política, debido a la pérdida de autonomía sobre el control del proceso de producción (Van der Ploeg, 2021).

Desde una perspectiva complementaria, autores como Wittman y James (2022) afirman que esta crisis se vincula, además, con disputas en torno a la gobernanza de la tierra, atravesadas por procesos de colonización, cercamiento y financiarización que imponen una concepción de la tierra como propiedad individual y excluyente, en tensión con enfoques que la entienden como un bien relacional y colectivo. Por su parte, González de Molina (1992) concluye que este modelo se origina en el optimismo tecnológico de la posguerra, que subordinó la agricultura a las necesidades de la industria más que a las necesidades reales de los consumidores, profundizando así la mercantilización del proceso productivo y despojando al campesinado del control sobre sus medios de producción.

Este fenómeno se insertaría en lo que Llambí (2000) denomina el proyecto globalista, caracterizado justamente por una especialización territorial, basada en ventajas comparativas que fuerza a los productores locales a competir en condiciones estructuralmente desiguales, como las antes descritas. A ello se suma, una progresiva homogeneización de la naturaleza que simplifica los ecosistemas, reduciendo la biodiversidad y debilitando las estructuras comunitarias que la protegen. En este contexto, Sevilla (2015) afirma que la emergencia de alternativas alimentarias asociadas a transformaciones en la relación campo-ciudad y a procesos de revalorización de lo local han impulsado la conformación de mercados segmentados, donde lo orgánico y lo

agroecológico ocupan nichos diferenciados, dentro de sistemas agroalimentarios locales que priorizan valores de uso por sobre valores de cambio y buscan una distribución más equitativa del valor agregado entre productores y consumidores.

La agroecología emerge dentro de estos espacios como un modelo productivo alternativo que, en principio, prioriza la reducción de costos mediante el uso de recursos internos y el manejo de los ciclos ecológicos, con el objetivo de lograr la sostenibilidad de los ecosistemas intervenidos. Autores como González de Molina (1992) definen esta lógica como un tipo de eficiencia ecológica, entendida como la capacidad de producir con el menor costo energético y material posible. Con el tiempo, Sevilla (2015) complementa que estas prácticas trascendieron la dimensión técnica y se configuraron como una epistemología surgida de la praxis, orientada a la emancipación sociocultural y política de productores y consumidores.

Altieri (1999) y Gliessman (2013), como principales representantes del enfoque científico de la agroecología, concuerdan en señalar que **l**a misma emerge no sólo como campo científico y práctica productiva, sino también como un movimiento sociopolítico que se enfrenta al modelo de producción que trajo consigo la Revolución Verde[1], que impulsa la expansión de la agricultura industrial y la convierte en el modelo agroalimentario dominante. Altieri (1999) destaca que este enfoque aporta principios para el diseño de sistemas productivos ecológicamente sustentables, culturalmente sensibles y económicamente viables, otorgando un lugar central a la biodiversidad y a la revalorización de los saberes campesinos, indígenas y locales como fuentes legítimas de conocimiento.

[1] Periodo de transformación tecnológica de la agricultura que ocurrió entre 1940 y 1970. Consistió en la adopción de variedades de cereales de alto rendimiento, el uso masivo de agroquímicos y la mecanización para aumentar la producción mundial de alimentos. La producción global de cereales se triplicó mientras que el uso de tierras agrícolas solo aumentó un 30%. Se atribuye a este periodo haber salvado más de mil millones de personas de morir por inanición. El agrónomo estadounidense Norman Borlaug es considerado el "padre" de este movimiento. Sus investigaciones en México sobre el trigo enano le valieron el Premio Nobel de la Paz en 1970 por haber evitado hambrunas masivas en países como India y Pakistán. *Fuente:* FAO - La agricultura mundial: hacia los años 2015/2030

Al respecto, Anderson et al. (2019) señalan que, a partir de la década de 1990, el campo agroecológico amplía su alcance hacia la ecología de los sistemas alimentarios, integrando de manera explícita las dimensiones de distribución y consumo. Este giro se articula con el enfoque de las transiciones agroecológicas, que entiende los procesos de cambio como no lineales y situados, producidos en la interacción entre nichos de innovación y el régimen agroindustrial dominante. Desde esta perspectiva, las transiciones involucran transformaciones en múltiples dominios, incluyendo el acceso a los recursos, el conocimiento, los sistemas de intercambio, las formas de organización colectiva, la equidad de género y la disputa por los significados políticos de la agroecología. Sumado a esto, los autores destacan que el territorio emerge como una escala clave para la consolidación de las transiciones agroecológicas, al constituirse como el espacio donde confluyen las prácticas productivas, la organización social y la acción política.

Desde el punto de vista más epistemológico, Gómez et al., 2015 afirman que la agroecología se distancia de la ciencia agronómica convencional para cuestionar la disciplinariedad, el reduccionismo y el monismo metodológico. En su lugar, la agroecología se impone como un enfoque transdisciplinario basado en la complejidad, que concibe los agroecosistemas como entramados donde interactúan dimensiones ecológicas, sociales, culturales y económicas. En esta línea, Val y Rosset, 2022 conceptualizan la agroecología como una articulación inseparable entre dimensiones técnico-productivas, político-organizativas y ontológico-culturales, lo que la posiciona no solo como una alternativa técnica, sino como un proyecto de transformación social orientado a la construcción de autonomía colectiva, la recuperación de identidades territoriales y la resistencia frente al avance del capital sobre los territorios rurales. No obstante, la literatura crítica advierte sobre tensiones internas en el campo agroecológico. Lugo y Rodríguez (2018) señalan que una parte de la agroecología ha sido reducida a una "agronomía ecologizada", limitada a la sustitución de insumos y desprovista de su dimensión política y emancipatoria.

Este proceso implica el riesgo de una captura epistémica por enfoques positivistas y utilitaristas, que subordinan los saberes locales a categorías técnicas y neutralizan el potencial transformador de la agroecología. Asimismo, distintos autores (Pimbert, 2018; Holt y Altieri, 2013; Val y Rosset, 2022; McKay et al., 2025) alertan sobre procesos de cooptación corporativa y estatal, que dan lugar a una "falsa agroecología" o agroecología neoliberal, centrada en mejoras técnicas parciales sin cuestionar las relaciones de poder, la concentración de la tierra ni la dependencia externa. Para McKay et al. (2025), estas dinámicas refuerzan la necesidad de incorporar una economía política de las transiciones agroecológicas que permita analizar los procesos de cambio en relación con el control de los recursos, el conocimiento y los mercados.

Dentro de este campo, la sociología analiza la agroecología no solamente como una alternativa técnica, sino como un proceso social, político y territorial que emerge de la tensión entre la expansión de la modernización capitalista y las múltiples formas de resistencia que se desarrollan en el mundo rural. De esta manera, el análisis se incluye ya no desde lo que caracteriza al modelo agroecológico, sino a las implicaciones y consecuencias sociales y económicas que produce. Sevilla y Woodgate (2013) conceptualizan esta dinámica como una dialéctica permanente entre la mercantilización de la naturaleza y las estrategias sociales orientadas a recomponer la relación sociedad–naturaleza. Por consiguiente, la transición agroecológica se concibe como una forma de manejo de los sistemas biológicos basada en la acción social colectiva, orientada a redirigir la coevolución entre sociedad y naturaleza. A diferencia de la agronomía convencional, sustentada en un paradigma reduccionista de control y dominación de la naturaleza, la agroecología parece proponer un manejo ecológico de los recursos que reconoce la interdependencia entre procesos ecológicos, sociales y culturales, situando al territorio como espacio central de esta recomposición.

Dentro de este enfoque, Van der Ploeg (2010, 2021) nuevamente incluye el análisis de la agroecología ya no solo como una práctica técnica, sino también como una lucha por la recuperación de la autonomía campesina frente a la creciente externalización del control

productivo ejercido por mercados globales, sistemas financieros y proveedores de insumos. Esta recuperación se vincula con procesos de desmercantilización del conocimiento, las semillas y el trabajo agrícola, redefiniendo el trabajo agroecológico como una práctica social orientada a la reproducción ampliada de la vida y al bienestar relacional. Complementariamente, Tittonell (2019) propone comprender la agroecología como una innovación de nicho que desafía al régimen socio-técnico dominante en el cual la transición agroecológica se configura como un proceso no lineal de transformaciones simultáneas en múltiples escalas, donde la familia rural y el territorio constituyen espacios clave para la construcción de resiliencia socioecológica.

Finalmente, desde un enfoque sociológico más crítico e inserto en la ecología política latinoamericana de Gudynas (2004), la agroecología puede ser vista como un proceso que se desarrolla dentro de una modernidad que construye socialmente a la naturaleza como una "canasta de recursos". En este marco, la agricultura industrial puede entenderse como una modalidad de extractivismo renovable constante que no busca la sostenibilidad de los recursos y territorios de los que se abastece. Aquí, la agroecología buscaría constituirse en lo que el autor llama una *Sustentabilidad Fuerte*[2], al rechazar la sustitución del capital natural crítico, defendiendo los bienes comunes y desplazando el énfasis del crecimiento económico hacia la integridad ecosistémica y la justicia social. Asimismo, este enfoque converge con los planteamientos de Escobar (2014), quien propone el concepto de *Pluriverso*[3] para describir horizontes civilizatorios basados en ontologías relacionales que cuestionan la separación moderna entre lo humano y lo no humano (natural). Desde esta mirada, las prácticas agroecológicas pueden ser interpretadas como expresiones situadas de proyectos alternativos de organización social y territorial, siempre que no sean neutralizadas por enfoques tecnocráticos.

[2] La *Sustentabilidad Fuerte* sostiene que el capital natural (recursos y servicios ecosistémicos) es insustituible por el capital manufacturado o humano. A diferencia de la sustentabilidad débil —que acepta que el dinero o la tecnología pueden reemplazar la pérdida de un ecosistema—, la postura de Gudynas exige mantener niveles mínimos de "capital natural crítico" para asegurar la supervivencia de la vida y el funcionamiento de la biósfera. (Gudynas, 2004: 62, 84).

[3] Arturo Escobar (2014) define el "Pluriverso" como la coexistencia de múltiples mundos o realidades, desafiando la idea de un "universo" único y universal regido por la modernidad occidental (2014: 138).

2.1.2 Alcance institucionalidad y normativo de la agroecología en la actualidad

Canfield (2025) afirma que actualmente la agroecología es reconocida a nivel internacional como una alternativa frente al agotamiento del modelo agroindustrial de la Revolución Verde, asociado al deterioro ambiental, la pérdida de biodiversidad y la inseguridad alimentaria. Es así que su incorporación en políticas públicas se ha apoyado en marcos normativos globales, como los Diez Elementos de la Agroecología de la FAO[4] y los Principios Agroecológicos del HLPE[5], utilizados como herramientas orientadoras para procesos de transición hacia sistemas alimentarios más sostenibles (FAO, 2021). No obstante, la institucionalización de la agroecología todavía se encuentra atravesada por disputas políticas y procesos de resignificación. Por ejemplo, Rivera-Ferre (2018) identifica narrativas institucionales divergentes, que oscilan entre enfoques transformadores —vinculados a la soberanía alimentaria y la justicia social— y visiones reduccionistas que conciben la agroecología como una mejora técnica del rendimiento productivo. En este contexto, persiste el riesgo de cooptación mediante conceptos como "intensificación sostenible" o "agricultura climáticamente inteligente", que reformulan el modelo industrial sin cuestionar sus estructuras de poder.

Al respecto, Ajates et al. (2018) conceptualizan este proceso de transición como una especie de "traducción selectiva", mediante la cual los elementos más disruptivos de la agroecología son excluidos de los marcos normativos de manera conveniente para

---

[4] Desarrollados a través de un proceso regional y global, estos elementos sirven como guía para los responsables de políticas y profesionales. Se dividen en tres categorías principales: 1) características del sistema (diversidad, sinergias, eficiencia, resiliencia, reciclaje, creación conjunta e intercambio de conocimientos; 2) contexto (valores humanos y sociales, cultura y tradiciones alimentarias; y 3) entorno propicio (gobernanza responsable, economía circular y solidaria).
Fuente: FAO (2018). Los 10 elementos de la agroecología: Guía para la transición hacia sistemas alimentarios y agrícolas sostenibles.

[5] El Grupo de Alto Nivel de Expertos en Seguridad Alimentaria y Nutrición (HLPE) consolidó estos principios para operativizar la agroecología, dándole un enfoque más detallado en salud y equidad: 1) reciclaje, 2) educción de insumos: Menor dependencia de químicos externos, 3) salud del suelo: Mejorar la actividad biológica del suelo, 4) salud animal, 5) biodiversidad, 6) sinergia, 7) diversificación económica, 8) co-creación de conocimiento, 9) valores sociales y dietas, 10) justicia (equidad), 11) conectividad, 12) gobernanza de la tierra, 13) participación. Fuente: HLPE (2019). *Enfoques agroecológicos y otras innovaciones en favor de la seguridad alimentaria y la nutrición*.

ciertos sistemas productivos industriales. Esto se debería, según Canfield (2025), a que este proceso no se produciría a través de transformaciones profundas en los regímenes de propiedad y gobernanza, lo cual obstaculizaría el fortalecimiento de formas colectivas de gestión territorial, el reconocimiento de los derechos campesinos e indígenas y la protección del conocimiento agroecológico frente a su mercantilización.

Estas tensiones estarían claramente evidenciadas en distintas experiencias internacionales, tales como las europeas que, si bien han trabajado en la inclusión de este nuevo modelo en sus marcos productivos, aún se ven subordinadas a modelos más expansivos de agronegocio. Por ejemplo, las estrategias como el "Pacto Verde" o la "Ley de Futuro para la Agricultura" incorporan el discurso agroecológico, pero no rompen plenamente con lógicas productivistas orientadas a la competitividad y el mercado (Ajates et al., 2018; Lampkin et al., 2020), lo cual demuestra cuan limitada aún se encuentra la institucionalización al punto de no poder cuestionar las bases estructurales del sistema agroalimentario.

En América Latina, sin embargo, la institucionalización de la agroecología parece presentar avances mucha más relevantes, aunque también marcados por una fuerte dependencia de los ciclos políticos. Brasil constituye el principal referente regional, y es considerado el líder en la expansión del modelo agroecológico latinoamericano e incluso mundial al haber creado la "Política Nacional de Agroecología y Producción Orgánica (PNAPO)" en 2012, impulsada principalmente por la presión de movimientos sociales y organizaciones de mujeres rurales (Sambuichi et al., 2017). Por su parte, Uruguay avanzó con la "Ley 19717" en 2018 y el "Plan Nacional de Agroecología" en 2022, que instruye el fomento a la agroecología con un enfoque en la pequeña producción familiar, la soberanía alimentaria, la sustentabilidad ambiental y la salud.

Argentina, por su parte, muestra avances institucionales desde el 2019 hasta 2023, pero con una alta fragilidad frente a los cambios de orientación política posteriores. Durante este tiempo se produjo una expansión institucional sin precedentes, donde el 59,26% de todas las políticas agroecológicas identificadas en los últimos 30 años fueron creadas en

el periodo 2020-2024. Esta fase habilitó nuevas formas de inclusión estatal y trascendió la disputa entre autonomía y cooptación, aunque se define como un proceso inconcluso que no logró consolidar estructuras estables. Desde fines de 2023, Argentina atraviesa un proceso de ralentización, ajuste y desfinanciamiento masivo que provoca la disolución de organismos críticos como la Dirección Nacional de Agroecología, el Instituto Nacional de la Agricultura Familiar, Campesina e Indígena (INAFCI) y varios ministerios clave (Curto et al., 2021; Caimmi & Fernández, 2025).

En otros países de la región, como Ecuador y Colombia, la agroecología ha sido incorporada de manera parcial en marcos normativos vinculados a la soberanía alimentaria y la agricultura familiar. Ecuador cuenta con un fuerte respaldo constitucional y la "Ley Orgánica del Régimen de la Soberanía Alimentaria (LORSA)", que obliga al Estado a incentivar la producción agroecológica y proteger las semillas nativas (Gobierno de la República del Ecuador, 2010). Por parte, Colombia no posee una ley nacional única, pero ha avanzado mediante la "Resolución 464" de 2017, que integra la agroecología en los lineamientos para la agricultura campesina y familiar. Además, el "Acuerdo de Paz" de 2016 (Reforma Rural Integral) reconoce la innovación agroecológica como eje de desarrollo (FAO & Ministerio de Agricultura y Desarrollo Rural de Colombia, 2021). En Bolivia, leyes como la "Ley 3525[6]" y la "Ley 144[7]" reconocen el rol del Estado en la promoción de la producción ecológica, así como la creación de instancias de articulación institucional. Sin embargo, la implementación efectiva de estos marcos se ve limitada por debilidades institucionales, fragmentación normativa y la coexistencia con políticas que continúan favoreciendo al agronegocio (Curto et al., 2021). Un elemento transversal en la región es el desarrollo de sistemas de certificación alternativos, como los Sistemas Participativos de Garantía (SPG), que buscan fortalecer los mercados locales mediante mecanismos basados en la confianza, el control social y

[6] Ley 3525 de Regulación y Promoción de la Producción Agropecuaria y Forestal No Maderable Ecológica.

[7] Ley 144 de la Revolución Productiva Comunitaria Agropecuaria https://bolivia.vlex.com/vid/ley-n-144-ley-1105647522

la participación de los productores, diferenciándose de la certificación orgánica comercial (Migliorini & Wezel, 2017).

En síntesis, la institucionalización de la agroecología constituye un campo de disputa permanente alrededor del mundo. Si bien existen avances normativos significativos, persiste el riesgo de reducirla a una práctica agronómica despolitizada. La profundidad y sostenibilidad de estas políticas dependen, en gran medida, de la capacidad de los actores sociales para sostener procesos de movilización colectiva y de la construcción de marcos legales que trasciendan los ciclos de gobierno y las lógicas de cooptación institucional.

2.1.3 Soberanía alimentaria y enfoque de género como enfoques transversales de la agroecología

La soberanía alimentaria, impulsada internacionalmente desde 1996 por el movimiento La Vía Campesina, se define como "el derecho de los pueblos a decidir de manera autónoma cómo producir, distribuir y consumir sus alimentos" (Vía Campesina, 2018), y surge como una crítica directa a la concentración corporativa del sistema agroalimentario global, la deslocalización productiva y la dependencia de insumos externos, procesos que han profundizado vulnerabilidades sociales, ambientales y culturales en distintos territorios. La misma no constituye un concepto técnico ni un modelo normativo cerrado, sino un proyecto político en construcción, que tiene como antecedentes las resistencias campesinas centroamericanas de los años ochenta y que se formaliza durante el Foro de la Sociedad Civil, paralelo a la Cumbre Mundial de la Alimentación de la FAO. Desde entonces, ha sido desarrollada como un "concepto en acción", construido desde abajo mediante luchas territoriales, organizativas y culturales (Anderson, 2018). La Declaración de Nyéléni del 2007, consolidó este enfoque al definir la soberanía alimentaria como el derecho a alimentos nutritivos y culturalmente adecuados, producidos de manera sostenible, y al establecer principios como el control local de los recursos, la valorización de quienes producen alimentos, la relocalización de

los sistemas alimentarios y el trabajo en armonía con la naturaleza (Foro para la Soberanía Alimentaria, 2007).

En su desarrollo contemporáneo, para autores como Holt & Altieri (2013), Anderson (2018) y Cabanes & Gómez (2014), la soberanía alimentaria se articula estrechamente con tres dimensiones fundamentales: 1) la agroecología como práctica emancipadora indispensable; 2) la justicia de género, que reconoce el rol central de las mujeres en la producción, la reproducción social y el cuidado de la vida; y 3) la economía social y solidaria, donde los mercados locales, cooperativas y circuitos cortos se constituyen como herramientas para democratizar el sistema alimentario. En este marco, la agroecología se configuraría como el pilar técnico, político y cultural que permite materializar los principios de la soberanía alimentaria. A través de prácticas como la diversificación productiva, el reciclaje de nutrientes y la reducción del uso de agroquímicos, la agroecología fortalece la resiliencia de la agricultura familiar y contribuye a la regeneración de los ecosistemas (Altieri, 1999), lo cual está directamente relacionado a los principios básicos de la soberanía alimentaria. Asimismo, Cabanes & Gómez (2014) señalan que los circuitos cortos de comercialización reconstruyen vínculos directos entre productores y consumidores, favoreciendo precios justos, autonomía económica y la valorización de alimentos locales y saludables.

Como evidencian Rosset & Altieri, (2017), la materialización práctica de la soberanía alimentaria se expresa en espacios concretos como los mercados agroecológicos, que funcionan simultáneamente como ámbitos de intercambio económico, educación política y fortalecimiento organizativo. Este enfoque se ha extendido también a los contextos urbanos y periurbanos, donde propuestas como el urbanismo agroecológico buscan recomponer la relación campo–ciudad y reconocer a los habitantes urbanos como actores activos en la construcción de sistemas alimentarios sostenibles. Además, Franco et al. (2023) señalan que estos espacios contribuyen, además, al empoderamiento económico y político de las mujeres campesinas y a la defensa de semillas nativas.

Los autores afirman que, durante mucho tiempo, la agroecología reprodujo una mirada androcéntrica al operar bajo la figura implícita de un "sujeto universal masculino", invisibilizando las contribuciones específicas de las mujeres en los sistemas agroalimentarios. Respaldando esta idea, autoras como Zuluaga et al. (2018), Llanque et al. (2018) y Siliprandi (2018) señalan que el trabajo productivo reconocido constituye apenas la "punta del iceberg", mientras que el trabajo doméstico, reproductivo y de cuidados —realizado mayoritariamente por mujeres— sostiene de manera invisible la reproducción social de la vida y de los propios sistemas agroecológicos. Sumado a esto, la elevada feminización de la producción agroecológica es una prueba clara de que el enfoque de género es un eje analítico indispensable.

Pero, además, como señala (Dorrego, 2018), el enfoque de género resulta también clave para reconocer los conocimientos agroecológicos diferenciados que poseen las mujeres, especialmente en el manejo de semillas, plantas medicinales y seguridad nutricional, saberes frecuentemente subestimados por el conocimiento técnico dominante. Desde una perspectiva epistemológica, Pérez & Soler (2013) señalan que su integración no responde solo a criterios de equidad, sino a la necesidad de cuestionar los sesgos antropocéntricos, etnocéntricos y androcéntricos del pensamiento occidental. Como lo señalan Deere y León (2003) y Agarwal (2010), las mujeres desempeñan un rol central en la gestión de la diversidad productiva y el manejo de huertos, semillas y alimentos, así como en las tareas de cuidado que articulan producción y reproducción social. En contraste, la participación masculina suele asociarse a actividades externas o temporales.

Siliprandi (2010) advierte que, cuando los proyectos agroecológicos comienzan a generar retornos económicos, el control de las decisiones productivas tiende a re-centralizarse en los hombres, reproduciendo desigualdades preexistentes. Aun así, la transición agroecológica permite visibilizar de manera más integrada los roles productivos, reproductivos y comunitarios, abriendo posibilidades para un manejo más integral de los recursos naturales que impulsen una mayor participación femenina.

Desde esta mirada, la transición agroecológica no puede entenderse únicamente como un cambio técnico, sino como un proceso de transformación social.

Papuccio (2007) y Ramírez (2023) afirman que la incorporación de la justicia de género y de la justicia epistémica resulta fundamental para evitar que las transiciones productivas generen nuevas vulnerabilidades para las mujeres, dado que las intervenciones técnicas no son neutras y afectan de manera diferenciada según las relaciones de poder existentes. Al respecto, Mestmacher (2019) señala que, aunque la agroecología puede fortalecer la agricultura familiar y favorecer procesos de empoderamiento, si no se produce una redistribución efectiva del trabajo doméstico y de cuidados, la transición puede traducirse en una "doble carga" laboral.

En este escenario, Garduño et al. (2021) señalan que la participación en asociaciones, ferias y circuitos cortos de comercialización adquiere un papel central. Estos espacios permiten a las mujeres gestionar directamente la venta de sus productos, administrar ingresos propios y reducir la dependencia económica, fortaleciendo su capacidad de negociación en el hogar y en las organizaciones, así como su participación política colectiva, como lo infieren No obstante, los obstáculos estructurales como el acceso desigual a la tierra y al agua, la violencia intrafamiliar y la desvalorización del trabajo de cuidados continúan reproduciendo relaciones de subordinación dentro de organizaciones mixtas.

Finalmente, estudios recientes, como los de Valiente & Mantiñán (2024) y Lopes Ferreira (2016) incorporan el análisis de trayectorias femeninas desde el concepto de "experiencia situada", mostrando cómo mujeres sin tradición agrícola ingresaron a la agroecología por necesidad durante la pandemia y posteriormente la adoptaron como proyecto de vida. Estas experiencias revelan que la huerta trasciende la función productiva para convertirse en un espacio de autonomía, creación y recomposición de vínculos con la tierra, aunque persiste el riesgo de enfoques asistencialistas que idealizan a la familia rural como una unidad armónica e invisibilizan relaciones de poder internas.

En síntesis, la soberanía alimentaria constituye un marco político y analítico clave para comprender las transiciones agroecológicas contemporáneas. Más que un objetivo normativo, se trata de un proceso situado, multiescalar y en permanente disputa, cuya viabilidad depende de la articulación entre agroecología, organización social, justicia de género y control territorial, tanto en contextos rurales como periurbanos. Además, una transición agroecológica efectiva requiere incorporar una mirada que analice las diferencias de género para comprender cómo las relaciones de poder atraviesan tanto las prácticas técnicas como las organizativas. Ignorar estas dinámicas compromete la sostenibilidad social y ambiental de los procesos de transición, consolidando a la agroecología no solo como estrategia productiva, sino como espacio de transformación social orientado a construir relaciones más justas entre personas, territorios y naturaleza.

2.2 Planteamiento del problema

La agroecología se configura como una alternativa al modelo agroalimentario convencional en un contexto global. Más allá de su vínculo histórico con la agricultura familiar campesina, la agroecología se consolida como un modelo no sólo técnico sino socioecológico y sociopolítico que articula prácticas productivas, formas organizativas y relaciones de mercado orientadas a la sostenibilidad ambiental, tanto en espacios rurales como urbanos (Altieri, 1999; Gliessman, 2002) y teniendo como principal norte la soberanía alimentaria de los pueblos (Van der Ploeg, 2010; Rosset & Altieri, 2017).

En Bolivia, la agroecología todavía se encuentra en proceso de consolidación y enfrenta limitaciones asociadas a una institucionalidad pública fragmentada, ambigüedades normativas y persistentes desigualdades en el acceso a recursos estratégicos. Estas condiciones plantean interrogantes serias sobre su viabilidad y sostenibilidad como alternativa al modelo agroindustrial dominante (Dorrego, 2018; Laura, 2024). Si bien la agricultura familiar campesina e indígena constituye un componente estructural del sistema alimentario nacional y un actor históricamente vinculado a prácticas productivas diversificadas (Castañón, 2014), la agroecología no se limita a este sector ni se expresa

de manera homogénea, sino que adopta configuraciones diferenciadas según los contextos territoriales, organizativos e institucionales en los que se desarrolla.

En estos espacios, principalmente retratados en las ferias agroecológicas, las asociaciones de productores y los mercados alternativos no solo cumplen una función comercial, sino que se constituyen en territorios sociales en los que se redefinen estrategias productivas, usos del suelo y vínculos entre productores y consumidores (Zuluaga et al., 2018). Asimismo, la organización social del trabajo, la distribución diferenciada de roles productivos y reproductivos, así como las brechas en el acceso a recursos y espacios de toma de decisiones inciden directamente en la viabilidad económica, social y ambiental de estos sistemas, por lo que relaciones de género desempeñan un papel central en la sostenibilidad de las experiencias agroecológicas. No obstante, estos aspectos continúan siendo escasamente abordados desde enfoques sociológicos que integren de manera simultánea las dimensiones productivas, territoriales, organizativas y de género.

A pesar de su creciente reconocimiento normativo y discursivo en el país, la agroecología presenta ambigüedades teóricas, heterogeneidad práctica y desafíos metodológicos que dificultan evaluar su viabilidad como alternativa al modelo agroindustrial, particularmente en territorios como el departamento de Santa Cruz, donde este último es hegemónico y donde la agroecología no se define solo por prácticas, sino por su articulación entre producción, mercado y horizonte alimentario. Frente a esta configuración de condiciones, el problema central del estudio consiste en analizar cómo se conforman, se sostienen y se tensionan las transiciones agroecológicas en contextos periurbanos de alta tensión y en qué medida estas experiencias contribuyen o enfrentan límites para el fortalecimiento de la sostenibilidad socioambiental y la soberanía alimentaria de esta región.

Los contextos periurbanos son comprendidos no como espacios territorialmente homogéneos ni delimitados por fronteras administrativas rígidas, sino como ámbitos socio-territoriales en disputa, caracterizados por la superposición de dinámicas rurales y

urbanas, presiones sobre el uso del suelo, una fuerte articulación con los mercados urbanos. Para lograr esto, al análisis se basará en la identificación de las condiciones sociales, organizativas, institucionales y de género que influyen en la viabilidad del modelo agroecológico en un territorio marcado por la expansión agroindustrial y urbana, generando insumos analíticos relevantes para el debate académico y el diseño de políticas públicas con enfoque territorial y de género.

En este marco, el presente estudio aborda la agroecología como un modelo analítico multidimensional (Gómez et al., 2015; Altieri, 1999; Gliessman, 2002), que trasciende su comprensión como un conjunto de prácticas productivas para incorporar dimensiones productivo–ambientales, socioeconómicas, organizativas e institucionales. Pero, además, la agroecología es abordada como un marco analítico flexible que permite interpretar prácticas productivas, organizativas y territoriales en contextos específicos, sin asumir resultados normativos universales. Este enfoque permite analizar las transiciones agroecológicas como procesos atravesados por relaciones de poder, arreglos organizativos y dinámicas territoriales específicas.

2.3 Preguntas y objetivos de investigación

2.3.1 Preguntas de investigación

- ¿Cómo se configura el modelo agroecológico en contextos periurbanos y cuáles son sus principales alcances, tensiones y limitaciones?
- ¿Qué condiciones socioeconómicas y de mercado inciden en la viabilidad de las experiencias agroecológicas periurbanas?
- ¿Qué formas de organización colectiva sostienen las experiencias agroecológicas periurbanas y qué capacidades sociales, organizativas e institucionales desarrollan en términos de toma de decisiones frente a actores estatales, privados e intermedios?
- ¿De qué manera el marco legal, institucional y las políticas públicas inciden en el desarrollo y la continuidad de las experiencias agroecológicas periurbanas?

- ¿Cómo se configuran las relaciones de género en las experiencias agroecológicas periurbanas, en términos de roles diferenciados, acceso y control de recursos, participación en la toma de decisiones y niveles de autonomía económica de las mujeres?

2.3.2 Objetivo general y objetivos específicos

El objetivo general del estudio es "Analizar los alcances, tensiones y limitaciones del modelo agroecológico en contextos periurbanos de la ciudad de Santa Cruz de la Sierra, así como su potencial para contribuir al fortalecimiento de la soberanía alimentaria desde un enfoque de género y a la sostenibilidad socioeconómica y ambiental de las familias productoras". En este marco, los objetivos específicos son los siguientes:

- Identificar los alcances, tensiones y limitaciones del modelo agroecológico en experiencias periurbanas, analizando sus prácticas productivas, territoriales y de comercialización en relación con dinámicas agrícolas convencionales presentes en los territorios estudiados.
- Determinar las condiciones socioeconómicas y de mercado que inciden en la viabilidad de las experiencias agroecológicas, considerando estrategias de comercialización, relación con intermediarios, estabilidad de ingresos y articulación con circuitos cortos y mercados locales.
- Definir las formas de organización colectiva y los vínculos institucionales de las experiencias agroecológicas, identificando capacidades organizativas, modalidades de toma de decisiones, acceso a apoyo técnico y grados de autonomía frente a actores estatales, privados e intermedios.
- Revisar el marco legal, institucional y las políticas públicas que regulan, promueven o condicionan la producción y comercialización agroecológica, identificando tensiones, vacíos, mecanismos de reconocimiento y oportunidades para su desarrollo.
- Caracterizar la organización social del trabajo y las relaciones de género en las experiencias agroecológicas, identificando roles diferenciados,

desigualdades en el acceso y control de recursos, participación en la toma de decisiones y niveles de autonomía económica de las mujeres.

2.4 Marco teórico - analítico

2.4.1 Bases teóricas y sociológicas de la agroecología

El análisis de la agroecología como un paradigma de producción agrícola debe reconocerse tanto en su dimensión histórica como científica. Dentro de la primera, Susanna Hecht (1985) señala que "la ciencia y la práctica de la agroecología son tan antiguos como los orígenes de la agricultura" (En Altieri, 1999: 15). Mientras que, en términos científicos contemporáneos, autores representativos como Altieri (1999) y Gliessman (2002) la definen como "la aplicación de conceptos y principios ecológicos para el diseño y manejo de agroecosistemas sostenibles" (Altieri, 1999; Gliessman, 2002). Tanto para Altieri (1999) como Gliessman (2002), el concepto central de la teoría agroecológica es el *agroecosistema*, definido como una comunidad de plantas y animales que interactúan con sus ambientes físicos y químicos, modificados por las personas para producir alimentos, fibra o combustible (Altieri, 1999: 4; Gliessman, 2002: 24). Este sistema se regula y sostiene en base a cinco principios ecológicos fundamentales:

1. el *reciclaje de la biomasa* que busca la optimización y la disponibilidad y el flujo de nutrientes;
2. la *salud del suelo* que asegura las condiciones más favorables para la producción, mediante el manejo de la materia orgánica y el aumento de la actividad biótica;
3. la *minimización de pérdidas* mediante la reducción de fugas de energía y agua y a través del manejo de los microclimas y la cobertura del suelo;
4. la *diversificación de especies y recursos genéticos* en tiempo y espacio por medio de la adecuación de policultivos, rotaciones, agroforestería; y
5. las *sinergias* que potencian las interacciones biológicas para activar procesos como el control natural de plagas.

En principio, para Altieri (1999), la agroecología es un estudio holístico que enfatiza la interrelación de todos los componentes del sistema y la dinámica de los procesos

ecológicos, lo que la diferencia de la agronomía convencional que se enfoca en componentes aislados bajo un enfoque reduccionista. Para el autor, esta ciencia permite "ir más allá del uso de prácticas alternativas" para desarrollar sistemas con mínima dependencia de insumos agroquímicos y energéticos, permitiendo que el sistema "patrocine su propia fertilidad, productividad y protección" (Altieri, 1999: 9). Por lo tanto, la principal diferencia con la agronomía convencional es que esta ciencia se enfoca en la interrelación de todos los componentes y la dinámica compleja de los procesos ecológicos como un todo dinámico (1999: 4).

Bajo esta perspectiva, la sostenibilidad técnica, además, se vuelve insuficiente si no se protege la base humana que la sustenta y es que el autor sostiene que la sustentabilidad no es posible sin preservar la diversidad cultural que nutre a las agriculturas locales. Por lo tanto, las prácticas agrícolas tradicionales no son meros "recetarios", sino sistemas ricos en símbolos y rituales que históricamente han servido para regular el uso de la tierra y codificar el conocimiento agrario. Por lo que la agroecología actúa como una defensa contra la homogeneización cultural impuesta por la modernización industrial (Altieri, 1999: 10 - 15).

En la dimensión económica, Altieri (1999) propone un cambio de métrica, pues para el autor mientras la agronomía convencional busca maximizar el rendimiento por hectárea, los pequeños agricultores están más interesados en optimizar la productividad de los recursos escasos y reducir el riesgo (Altieri, 1999: 65). Por consiguiente, el concepto de equidad va más allá del ingreso económico puesto que la misma solo se alcanza cuando el agroecosistema satisface las demandas de alimento sin aumentar el costo social de producción y cuando la distribución de oportunidades mejora dentro de las comunidades. Además, subraya que una producción estable solo puede darse dentro de una organización social que proteja la integridad de los recursos naturales y asegure la interacción armónica de los seres humanos con su entorno (Altieri, 1999: 10).

Desde la parte técnica, Altieri (1999: 14, 95) profundiza en la idea de que los agroecosistemas deben ser "modelos análogos" de los ecosistemas naturales locales[8]. Esto implica dos pilares clave:

- Diseño Sucesional: por ejemplo, los agroecosistemas en los trópicos deben imitar la sucesión vegetal natural, sustituyendo especies silvestres por cultivos botánicamente similares con el fin de mantener una cubierta continua y evitar la degradación del suelo.
- Inmunidad del Sistema: por ejemplo, en lugar de "controlar" plagas con químicos, la técnica agroecológica busca reforzar la "inmunidad" del agroecosistema mediante el ensamblaje de una biodiversidad funcional que patrocine sus propios mecanismos de autorregulación.

Por último, el autor enfatiza, siguiendo a Norgaard (1994) y Sikor (1994), que la agroecología presenta un desafío normativo a la centralización del conocimiento. Al otorgar legitimidad al conocimiento cultural y experimental de los agricultores, se promueve una redistribución del poder en el sistema social (En Altieri, 1999: 34). Esto permite que el control del proceso productivo regrese a manos locales, protegiendo a las comunidades de la dependencia de instituciones y mercados distantes que no pueden controlar. Por lo tanto, el conocimiento tradicional ocupa un lugar tan importante como el técnico y de alguna manera lo guía mientras se beneficia de su eficiencia, maquinarias, insumos e infraestructura (Altieri, 1999: 314).

En una línea más contemporánea, Gliessman (2002: 15) señala que la agroecología ha evolucionado de ser una disciplina técnica a un enfoque complejo que integra dimensiones sociales, culturales, políticas y económicas, con lo que se define formalmente como la "aplicación de conceptos y principios ecológicos para el diseño y manejo de agroecosistemas sostenibles". Desde esta mirada, la transición agroecológica

[8] El objetivo final, para Altieri (1999), es diseñar agroecosistemas que "imiten la estructura y función de los ecosistemas naturales locales". Esto implica el fortalecimiento del "sistema inmunológico" de la granja mediante la biodiversidad funcional.

implica pasar de la eficiencia en el uso de insumos a la sustitución de estos, para finalmente alcanzar un rediseño total del agroecosistema basado en procesos ecológicos internos. Entonces, esta ciencia llega a poseer una "doble identidad" al provenir tanto del campo teórico de la ecología como de la agronomía más aplicada y social, con el objetivo de ir más allá de simples prácticas alternativas para desarrollar sistemas que "patrocinen su propia fertilidad, productividad y protección" (Gliessman, 2002: 87 - 91).

Para el autor, la parte técnica también se fundamenta en el agroecosistema como unidad de análisis, mismo que constituye un sitio de producción que trabaja como un ecosistema en su totalidad (2002: 17, 103). Un principio clave de esta configuración es que, cuanto mayor sea la similitud estructural y funcional de un agroecosistema con los ecosistemas naturales locales, mayor será su probabilidad de ser sostenible. Por consiguiente, el autor concuerda con Altieri al proponer el uso de la sucesión ecológica como modelo, puesto que afirma que el diseño agroecológico debe imitar las etapas de madurez de la naturaleza para optimizar el reciclaje de nutrientes y la estabilidad del agroecosistema (2002: 304, 251, 303).

De esta manera, la técnica agroecológica aprovecha el concepto de nicho ecológico para diseñar policultivos donde las especies no compitan, sino que coexistan o se beneficien mutuamente (2002: 190, 217). Sumado a esto, se distingue entre la energía cultural-biológica (trabajo humano y animal) y la energía cultural-industrial (combustibles fósiles), mediante las cuales los sistemas sostenibles minimizan la dependencia de esta última para reducir la entropía y la contaminación (2002: 274, 454). Por otro lado, Gliessman (2002) sostiene que la sostenibilidad es una propiedad que surge de la interacción entre los fundamentos del sistema natural y el sistema social, tales como los valores, instituciones y políticas y que, por lo tanto, no sólo debe impulsarse desde lo técnico (2002: 323, 550).

Por otro lado, Val y Rosset (2022) consideran que la agroecología no es solo técnica; sino también una ciencia con un sujeto claro y un movimiento profundamente político.

Identifican tres dimensiones inseparables: la técnico-productiva, la político-organizativa y la ontológico-epistémico-vivencial. A partir de las mismas, se entiende a la agroecología como una vía para alcanzar la soberanía alimentaria y construir procesos emancipatorios que otorguen independencia frente a los "imperios alimentarios" y el agronegocio. Al igual que Altieri, consideran que un pilar social es la revalorización del conocimiento local a partir de reconocer la "legitimidad del conocimiento cultural y experimental de los agricultores". Este proceso implica una construcción colectiva donde se desvelan "saberes sometidos" para poner la vida en el centro de la reproducción social. Esto convierte a la agroecología en un movimiento plenamente político que no solo se nutre de vertientes de la soberanía alimentaria, sino que también, por ejemplo, del feminismo campesino que reconoce a las mujeres como desarrolladoras históricas de la agricultura (Val y Rosset, 2022: 24-25).

Bajo esta mirada, el "distanciamiento" provocado por la agricultura moderna, que separa a productores de consumidores y a investigadores de campesinos, debe ser reemplazado por instituciones descentralizadas y participación popular. Por consiguiente, la agroecología transforma no sólo el modelo de producción, sino el modo de pensar y ser en el territorio y desde su rol de ciencia se convierte en un tipo de conocimiento multidimensional que vincula la técnica productiva con la organización política y la reivindicación de identidades para alcanzar la soberanía alimentaria, convirtiéndose en una "apuesta radical por la existencia, la autonomía y la vida". (2022: 10, 24). Además, los autores reivindican la agricultura como patrimonio histórico de los pueblos, destacando el rol fundamental de las mujeres como sus desarrolladoras históricas (2022: 25). Sin embargo, advierten sobre las "falsas agroecologías", con tintes más neoliberales y reformistas, que sólo sustituyen insumos químicos por orgánicos sin cambiar la lógica extractiva y degradante del modelo agroindustrial (2022: 13, 15).

Desde el punto de vista del conocimiento, para Val y Rosset, (2022: 27-31), la agroecología es una "epistemología de la praxis", puesto que actúa como un dispositivo para descorrer el velo de la división ontológica impuesta por la modernidad y la colonialidad,

permitiendo que los saberes indígenas y campesinos vuelvan al centro de la reproducción de la vida. En su dimensión profunda, la agroecología está indisolublemente ligada a la *Madre Tierra*, movilizando dimensiones espirituales y socio-afectivas que transforman al sujeto.

Mientras autores como Altieri y Gliessman proporcionan las métricas y procesos ecológicos para cuantificar la sostenibilidad técnica, como el *Índice de Productividad* o el uso equivalente de la tierra, Val y Rosset (2022) sitúan estos avances en un marco político necesario, debido a que, si la técnica no quiere ser consumida por el sistema, debe estar enraizada en movimientos sociales que busquen la recuperación del control popular sobre los territorios (Val y Rosset, 2022: 32, 35).

Retomando las bases epistemológicas de la agroecología, Gómez et al, (2015) afirman que las mismas divergen de la ciencia convencional al proponer un enfoque sistémico y holístico, mediante el que la investigación inicia con problemas reales, sin depender de una disciplina específica (Ruiz, 2006, citado en Gómez et al., 2015: 680). En este sentido, los autores definen la agroecología como la "ciencia que se ocupa del diseño y manejo de agroecosistemas sostenibles" con el fin de responder a los problemas ecológicos, económicos y sociales que dejó la Revolución Verde[9].

Además, los autores identifican dos tendencias técnicas claras en el desarrollo de la agroecología como ciencia: 1) la "agroecología dura", de corte físico-analítico, cuantitativo y objetivista, donde el científico se ve como externo al sistema; y 2) la "agroecología blanda", que busca comprender los vínculos entre las prácticas humanas y las dinámicas biofísicas de forma participativa, incluyendo "conocimiento cultural y experiencias humanas". Para los autores, el pensamiento agroecológico debería entrar en la segunda categoría, sin embargo, aún debe abrirse a un "pluralismo epistemológico

[9] Pese a su éxito productivo, la Revolución Verde es el origen de los problemas que la agroecología busca resolver hoy:
- Degradación del suelo: Pérdida de fertilidad natural debido al uso de químicos.
- Pérdida de biodiversidad: Desaparición de miles de variedades de semillas nativas.
- Dependencia económica: Los agricultores pasaron a depender de la compra externa de semillas y fertilizantes.

para la producción de conocimiento agrario". En esta línea, cuestionan si la incorporación del saber tradicional es meramente instrumental o epistemológica y proponen que la investigación agroecológica debe "iniciar con problemas reales, definiéndolos sin depender de una disciplina específica para su solución (Ruiz-Rosado citado en Gómez et al., 2015: 681).

En este escenario, Lugo (2019: 48) identifica una tensión crítica entre lo que él llama la "agronomía ecologizada" y las "agroecologías otras". Sostiene que la agroecología occidentalizada ha sido cooptada por la racionalidad moderna, cosificando las agriculturas diferentes al sistema (Lugo Perea, 2019: 75). Para el autor, la teoría agroecológica establece que el manejo debe basarse en principios biológicos que permitan al sistema patrocinar su propia fertilidad y protección. Señala, además, que la agroecología "emergió", precisamente, como una postura radical frente a esta hegemonía de poder de origen colonial. No obstante, afirma que, aunque nació como una propuesta crítica y contrahegemónica, acabó constituyéndose como ciencia y práctica "dentro de los presupuestos" de la racionalidad moderna occidental, en vez de incluirse dentro de las "agriculturas otras" o agriculturas disidentes a ese sistema (Lugo, 2019: 2, 9-10).

Sumado a esto, el autor ve la transición agroecológica como un "protocolo técnico que orienta la transformación de los sistemas convencionales", pero advierte que a menudo se limita a una "racionalidad técnico-instrumental" que busca la sostenibilidad sin cuestionar la lógica de mercado (2019: 69-70). Argumenta que la agroecología occidentalizada puede reproducir la "colonialidad del poder, del saber, del ser y de la naturaleza". Como señala el autor, esta visión no busca generar verdades universales, sino comprender los "mundos agri-culturales" como espacios donde convergen ritualidades, espiritualidades y nuevas prácticas de intersubjetividad que van más allá de la racionalidad moderna (2019: 105 - 119).

La principal discrepancia de Lugo (2019) ante Altieri y Gliessman nace, entonces, de la concepción e importancia que se le brinda al enfoque de agroecosistemas, el "más

prominente" desde los años ochenta, puesto que para el autor esta categoría es errónea y contradice los mandatos ya no sólo técnicos de la agroecología, sino también políticos. A su vez, el autor afirma que este concepto constituye un "constructo racional moderno" que define, describe y reduce a las agriculturas como una cosa con atributos y funcionalidades que pueden ser comprendidas paradigmáticamente" (2019: 75). De esta manera, al ser visto como un "trozo de naturaleza", se despoja de la subjetividad de quienes lo habitan y ahí deja de incluir los conocimientos y formas de organización y tenencia de los recursos de quienes realmente impulsan el modelo agroecológico.

2.4.2 Agroecología como modelo analítico multidimensional

La agroecología emerge como una respuesta crítica a la crisis estructural del modelo agroindustrial impulsado por la Revolución Verde, cuestionando tanto su base técnico-productiva como sus implicaciones sociales, económicas y políticas (Altieri, 1999; Gliessman, 2002). Desde esta perspectiva, es entendida como un modelo analítico multidimensional que articula dimensiones productivas, territoriales, socioeconómicas, organizativas, institucionales y de género (Altieri, 1999; Gliessman, 2002; Gómez et al., 2015). Por lo tanto, más que un paquete tecnológico, la agroecología se convierte en un enfoque sistémico que integra principios ecológicos con procesos sociales y territoriales, orientado a la sostenibilidad de la vida y no así a la maximización de rendimientos de corto plazo.

En este sentido, termina por constituirse simultáneamente en una ciencia, un conjunto de prácticas y un movimiento social en disputa (Altieri, 1999; Val y Rosset, 2022). Sobre esta base, el análisis de la aplicación de este modelo en el proceso de transición de un sistema productivo convencional a uno ecológico adopta cinco dimensiones interrelacionadas —productivo–territorial, socioeconómica y de mercado, organizativa, institucional y de género— que permiten comprender la viabilidad, tensiones y límites del mismo.

Dimensión productiva - territorial

La dimensión productiva–territorial de la agroecología constituye el núcleo técnico, ecológico y espacial donde se materializan los principios agroecológicos y se configuran las condiciones concretas de viabilidad de los sistemas productivos. Esta dimensión se centra en el agroecosistema como unidad de análisis, entendido como un sitio de producción agrícola concebido como un ecosistema en su totalidad (Gliessman, 2002: 17), es decir, como una comunidad de plantas, animales y microorganismos que interactúan entre sí y con su ambiente físico y químico, modificados históricamente por la acción humana para la producción de alimentos y fibras.

Desde esta manera, el manejo productivo agroecológico no se basa en la aplicación de "recetas técnicas" estandarizadas, sino en principios ecológicos orientados a que el sistema patrocine su propia fertilidad, productividad y protección. Ello implica el fortalecimiento de procesos ecológicos fundamentales —como el reciclaje de biomasa, la optimización del flujo de nutrientes y el estímulo de la actividad biótica del suelo— que permiten sostener condiciones favorables para el crecimiento vegetal sin una dependencia estructural de insumos externos.

Un eje central de esta dimensión es la diversidad productiva, entendida tanto en términos espaciales como temporales. La diversificación de especies y recursos genéticos busca reproducir el "mimetismo de la naturaleza", de modo que el diseño de los sistemas agrícolas imite la estructura y función de los ecosistemas naturales locales. En este sentido, la presencia de policultivos, cultivos intercalados, huertos diversificados y sistemas agroforestales no solo incrementa la eficiencia en el uso de recursos como la luz, el agua y los nutrientes, sino que también contribuye a la estabilidad productiva percibida por las y los productores (Gliessman, 2002: 190, 775; Altieri, 1999: 11).

De esta manera, la bio-diversificación se convierte en la estrategia técnica principal para restaurar la autorregulación de los agroecosistemas y es desarrollada por medio de prácticas como las rotaciones de cultivos interrumpen los ciclos de plagas y enfermedades y mejoran la fertilidad del suelo (Altieri, 1999: 10 - 11); mientras que los

sistemas agroforestales integran árboles, cultivos y/o animales, generando microclimas favorables, protegiendo el suelo y facilitando el bombeo de nutrientes desde capas profundas. A su vez, el uso de cultivos de cobertura orgánica contribuye a la conservación de la humedad, la reducción de la erosión y el incremento de la materia orgánica del suelo.

Estos arreglos productivos se articulan con el manejo ecológico del sistema, orientado a minimizar el uso de agroquímicos y a reducir la dependencia de insumos externos mediante el fortalecimiento de sinergias biológicas, como el control natural de plagas. Desde esta mirada, los problemas productivos no son concebidos como factores aislados que deben ser "superados" mediante tecnología externa, sino como síntomas de desequilibrios sistémicos. El objetivo es, por tanto, el desarrollo de sistemas con alta dependencia de las interacciones ecológicas y mínima dependencia de insumos externos, capaces de sostener su fertilidad, productividad y protección en el tiempo (Altieri, 1999).

Es así que el manejo técnico agroecológico se sustenta en la optimización de procesos fundamentales que ocurren en la naturaleza (Altieri, 1999: 54; Gliessman, 2002: 650), tales como:

- el flujo de energía, orientado a maximizar la captura de energía solar y a reducir la dependencia de la "energía cultural-industrial" basada en combustibles fósiles, priorizando el trabajo humano y animal como fuentes renovables.
- el ciclaje de nutrientes, que busca cerrar los ciclos de materiales mediante el reciclaje de biomasa, el uso de leguminosas fijadoras de nitrógeno y la actividad biológica del suelo, en contraposición a los sistemas agrícolas abiertos de carácter industrial;
- la regulación biótica, basada en el fortalecimiento de la "inmunidad" del agroecosistema a través de la biodiversidad funcional (depredadores, parásitos y antagonistas);

- los procesos sucesionales, que permiten diseñar sistemas productivos que evolucionan hacia estados de mayor madurez ecológica y estabilidad, imitando la dinámica de los ecosistemas naturales locales.

No obstante, la dimensión productiva–territorial no se limita al manejo técnico de la parcela. La agroecología incorpora una comprensión ampliada del territorio como un entramado de relaciones ecológicas, sociales y espaciales que condicionan las prácticas productivas. En este sentido, el manejo a nivel de paisaje adquiere un rol central, promoviendo la conformación de una "colcha de agroecosistemas" que integre fragmentos de vegetación natural, cercos vivos y corredores biológicos, contribuyendo tanto a la conservación de la biodiversidad como a la funcionalidad productiva (Altieri, 1999; Gliessman, 2002: 985).

Asimismo, el establecimiento de zonas de amortiguamiento mediante bordes con vegetación natural cumple una doble función: atraer organismos benéficos y proteger a los ecosistemas adyacentes de los impactos de la actividad agrícola (Gliessman, 2002: 993 - 998). Estas prácticas revelan que la configuración de los espacios agroecológicos está estrechamente vinculada a condiciones territoriales más amplias, como la fragmentación del suelo, la presión urbana, los conflictos por el uso del suelo y la disponibilidad y control del agua.

Desde esta perspectiva, el acceso a la tierra y a otros recursos productivos, se convierte en un elemento estructurante de la viabilidad agroecológica. En contextos periurbanos, estas condiciones se ven atravesadas por dinámicas de expansión urbana, encarecimiento del suelo y reconfiguración de los usos del territorio, lo que incide directamente en la estabilidad productiva y en las posibilidades de sostener prácticas agroecológicas en el tiempo.

El análisis específico del elemento territorial dentro de esta dimensión también incorpora aspectos logísticos y espaciales vinculados a la localización de las unidades productivas, como la cercanía a mercados urbanos, las condiciones de transporte y la presión urbana sobre los espacios agrícolas. Estos factores no solo afectan los costos y tiempos de

comercialización, sino que también influyen en las decisiones productivas y en la organización del trabajo, configurando oportunidades y límites específicos para la transición agroecológica.

En este marco, la transición agroecológica está influida por el proceso de re-territorialización, que implica la recuperación tanto material como simbólica del territorio, fortaleciendo el sentido de pertenencia, la autonomía productiva y la capacidad de las familias y organizaciones para resistir la lógica mercantilista dominante (Anderson et al., 2019; Val y Rosset, 2022: 26). En conclusión, la dimensión productiva–territorial articula prácticas técnicas, condiciones ecológicas y configuraciones espaciales, constituyéndose en un eje central para analizar la viabilidad, tensiones y límites de las experiencias agroecológicas en contextos periurbanos.

Dimensión socioeconómica y de mercado

La dimensión socioeconómica y de mercado de la agroecología se inscribe en una crítica estructural al modelo agroindustrial dominante, al proponer un tránsito desde relaciones de dependencia económica y tecnológica hacia formas de mayor autonomía productiva, comercial y productiva. Desde esta perspectiva, la agroecología prioriza la reducción de costos mediante el uso de recursos internos y el aprovechamiento de ciclos ecológicos, disminuyendo la dependencia de insumos externos y la exposición a dinámicas de endeudamiento. En términos económicos, este enfoque se distancia de la lógica de maximización de rendimientos a corto plazo, propia del paradigma productivista, para centrarse en la optimización del uso de recursos escasos, la estabilidad de los sistemas productivos y la resiliencia frente a riesgos ambientales y de mercado (Altieri, 1999: 65; Gliessman, 2002: 306).

En el plano del mercado, la agroecología promueve estrategias que buscan descentrar la mercantilización de las relaciones sociales y productivas, revalorizando circuitos cortos de comercialización, como ferias locales, mercados campesinos y otras formas de intercambio directo entre productores y consumidores (Val y Rosset, 2022; Llanque et al., 2018: 126). Estas estrategias no solo permiten mejorar la captación de valor por parte

de las familias productoras, sino que también refuerzan vínculos sociales, identitarios y territoriales, fundamentales para la reproducción de la vida en contextos de presión urbana y transformación territorial.

Asimismo, esta dimensión incorpora una mirada ampliada de la economía que visibiliza actividades no plenamente monetarizadas, como la producción para el autoconsumo, el intercambio de semillas y la reproducción cotidiana de la vida, elementos centrales para la sostenibilidad económica y social de los sistemas agroecológicos. En este sentido, la agroecología plantea un cambio de paradigma económico, en el cual la actividad productiva deja de orientarse prioritariamente a la acumulación de capital para situarse en función de la sustentabilidad de la vida y la autonomía de las comunidades (Val y Rosset, 2022).

En este marco, esta dimensión incluye tres ejes centrales para el análisis: 1) la racionalidad económica que orienta la producción, 2) las estrategias de comercialización y 3) la visibilización de la economía del cuidado; los cuales se operacionalizan mediante variables e indicadores específicos. En primer lugar, la racionalidad económica de los sistemas agroecológicos se expresa en la tensión entre valor de uso y valor de cambio. La agroecología emancipatoria busca desplazar la centralidad del mercado como único organizador de la vida económica, promoviendo formas de organización basadas en valores comunitarios de cooperación, reciprocidad y solidaridad (Val y Rosset, 2022). Desde una concepción sustantiva de la economía, esta perspectiva reconoce como económicas todas aquellas actividades necesarias para la reproducción y el mantenimiento de la vida, tanto en la esfera monetaria como en la no monetaria (Zuluaga, 2018). En este sentido, la producción destinada al autoconsumo adquiere un rol estratégico, al fortalecer la autonomía frente a las fluctuaciones de los precios y las crisis del mercado global.

En segundo lugar, las estrategias de comercialización constituyen un eje clave para comprender la viabilidad socioeconómica de las experiencias agroecológicas. Frente al dominio de los denominados “imperios alimentarios”, la agroecología impulsa la

construcción de canales de comercialización alternativos que reduzcan o eliminen la intermediación, reconectando directamente a productores y consumidores (Altieri, 1999; Val y Rosset, 2022). Un ejemplo claro de esto, son las ferias locales o BioFerias/EcoFerias que se configuran como espacios de diferenciación simbólica y económica, donde los productos agroecológicos son valorados por su carácter saludable, natural y culturalmente situado (Llanque et al., 2018; Dorrego, 2018). Estos espacios permiten, además, una mayor capacidad de fijación de precios y reconocimiento social, particularmente para las mujeres productoras, quienes asumen un rol protagónico en la comercialización (Dorrego, 2018; Llanque et al., 2018).

Otras modalidades, como la venta directa "puerta a puerta" o el abastecimiento a mercados campesinos urbanos, contribuyen a que una mayor proporción del valor agregado permanezca en manos de la familia rural, fortaleciendo la estabilidad económica del hogar (Llanque et al., 2018: 153; Zuluaga, 2018: 47). Por último, todo esto se encuentra directamente ligado al tercer y último eje sobre la visibilización de la economía del cuidado, que reconoce y valora trabajos históricamente invisibilizados por el mercado convencional, como las tareas reproductivas, el cuidado, la gestión del autoconsumo y la conservación de semillas, fundamentales para la sostenibilidad de los sistemas agroecológicos.

Dimensión Organizativa

La dimensión organizativa de la agroecología aborda las formas colectivas de acción, coordinación y toma de decisiones que sustentan las transiciones agroecológicas y permiten disputar la lógica individualista y mercantil impuesta por el modelo agroindustrial dominante. La agroecología se fortalece a través de la organización colectiva y la creación de redes de apoyo mutuo que revalorizan la cooperación, la solidaridad y la acción colectiva como pilares de la reproducción social y productiva (Val y Rosset, 2022: 25). Dentro este marco, las organizaciones o asociaciones agroecológicas no se constituyen únicamente como mecanismos funcionales para la inserción en el mercado, sino como espacios políticos y sociales donde se construyen sujetos colectivos

capaces de recuperar el control sobre los procesos productivos, comerciales y territoriales (Siliprandi, 2010; Val y Rosset, 2022: 32). La asociación de productores se convierte así en una dimensión estratégica para disputar relaciones de poder, fortalecer la autonomía campesina y sostener prácticas productivas alternativas al agronegocio.

Un rasgo central de esta dimensión es la participación asociativa, entendida como el grado de involucramiento de los productores y productoras en asociaciones, redes o cooperativas agroecológicas, así como la antigüedad y estabilidad de estas formas organizativas (Val y Rosset, 2022: 25). La toma de decisiones constituye un indicador clave de esta dimensión, puesto que, a diferencia de los esquemas empresariales verticales, la agroecología promueve mecanismos colectivos —formales e informales— de deliberación, donde las decisiones productivas, económicas y organizativas se construyen de manera compartida. No obstante, este proceso no está exento de tensiones, particularmente en contextos atravesados por desigualdades de género, edad o acceso diferencial a recursos, pero representa un espacio central de aprendizaje político y fortalecimiento organizativo (Siliprandi, 2010).

Un componente metodológico fundamental de esta dimensión es la estrategia de difusión horizontal del conocimiento, particularmente a través del enfoque de *campesino a campesino* (o productor a productor). Esta metodología reconoce a los agricultores como sujetos activos de experimentación e innovación, capaces de generar y transmitir conocimientos técnicos adaptados a sus contextos locales (Altieri, 1999; Val y Rosset, 2022). La agroecología valora los saberes locales como legítimos y fundamentales para la investigación aplicada y la transformación de los sistemas productivos (Altieri, 1999: 31).

Por otro lado, la articulación con actores externos también forma parte de esta dimensión, debido a que las asociaciones agroecológicas establecen vínculos con diversos tipos de instituciones tales como las Organizaciones No Gubernamentales, las instituciones públicas, las universidades e, incluso, los movimientos sociales, con el fin de facilitar el acceso a asistencia técnica, formación, recursos materiales y espacios de

incidencia política (Altieri, 1999: 42; Siliprandi, 2010). No obstante, la agroecología enfatiza la importancia de mantener la autonomía organizativa frente a estos actores, evitando relaciones de dependencia que reproduzcan lógicas de subordinación técnica o institucional.

En síntesis, la dimensión organizativa de la agroecología permite analizar cómo las asociaciones agroecológicas construyen formas de participación, toma de decisiones, acceso a apoyo técnico y vínculos institucionales y comerciales, así como los grados de autonomía que logran sostener en estos procesos. Esta dimensión resulta central para comprender la viabilidad social y política de las transiciones agroecológicas, más allá de sus componentes estrictamente técnicos o productivos.

Dimensión Institucional

La dimensión institucional de la agroecología se enfoca en el entramado de normas, políticas públicas y programas estatales que inciden en las condiciones de posibilidad de las transiciones agroecológicas. Esta dimensión no se limita a la existencia formal de marcos normativos favorables, sino que analiza críticamente las relaciones de poder, los mecanismos de implementación y las disputas por el sentido de la agroecología en el campo de las políticas públicas (Altieri, 1999; Val y Rosset, 2022).

Desde una perspectiva crítica, diversos autores advierten que la institucionalización de la agroecología puede convertirse en un proceso ambivalente. Por un lado, puede generar condiciones habilitantes —como acceso a recursos, reconocimiento legal y apoyo técnico—; pero, por otro, entraña el riesgo de cooptación por parte de enfoques reformistas o neoliberales que reducen la agroecología a un conjunto de prácticas técnicas con la etiqueta de "verdes", sin cuestionar las estructuras de poder, concentración de la tierra y dependencia del mercado que caracterizan al modelo agroindustrial dominante (Val y Rosset, 2022: 11–12).

En este sentido, la relación de las asociaciones agroecológicas con las políticas públicas constituye un eje central de análisis. El conocimiento, apropiación e interacción con normativas, programas y planes estatales no se traduce automáticamente en el

fortalecimiento organizativo o la autonomía productiva, sino en la evidencia de que muchas políticas agrícolas continúan priorizando el agronegocio y la expansión productiva a gran escala, relegando a la agricultura familiar y agroecológica a programas marginales, de corto alcance o con altos requisitos burocráticos (Altieri, 1999; Llambí, 2000). El acceso efectivo a programas públicos y apoyos institucionales —financiamiento, asistencia técnica, infraestructura, certificación o compras públicas— se configura, así, como un campo de tensiones.

Zuluaga et al. (2018) señalan que las barreras administrativas, la falta de adecuación territorial de los programas y la escasa articulación interinstitucional limitan la participación de pequeños productores agroecológicos, reproduciendo desigualdades estructurales en el acceso a recursos. En este marco, otro componente clave de esta dimensión es el reconocimiento y la validación institucional de las prácticas agroecológicas. Un ejemplo de esto son los llamados Sistemas Participativos de Garantía (SPG) y otros mecanismos alternativos de certificación que emergen como respuestas frente a los modelos de certificación convencional, que suelen ser costosos, excluyentes y funcionales a mercados especializados (Val y Rosset, 2022: 25). Estos dispositivos no solo cumplen una función técnica, sino que refuerzan la legitimidad social de las asociaciones agroecológicas, fortalecen la confianza con los consumidores y consolidan procesos organizativos basados en el control colectivo y la corresponsabilidad.

Asimismo, la dimensión institucional incluye el rol de universidades, centros de investigación y ONG en la producción y validación del conocimiento. Altieri (1999: 34) subraya que la agroecología exige una transformación profunda de las formas tradicionales de investigación y extensión rural, superando la lógica vertical y tecnocrática. En esta línea, Gómez et al. (2015) plantean la investigación participativa como un enfoque indispensable, donde el científico deja de ser un observador externo para convertirse en un actor comprometido con la resolución de problemas concretos, reconociendo los saberes locales como conocimientos válidos y estratégicos para la coevolución social y ecológica. No obstante, Lugo Perea (2019: 88–89) advierte que

incluso la agroecología académica puede reproducir formas de colonialidad del poder si no cuestiona sus propios marcos epistemológicos y territoriales. Por ello, la dimensión institucional debe ser analizada como un espacio de disputa permanente, donde se enfrentan proyectos antagónicos: uno orientado a la mercantilización y tecnificación "verde" de la agroecología, y otro centrado en la autonomía, la justicia social y el control popular de los territorios (Val y Rosset, 2022: 11).

En suma, la dimensión institucional permite evaluar en qué medida las asociaciones agroecológicas logran interactuar con el Estado y otros actores institucionales sin perder autonomía, cómo enfrentan las barreras y oportunidades de los programas públicos, y qué mecanismos de reconocimiento y validación contribuyen o limitan la sostenibilidad social, organizativa y territorial de las transiciones agroecológicas.

Dimensión de Género

La dimensión de género de la agroecología constituye un eje estructurante de este modelo, en tanto permite visibilizar y problematizar las diferencias y brechas existentes entre mujeres y hombres en el ámbito productivo (Papuccio, 2007). La agroecología no sólo cuestiona el modelo productivo dominante, sino también la organización social del trabajo que sostiene dicho modelo, denunciando la división sexual del trabajo y la sistemática invisibilización de las tareas reproductivas y de cuidado asumidas mayoritariamente por las mujeres, a pesar de ser imprescindibles para la reproducción material y social de las familias productoras (Zuluaga et al., 2018; Siliprandi, 2018).

En este sentido, esta dimensión examina, en primer lugar, la organización social del trabajo, atendiendo a la distribución diferenciada de tareas productivas, reproductivas y comunitarias, así como a la carga de trabajo percibida por mujeres y hombres. La agroecología pone en cuestión la naturalización de estas desigualdades, señalando que la modernización agrícola ha reforzado la figura masculina como principal "productor" y "jefe de familia", relegando muchas veces a las mujeres a roles secundarios o de "ayuda", pese a su rol central en la producción de alimentos y el manejo de la biodiversidad (Zuluaga et al., 2018).

En segundo lugar, la dimensión de género aborda el acceso diferenciado y el control de recursos productivos y mercados, uno de los principales obstáculos para una transición agroecológica real. A pesar de que las mujeres producen cerca del 70 % de los alimentos de consumo directo a nivel global, solo poseen alrededor del 1 % de la tierra agrícola, lo que limita su autonomía económica y su capacidad de decisión. En contextos como Bolivia, la falta de titularidad de la tierra restringe además su acceso a créditos, programas públicos y apoyos institucionales, profundizando su exclusión de los espacios formales de decisión productiva y comercial (Llanque et al., 2018: 446).

En tercer lugar, esta dimensión analiza la participación de las mujeres en los espacios de decisión, tanto en el ámbito familiar como organizativo y comunitario. La agroecología cuestiona las jerarquías de poder que limitan la presencia femenina en cargos organizativos y procesos de toma de decisiones, proponiendo una transformación profunda de las relaciones sociales (Papuccio, 2018; Siliprandi, 2010). Siguiendo a Papuccio (2007), la agroecología con enfoque de género distingue entre necesidades prácticas —relacionadas con la satisfacción inmediata de alimentos, salud y bienestar— y necesidades estratégicas, vinculadas a la transformación de la división sexual del trabajo, el acceso al poder y la autonomía económica. La transición agroecológica solo puede considerarse efectiva cuando atiende simultáneamente ambas dimensiones, permitiendo que las mujeres no sean únicamente beneficiarias del proceso, sino protagonistas activas y agentes de cambio político (Siliprandi, 2010). En este sentido, el enfoque de género en la agroecología no se limita a una mirada distributiva, sino que propone una reconfiguración profunda de las relaciones de poder, del conocimiento y del sentido mismo de la sustentabilidad.

3. Metodología

La presente investigación parte de concepción de la agroecología como un modelo analítico multidimensional que se expresa en prácticas productivas, arreglos organizativos y vínculos socioeconómicos específicos. En consecuencia, el estudio

delimita su objeto de análisis a experiencias que manifiestan, en distintos grados, principios agroecológicos en los ámbitos productivo–ambiental, organizativo, socioeconómico e institucional. Esta aproximación permite comprender las transiciones agroecológicas como procesos situados y diferenciados, condicionados por dinámicas territoriales, organizativas, institucionales y de género, sin asumir una definición homogénea, cerrada o normativa del modelo agroecológico.

Asimismo, tiene un enfoque *cualitativo – exploratorio*, además de *comparativo*, que permite el análisis de las transiciones agroecológicas como procesos sociales, territoriales e institucionales situados. Se debe aclarar que la investigación no evalúa el desempeño técnico-agronómico de las experiencias agroecológicas, sino que analiza las prácticas, percepciones y decisiones de los actores involucrados en la producción, organización y comercialización agroecológica. En consecuencia, las dimensiones productivas son abordadas desde una perspectiva sociológica, a partir de los relatos y prácticas de los productores, sin recurrir a mediciones directas de variables biofísicas como suelos, rendimientos o biodiversidad.

El principal método de análisis del estudio es el *exploratorio–analítico* que está orientado a examinar las dimensiones socioeconómicas, productivo–ambientales, organizativas e institucionales que caracterizan a las experiencias agroecológicas estudiadas, a partir de la reconstrucción de trayectorias, prácticas y percepciones de los distintos actores involucrados. El análisis se orienta a explorar cómo estas dimensiones se articulan en contextos territoriales específicos y cómo contribuyen —o limitan— los procesos de transición agroecológica (Hernández Sampieri et al., 2014).

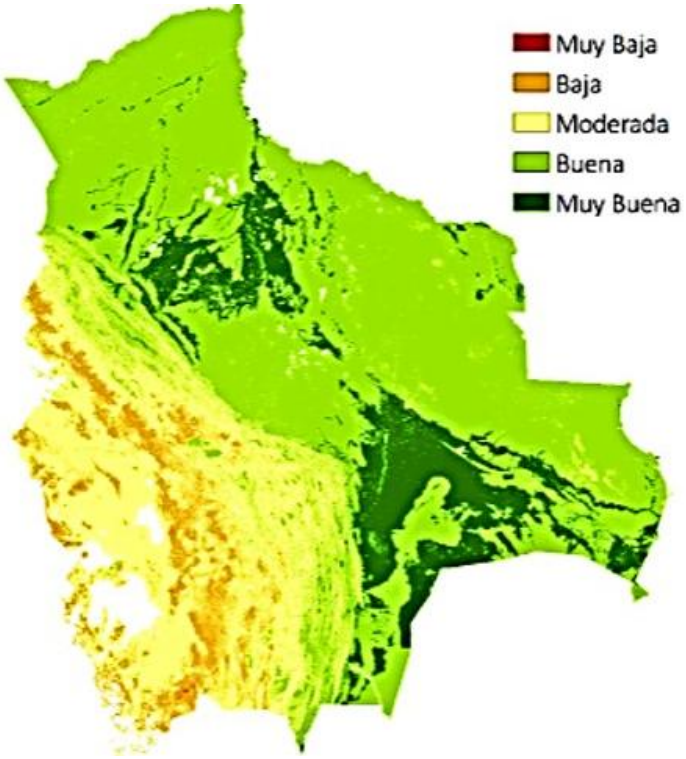
A la par, se emplea un *método comparativo* (Ragin, 2014; Collier, 1993) que permite analizar similitudes y diferencias entre las distintas experiencias agroecológicas analizadas, tomando en cuenta los distintos tipos de experiencias o estado de transición agroecológica en el que se encuentran, arreglos organizativos y prácticas agroecológicas presentes en el territorio, con el objetivo de identificar tensiones, convergencias y factores condicionantes asociados a las dinámicas productivas, a las condiciones

ecológicas tal como son percibidas y gestionadas por los actores, y a los marcos institucionales que inciden en dichas experiencias. Para esto, el análisis comparativo se estructurará a partir de las cinco dimensiones analíticas definidas en el marco teórico: i) productivo–territorial, ii) socioeconómica, iii) organizativa, iv) institucional y v) de género

Entre los dos enfoques principales de análisis del estudio, se incluirá en principio el *enfoque de soberanía alimentaria* como un marco de análisis presente tanto en las políticas públicas como en los relatos y prácticas de los actores involucrados en las experiencias agroecológicas. Desde esta perspectiva, la soberanía alimentaria constituye un marco analítico transversal de carácter interpretativo, que permite situar el modelo agroecológico en el contexto normativo, institucional y político boliviano, sin asumirla como un resultado automático en la conformación de las experiencias agroecológicas. El segundo enfoque transversal será el *enfoque de género*, empleado como una herramienta analítica orientada a comprender los roles productivos y organizativos de los miembros de las asociaciones desde la división de roles y tipos de participación en los distintos espacios y niveles de producción.

En este marco, el estudio se basa en un estudio de caso múltiple de experiencias agroecológicas organizadas en contextos periurbanos de los municipios de Santa Cruz de la Sierra, entendidos como espacios de transición entre lo rural y lo urbano, caracterizados por heterogeneidad social, movilidad territorial y fuerte articulación con mercados urbanos. La elección de este territorio se debe a que el departamento de Santa Cruz presenta una de las zonas más aptas para el desarrollo del modelo agroecológico, como lo muestra el Gráfico 1, aunque con grandes fricciones con respecto a la expansión del modelo de agronegocio, por lo que se selección para el estudio responde a su cualidad para evidenciar tanto el desarrollo del modelo por medio de experiencias en distintos momentos de transición, así como a las limitaciones que enfrentan las mismas frente al modelo dominante y la constitución y organización del territorio.

Gráfico 1. Aptitud agroecológica de Bolivia[10]



Fuente: Zonificación Agroecológica (ZAE) para Bolivia – Choque et al, 2023.

Dada la elevada heterogeneidad socio-cultural que caracteriza a los contextos periurbanos del área metropolitana de Santa Cruz de la Sierra, el estudio no se propone capturar de manera exhaustiva la diversidad territorial existente, sino analizarla de forma situada a través de experiencias agroecológicas organizadas. Estas experiencias operan como recortes analíticos que condensan trayectorias sociales, productivas y culturales diversas, permitiendo abordar la complejidad de lo periurbano mediante un enfoque comparativo que privilegia la profundidad analítica por sobre la cobertura territorial.

1.1 Universo de estudio y unidad de análisis

[10] El mapa de aptitud agroecológica se utiliza exclusivamente como insumo contextual para la caracterización del territorio periurbano, y no como herramienta de medición técnica o comparativa del desempeño productivo de las iniciativas agroecológicas.

El universo empírico del estudio está constituido por experiencias agroecológicas organizadas, identificadas a través de asociaciones de productores, redes organizativas, ferias agroecológicas y circuitos cortos de comercialización que operan en el área metropolitana de Santa Cruz de la Sierra. La unidad central de análisis no es la comunidad rural en sentido administrativo, sino dichas experiencias organizadas, entendidas como configuraciones sociales que articulan actores, prácticas productivas, arreglos organizativos y vínculos de mercado.

Esta decisión responde a un enfoque socio-territorial que concibe la peri-urbanidad no como una categoría espacial fija, sino como una condición relacional y procesual, definida por la articulación funcional con los mercados urbanos, la presión sobre el acceso a la tierra y la movilidad territorial de los productores. Dado que en contextos metropolitanos las asociaciones agroecológicas suelen agrupar productores provenientes de distintos municipios y espacios rurales y periurbanos, el territorio se incorpora al análisis de manera relacional, a partir de la inserción efectiva de los productores en las organizaciones y en los espacios de comercialización, más que mediante una delimitación administrativa previa.

Como se ha mencionado anteriormente, el modelo agroecológico y su proceso de transición es operacionalizado a partir de un conjunto de dimensiones analíticas derivadas del estado del arte y coherentes con el enfoque sociológico y el diseño exploratorio–comparativo de la investigación. Estas dimensiones permiten analizar las transiciones agroecológicas como procesos socio-territoriales situados, incorporando de manera transversal los enfoques de género y soberanía alimentaria. La Tabla 1 presenta las principales dimensiones, variables e indicadores analíticos que orientan la recolección y el análisis de la información empírica.

Tabla 1. Dimensiones, variables e indicadores del estudio

Dimensión analítica	Variables	Indicadores
Productivo–territorial	Diversidad productiva	Tipos de cultivos y sistemas productivos; presencia de policultivos, huertos y/o sistemas agroforestales; percepción de estabilidad productiva
	Uso de insumos externos	Uso/no uso de agroquímicos; tipo de semillas (nativas, criollas, comerciales); dependencia de insumos externos
	Manejo ecológico del sistema	Prácticas de fertilización orgánica; rotación y asociación de cultivos; prácticas percibidas de conservación de suelo y biodiversidad
	Condiciones de acceso a tierra y otros recursos	Tenencia, fragmentación de la tierra, presión urbana, disponibilidad y control del agua, condiciones de acceso a tierra y otros recursos.
	Configuración de los espacios agroecológicos	Logística de transporte, cercanía a mercados urbanos, presión urbana, conflictos por uso del suelo
Socioeconómica y de mercado	Estrategias de comercialización	Canales de venta (ferias, mercados locales, venta directa, intermediarios); articulación con circuitos cortos
	Relación con intermediarios	Grado de dependencia percibida; capacidad de negociación; alternativas organizadas de comercialización
	Estabilidad percibida y destino de los ingresos	Combinación autoconsumo–venta; percepción de precios justos; regularidad de ingresos derivados de la actividad agroecológica
Organizativa	Participación asociativa	Tipo de organización (asociación, red, cooperativa); antigüedad; grado de involucramiento de los miembros

	Toma de decisiones	Mecanismos formales e informales de decisión; participación diferenciada por género
	Acceso a apoyo técnico	Presencia de asistencia técnica; rol de ONG, instituciones públicas u organizaciones sociales; valoración del acompañamiento
	Vínculos institucionales y comerciales	Relaciones con instituciones públicas, ONGs y programas de apoyo vinculados a la agroecología; vínculos con intermediarios, ferias y circuitos de comercialización agroecológica
Institucional	Relación con políticas públicas	Conocimiento de normativas y programas; interacción con instituciones estatales
	Acceso a programas y apoyos	Participación en programas públicos; percepción de barreras y facilitadores institucionales
	Reconocimiento y validación	Uso de SPG u otros mecanismos de reconocimiento; percepción de legitimidad institucional
Género	Organización social del trabajo	Distribución de tareas productivas y reproductivas; carga de trabajo percibida por mujeres y hombres
	Acceso diferenciado y control de recursos y mercados	Control sobre ingresos; acceso a tierra, insumos y capacitación; autonomía económica
	Participación en espacios de decisión	Presencia de mujeres en cargos organizativos; participación en decisiones productivas y comerciales

Fuente: Elaboración propia.

Debido a que el estudio no tiene como objetivo la evaluación técnica del desempeño agronómico, no se contemplan mediciones directas de variables biofísicas tales como

calidad de suelos, semillas o uso de insumos. Estas dimensiones serán consideradas únicamente en tanto forman parte del contexto de las prácticas agroecológicas, a partir de los discursos de los productores, documentos técnicos existentes y fuentes secundarias, sin constituir indicadores técnicos de rendimiento o eficiencia productiva.

El territorio es abordado como una dimensión estructurante que condiciona las posibilidades, límites y trayectorias de las transiciones agroecológicas, más que como una variable técnica de aptitud productiva. El estudio no busca identificar territorios "aptos" o "no aptos" para la agroecología, sino analizar cómo determinadas configuraciones territoriales, en interacción con factores productivos, organizativos, institucionales y socioeconómicos, influyen en el grado de avance, consolidación o limitación de las transiciones agroecológicas de los productores.

1.2 Criterios de selección de los casos

La selección de las experiencias agroecológicas responde a un muestreo intencional y comparativo, orientado a captar la diversidad de trayectorias productivas, organizativas e institucionales presentes en los contextos periurbanos de los dos municipios incluidos. De esta manera, los criterios de selección incluyen:

- Autoidentificación como experiencias agroecológicas o en transición hacia prácticas agroecológicas.
- Inserción en circuitos de comercialización vinculados a mercados urbanos o circuitos cortos.
- Presencia de trayectorias diferenciadas en términos de consolidación del modelo agroecológico (experiencias incipientes, intermedias y más consolidadas).

Asimismo, la heterogeneidad socio-cultural característica de las áreas periurbanas es asumida como un criterio analítico central, priorizando experiencias que expresen configuraciones territoriales, organizativas y sociales diversas. En este marco, la población de estudio comprende cuatro grupos de actores: i) expertos pertenecientes a instituciones que trabajan en el campo de la agroecología; ii) técnicos vinculados a proyectos de agroecología y comercialización alternativa; iii) productores y productoras

agroecológicos, incluyendo referentes con roles de liderazgo organizativo; y iv) intermediarios, comercializadores y responsables de ferias y mercados agroecológicos. La identificación de estos actores responde al objetivo de recolectar información desde múltiples posiciones y niveles de involucramiento, permitiendo reconstruir diversas experiencias, prácticas y roles en la implementación y sostenimiento del modelo agroecológico en contextos periurbanos.

1.3 Representatividad y alcance del estudio

El estudio no persigue representatividad estadística, sino representatividad analítica, en el sentido de seleccionar casos que permitan identificar patrones, tensiones y límites estructurales del modelo agroecológico en contextos periurbanos estratégicos. Dentro de esta línea, el tamaño de la muestra se define en función de la saturación temática, la diversidad de actores y la profundidad analítica requerida, priorizando la triangulación de fuentes y técnicas. Este diseño permite reconstruir el fenómeno desde múltiples posiciones, niveles de involucramiento y escalas de análisis, fortaleciendo la validez interpretativa del estudio, por lo que se empleará un conjunto articulado de técnicas cualitativas aplicadas a cada tipo de actor, como se detalla a continuación:

- **Entrevistas en profundidad a expertos y referentes institucionales** con trayectoria en agroecología, soberanía alimentaria, género y políticas públicas, con el fin de reconstruir marcos interpretativos, debates y evaluaciones críticas sobre el desarrollo del modelo agroecológico en Bolivia.
- **Entrevistas semiestructuradas a técnicos y líderes de asociaciones de productores agroecológicos**, orientadas a analizar la organización interna de las asociaciones, sus principales alcances y limitaciones, las estrategias productivas y comerciales que impulsan, su articulación con mercados y actores institucionales, así como los procesos de implementación y sostenimiento del modelo agroecológico en contextos periurbanos.
- **Grupos focales con productoras y productores agroecológicos** organizados en asociaciones y redes de comercialización alternativa, con el objetivo de analizar

trayectorias, percepciones, dinámicas organizativas y relaciones de género vinculadas a las transiciones agroecológicas.

- **Entrevistas exploratorias a intermediarios**, comercializadores y responsables de ferias y mercados agroecológicos, con el fin de identificar perfiles de consumidores, criterios de compra, modalidades de comercialización, volúmenes aproximados y principales tensiones y oportunidades en la inserción de productos agroecológicos en mercados locales y circuitos cortos.
- **Revisión bibliográfica y documental**, orientada a contextualizar la investigación y sustentar los marcos teórico, analítico y comparativo, a partir de literatura académica, normativa nacional, políticas públicas e informes institucionales.

El uso combinado de estas técnicas permitirá triangular información proveniente de distintos actores y niveles de análisis, fortaleciendo la validez interpretativa del estudio y su coherencia con los objetivos de investigación, sin perder de vista el carácter exploratorio, situado y comparativo del diseño metodológico.

El número de intervenciones es estimativo y se ajustará durante el trabajo de campo en función de la saturación temática, la disponibilidad de los actores y las condiciones operativas del estudio, priorizando la profundidad analítica y la diversidad de perspectivas por sobre la representatividad estadística. Asimismo, el trabajo de campo contemplará visitas reiteradas a las asociaciones productivas.

4. Resultados preliminares

El proceso de formación de la agroecología en Bolivia tiene una trayectoria compleja que articula prácticas ancestrales indígenas, procesos organizativos de base, desarrollos técnico-académicos y una progresiva institucionalización normativa. El mismo se inscribe en un contexto de coexistencia y tensión estructural entre modelos productivos diferenciados, donde el agronegocio de orientación exportadora convive con una diversidad de experiencias agroecológicas heterogéneas en términos territoriales, organizativos y productivos. Como señala Castañón (2014), la estructura agraria

boliviana presenta una profunda asimetría: mientras el modelo agroindustrial concentrado en los llanos orientales se basa en monocultivos de exportación —principalmente soya transgénica—, la agricultura familiar campesina e indígena representa más del 96 % de las unidades productivas del país y abastece una parte sustantiva de la canasta básica, aunque enfrenta procesos de estancamiento asociados a la escasa priorización estatal y a la presión del modelo agroexportador.

Sin embargo, los fundamentos históricos de la agroecología en Bolivia se remontan a las prácticas milenarias de los pueblos indígenas de tierras altas y bajas, sustentadas en una relación integral entre producción, territorio y organización sociocultural. Catacora-Vargas et al. (2015) destacan que sistemas como los *suka kollus* del altiplano o las *aynoqas* de rotación y descanso de la tierra evidencian una sofisticada capacidad de adaptación ecológica basada en el conocimiento de ciclos climáticos, suelos y biodiversidad local, que ha permitido la resiliencia histórica de los sistemas de vida indígenas frente a procesos de colonización y modernización agrícola.

Posteriormente en la década de 1980, la agroecología comienza a institucionalizarse también como una crítica técnica y política al modelo agrícola dominante. Iniciativas como el *Proyecto Agrobiológico Cochabamba* y la creación de AGRUCO en 1985 introdujeron el enfoque del diálogo de saberes y la investigación inter-científica en el ámbito universitario, mientras que, desde la base productiva, el movimiento se consolidó mediante experiencias organizativas pioneras como la Cooperativa El Ceibo y la Asociación de Organizaciones de Productores Ecológicos de Bolivia (AOPEB), que impulsaron procesos de certificación, comercialización y articulación a mercados locales e internacionales (Catacora-Vargas et al., 2015). Desde inicios del siglo XXI, organizaciones no gubernamentales como CIPCA, AGRECOLAndes y SEMTA han desempeñado un rol central en la difusión de metodologías participativas y en el fortalecimiento de mercados locales.

Este proceso organizativo y técnico fue acompañado por una creciente institucionalización normativa. En 2006, la agroecología fue incorporada formalmente al

marco legal nacional mediante la Ley 3525 de Producción Ecológica, seguida por la Ley 144 de Revolución Productiva Comunitaria Agropecuaria (2011) y la Ley 300 Marco de la Madre Tierra (2012). Este andamiaje posiciona a Bolivia como uno de los pocos países de la región que reconoce explícitamente la soberanía alimentaria y la producción agroecológica en su marco normativo. Sin embargo, diversos estudios advierten que estos avances coexisten con una implementación limitada, fragmentación institucional y persistentes desigualdades territoriales y de género, lo que restringe su capacidad de transformar estructuralmente los sistemas agroalimentarios (Castañón, 2014; Dorrego, 2018). Actualmente, la Estrategia Nacional de Agroecología (ENA) 2025, impulsada por el Ministerio de Desarrollo Rural y Tierras, busca articular estos mandatos en torno a ejes de investigación, financiamiento, mercados y fortalecimiento organizativo, aunque su alcance efectivo aún enfrenta desafíos de coordinación e implementación territorial (MDRyT, 2025).

Desde una perspectiva conceptual, la agroecología en Bolivia se fundamentaría en los principios del Vivir Bien y la armonía con la Madre Tierra, concibiéndose como una gestión integral de los sistemas de vida. Dorrego (2018) subraya que este enfoque prioriza la restauración de funciones ecosistémicas, la diversificación biológica y el diálogo entre conocimientos científicos y saberes ancestrales, reconociendo a las comunidades indígenas y campesinas —y particularmente a las mujeres— como actoras centrales en la reproducción social y productiva. En el plano empírico, las experiencias agroecológicas bolivianas se desarrollan mayoritariamente como procesos de transición más que como modelos plenamente consolidados, combinando prácticas tradicionales, diversificación productiva y, en algunos casos, el uso parcial de insumos convencionales. Estas transiciones están condicionadas por limitaciones en infraestructura, asistencia técnica, acceso a tecnologías apropiadas y elevados niveles de intermediación comercial. Si bien estudios recientes de zonificación agroecológica evidencian un potencial significativo del territorio nacional para la producción de cultivos estratégicos, dicho potencial se encuentra mediado por variables socioambientales, institucionales y de

gestión territorial (Choque et al., 2023). En términos espaciales, la agroecología se expresa de manera diferenciada según regiones agroecológicas —desde sistemas altoandinos hasta agroforestales amazónicos—, reforzando la idea de que no responde a un modelo único, sino a procesos situados y contextualmente condicionados (Choque et al., 2023; MDRyT, 2025).

A pesar de esta diversidad, no existe un registro oficial único y actualizado que permita dimensionar con precisión la magnitud de la producción agroecológica en el país. Como señala Laura (2024), las experiencias se articulan principalmente a través de asociaciones de productores, redes organizativas, circuitos cortos de comercialización y Sistemas Participativos de Garantía (SPG), que funcionan más como mecanismos de reconocimiento social que como instrumentos estadísticos formales. En este contexto, la agroecología en Bolivia no puede entenderse como una condición inherente a toda unidad productiva, sino como un proceso diferenciado y situado, construido a partir de arreglos organizativos, relaciones institucionales y dinámicas territoriales específicas.

A partir de esta lectura, el presente estudio delimita su universo empírico a experiencias agroecológicas organizadas en contextos periurbanos del área metropolitana de Santa Cruz de la Sierra, donde la transición agroecológica enfrenta presiones asociadas a la expansión urbana, la lógica inmobiliaria y la hegemonía del modelo agroindustrial (Urioste, 2013). Estas experiencias son entendidas como unidades de análisis en tanto configuran arreglos sociales, productivos, organizativos e institucionales diferenciados que evidencian de manera clara las tensiones estructurales que atraviesan el desarrollo de la agroecología en el país.

El departamento de Santa Cruz constituye un territorio estratégico y conflictivo para el análisis de las transiciones agroecológicas debido a la convergencia de expansión económica, urbanización acelerada y transformaciones rurales profundas. Es el departamento más extenso del país (370.621 km^2), con nueve ecorregiones que van desde la Amazonía hasta el Gran Chaco, lo que le otorga una alta diversidad ecológica, pero también una creciente presión sobre el uso del suelo y los recursos naturales (INE,

2024). En las últimas décadas, la expansión poblacional y territorial hacia el Este, impulsada por la modernización agroindustrial y el crecimiento urbano, ha reconfigurado los espacios rurales y periurbanos, intensificando la competencia entre usos productivos, urbanos e inmobiliarios (Urioste, 2013). A ello se suman condiciones agroclimáticas favorables, cada vez más afectadas por eventos extremos como sequías e inundaciones que impactan cultivos industriales clave (Choque et al., 2023).

Desde el punto de vista sociodemográfico, el departamento es el más dinámico del país, con más de 3,1 millones de habitantes en 2024, concentrados en gran medida en Santa Cruz de la Sierra, que reúne más de la mitad de la población departamental (INE, 2024). Este crecimiento incrementa la demanda de alimentos, suelo urbano e infraestructura, reforzando la presión sobre los territorios periurbanos donde se desarrollan experiencias agroecológicas. En el plano económico, Santa Cruz se ha consolidado desde los años 90 como el principal motor del país, aportando aproximadamente entre el 30% y 34% del PIB nacional (INE, 2025; IBCE, 2025; Ministerio de Economía, 2025), con una estructura productiva dominada por la industria manufacturera y la agricultura orientada al agronegocio exportador, destacando la producción de soya, caña de azúcar y ganadería (UDAPE, 2023).

Este modelo agroproductivo, altamente concentrado y dependiente de insumos externos, ha sido históricamente respaldado por políticas públicas que promueven la expansión de la frontera agrícola y la inversión privada, mientras flexibilizan regulaciones sobre el uso de la tierra (Cronkleton et al., 2009). En este contexto, la agricultura familiar y las iniciativas agroecológicas —que incluyen más de 1.300 comunidades agropecuarias en el departamento— ocupan una posición estructuralmente subordinada, en parte debido a la presión del crecimiento urbano e inmobiliario (Castañón, 2014; Dorrego, 2018).

Estas desigualdades se expresan con especial intensidad en el área metropolitana de Santa Cruz de la Sierra y en municipios periurbanos como La Guardia, El Torno, Cotoca y Warnes, donde coexisten funciones productivas, abastecimiento alimentario y

expansión inmobiliaria. Estos espacios se caracterizan por alta heterogeneidad social, con población rural histórica, migrantes recientes y actores urbanos vinculados a mercados alimentarios. En este entramado, las asociaciones agroecológicas emergen como espacios clave de organización, generación de ingresos y articulación con circuitos cortos de comercialización.

Desde el plano político-institucional, los gobiernos municipales enfrentan una tensión permanente entre la promoción del desarrollo urbano-inmobiliario, la atracción de inversiones privadas y el reconocimiento, principalmente discursivo, de la agricultura periurbana y la agroecología como componentes de la seguridad y soberanía alimentaria local. Si bien existen normativas[11] y planes[12] que reconocen la importancia de la producción local de alimentos, su implementación suele ser fragmentaria, con escasa articulación intersectorial y limitada capacidad de regulación efectiva frente a los intereses del capital inmobiliario y agroindustrial (Urioste, 2013).

La posición específica del Gobierno Autónomo Municipal del municipio de Santa Cruz de la Sierra se caracteriza por un equilibrio complejo entre el impulso económico y la protección del patrimonio público, aunque con críticas crecientes por la falta de control técnico en áreas sensibles. El municipio impulsa una visión de "ciudad inteligente y resiliente", favoreciendo la expansión hacia zonas de alta plusvalía. A esto se suma la tensión constante por los asentamientos informales y la sobreposición de derechos propietarios. Esta ambigüedad institucional se traduce en políticas municipales que, en la práctica, tienden a favorecer usos del suelo incompatibles con la sostenibilidad de la

[11] - Estrategia Nacional de Agroecología (ENA) 2025-2035.
- Plan Departamental de Desarrollo Económico y Social (PDDES) 2025.
- Plataforma Agroecológica del Trópico, Subtrópico y Chaco.

[12] El Plan Territorial de Desarrollo Integral (PTDI) del municipio de Santa Cruz de la Sierra para el periodo 2021-2025 contemplaba la agroecología y la sostenibilidad, aunque lo hace bajo enfoques de resiliencia urbana y seguridad alimentaria. Dentro de la planificación participativa del PTDI, se han identificado dos áreas de acción directa: a) Huertos Urbanos y Periurbanos, entendidos como espacios para el cultivo de hortalizas y plantas medicinales en barrios periféricos para mejorar la nutrición local; b) Mercados Verdes: apoyo a la creación de canales de comercialización directa (como el proyecto Mi Mercado Verde) para que los productores ecológicos locales eviten intermediarios y lleguen directamente al consumidor cruceño.

agricultura agroecológica, debilitando las condiciones territoriales necesarias para su reproducción social y económica.

En este contexto, la agroecología en el área metropolitana de Santa Cruz se configuraría principalmente como resultado de la organización social y la acción colectiva, más que como una política pública coherente y sostenida. Esto ocurre en un escenario de coexistencia conflictiva entre modelos productivos, donde las transiciones agroecológicas se desarrollarían bajo fuertes presiones territoriales, institucionales y de mercado. Dicho entramado económico, social y político condicionaría de alguna manera no sólo las prácticas productivas de las asociaciones agroecológicas, sino también sus estrategias organizativas, sus vínculos con mercados urbanos y sus posibilidades de avanzar hacia formas más sostenibles e inclusivas de producción.

Bajo esto parámetros, la investigación prevé comprender cómo las transiciones agroecológicas en asociaciones de productores periurbanos del área metropolitana de Santa Cruz de la Sierra se configuran como procesos socialmente situados, atravesados por tensiones estructurales vinculadas al acceso a la tierra, la presión inmobiliaria, la hegemonía del modelo agroindustrial y las limitaciones institucionales. Asimismo, el análisis busca visibilizar desigualdades internas, especialmente aquellas relacionadas con las dinámicas de género, el reconocimiento del trabajo productivo y reproductivo de las mujeres, y su participación en la toma de decisiones. En conjunto, se sostiene que las transiciones agroecológicas no ocurren en un vacío técnico, sino en un entramado de relaciones de poder, disputas territoriales y marcos institucionales ambiguos. Esto impone límites a su consolidación, pero también abre márgenes de autonomía y resignificación del territorio periurbano como espacio estratégico para la soberanía alimentaria local.

5. Discusión y conclusiones

El análisis desarrollado a partir de la literatura permite sostener que la agroecología no constituye un modelo homogéneo ni una alternativa técnica cerrada, sino un proceso

social multidimensional, situado y atravesado por relaciones de poder. Su viabilidad depende de la articulación entre dimensiones productivas, organizativas, institucionales, territoriales y de género. En este sentido, la agroecología emerge como respuesta a la crisis estructural del régimen agroindustrial, caracterizado por la mercantilización de la naturaleza, la concentración del control productivo y la profundización de desigualdades sociales y territoriales. Desde la ecología política latinoamericana, se entiende como una disputa política y ontológica frente a lógicas extractivistas, que reafirma la centralidad del territorio, los bienes comunes y el conocimiento situado.

En el caso de Bolivia, la agroecología se ha construido a partir de una trayectoria histórica compleja que articula saberes indígenas ancestrales, procesos organizativos campesinos, aportes técnico-académicos y un proceso de institucionalización normativa relativamente avanzado en el plano formal. Sin embargo, este desarrollo coexiste con la persistencia del modelo agroindustrial, especialmente en regiones estratégicas, lo que limita el alcance transformador de las políticas públicas y genera escenarios de coexistencia conflictiva entre modelos productivos. Asimismo, las experiencias agroecológicas se desarrollan principalmente como procesos de transición condicionados por restricciones estructurales en el acceso a recursos, mercados, asistencia técnica y reconocimiento institucional.

En este marco, la agroecología no puede entenderse como una condición inherente a las unidades productivas, sino como una construcción social basada en arreglos organizativos específicos, marcos institucionales frágiles y dinámicas territoriales diferenciadas. Un elemento transversal es la centralidad del enfoque de género, dado que las mujeres desempeñan roles clave en la producción, la reproducción social, la gestión de la biodiversidad y los circuitos cortos de comercialización. Esto refuerza la necesidad de considerar el género como una dimensión estructural de la sostenibilidad de las transiciones agroecológicas. Finalmente, se sostiene que el potencial transformador de la agroecología no radica solo en sus prácticas técnicas, sino en su

capacidad para sostener procesos colectivos de autonomía, gobernanza territorial y producción de conocimiento situado.

Referencias bibliográficas

- Agarwal, B. (2010). *Gender and green governance*. Oxford University Press.
- Ajates Gonzalez, R., Thomas, J., & Chang, M. (2018). Translating agroecology into policy: The case of France and the United Kingdom. *Sustainability, 10*(8), 2930. https://doi.org/10.3390/su10082930
- Altieri, M. A. (1999). *Agroecología: Bases científicas para una agricultura sustentable*. Editorial Nordan-Comunidad.
- Anderson, F. (2018). *¡Soberanía Alimentaria YA! Una guía por la Soberanía Alimentaria*. Coordinación Europea Vía Campesina.
- Anderson, C. R., Bruil, J., Chappell, M. J., Kiss, C., & Pimbert, M. P. (2019). From transition to domains of transformation: Getting to sustainable and just food systems through agroecology. *Sustainability*, *11*(19), 5272. https://doi.org/10.3390/su11195272
- Cabanes, M.M., & Gómez, J. D. L. (2014). Economía social y Soberanía Alimentaria. Aportaciones de las cooperativas y asociaciones agroecológicas de producción y consumo al bienestar de los territorios. *CIRIEC-España, Revista de Economía Pública, Social y Cooperativa*, (82), 127-154.
- Caimmi, N., & Fernández, L. (2025). Análisis documental de las políticas públicas agroecológicas, 1990-2023. De la emergencia a la "primavera". *Temas y Debates,* 29(50), 35-59.
- Canfield, M. C. (2025). Law and agroecology. *Annual Review of Law and Social Science, 21*, 125–147. https://doi.org/10.1146/annurev-lawsocsci-061824-073903
- Castañón, E. B. (2014). *Las dos caras de la moneda: agricultura y seguridad alimentaria en Bolivia*. Berlín, Alemania: Forschungs- und Dokumentationszentrum Chile-Lateinamerika (FDCL) e.V.

- Catacora-Vargas, G., Piepenstock, A., Sotomayor, C., Cuentas, D., Cruz, A., & Delgado, F. (2015). Del conocimiento indígena y campesino a la regulación nacional: breve reseña de la historia de la agroecología en Bolivia. *Agroecología*, 10(2), 85-92.
- Centro de Investigación y Promoción del Campesinado - CIPCA. (2016). *Beneficios de la agroecología en Bolivia: Estudios de caso*. La Paz, Bolivia: CIPCA.
- Centro de Estudios Uruguayos de Tecnologías Apropiadas (CEUTA). (2021). *Agroecología y transiciones agropecuarias sostenibles: compras públicas, certificación y sector exportador*.
- Choque, S.; Argandoña, F.; Ortiz, A.; Calderón, D.; Muñoz, A.; Miranda, S. (2023). *Zonificación Agroecológica (ZAE) para Bolivia*. Documento de Trabajo N° 4/2023. La Paz, Bolivia: Sustainable Development Solutions Network.
- Collier, D. (1993). "The Comparative Method". *Political Science*.
- Cronkleton, P., Pacheco, P., Ibargüen, R., y Albornoz, M. A. (2009). *Reformas en la tenencia forestal en Bolivia: La gestión comunal en las tierras bajas*. Centro para la Investigación Forestal Internacional (CIFOR) y Centro de Estudios para el Desarrollo Laboral y Agrario (CEDLA).
- Curto, R., Bondaruk, V., Gutiérrez Molina, F., Pessah, S., & Monkes, J. (2021). Políticas públicas de Agroecología en el Cono Sur de América Latina. *Apuntes Agroeconómicos*, *15*(21), 3-11. Facultad de Agronomía, Universidad de Buenos Aires.
- Deere, C. D., & León, M. (2003). *The gender asset gap*. World Development, 31(6), 925–947.
- Dorrego, A. C. (2018). *La propuesta agroecológica de las mujeres en la construcción de la sostenibilidad. El caso de Bolivia*. Ponencia en el marco de investigación doctoral, Universidad Complutense de Madrid.

- Escobar, A. (2014). *Sentipensar con la tierra. Nuevas lecturas sobre desarrollo, territorio y diferencia.* EDITORIAL ARTES Y LETRAS S.A.S. Medellín: Ediciones Unaula.
- FAO & INDAP. (2018). *Manual de transición agroecológica para la agricultura familiar campesina*. Santiago de Chile: FAO.
- Foro para la Soberanía Alimentaria. (2007, 27 de febrero). *Declaración de Nyéléni*. Nyéléni.
- Franco, E. N., Zamora Lomelí, C. B., Mier y Terán Giménez Cacho, M., Morales, H., & Pérez
- García-Caro, D. (2023). Cultivating change: Agroecological perspectives on EU pesticide law. *European Law Open,* 2(4), 815–832. https://doi.org/10.1017/elo.2023.46
- Garduño de Jesús, E. G., Moctezuma Pérez, S., Espinoza Ortega, A., & Juan Pérez, J. I. (2021). Comercialización de cultivos y productos agroecológicos como aporte al sostenimiento de las unidades domésticas. El caso del grupo "Mujeres Cosechando", México. *Sociedad y Ambiente*, (24), 1-23. https://doi.org/10.31840/sya.vi24.2237
- Gliessman, S. R. (2002). *Agroecología: procesos ecológicos en agricultura sostenible*. CATIE.
- Gliessman, S. R**.** (2013). Agroecología: Plantando las raíces de la resistencia. *Agroecología*, *8*(2), 19-26.
- Gobierno de la República del Ecuador (2010). *Ley Orgánica del Régimen de la Soberanía Alimentaria*. Registro Oficial Suplemento 156.
- Gómez, L. F., Ríos-Osorio, L., & Eschenhagen, M. L. (2015). Las bases epistemológicas de la agroecología. *Agrociencia*, *49*(6), 679-688.
- González de Molina Navarro, M. (1992). Agroecología: Bases teóricas para una historia agraria alternativa. *Agroecología y Desarrollo: Revista de CLADES*, (Especial 4).

- Gudynas, E. (2004). *Ecología, Economía y Ética del Desarrollo Sostenible* (5a. ed.). Coscoroba Ediciones.
- Gudynas, E. (2015) *Extractivismos: Ecología, economía y política de un modo de entender el desarrollo y la Naturaleza.* Cochabamba: CEDIB/CLAES.
- Hernández Sampieri, R., Fernández Collado, C. y Baptista, P. (2014). *Metodología de la investigación*. McGraw-Hill.
- Holt-Giménez, E., & Altieri, M. A. (2013). Agroecología, soberanía alimentaria y la nueva revolución verde. *Agroecología*, 8(2), 65-72.
- Instituto Nacional de Estadística (2024). (2024). *Estadísticas demográficas y económicas de* Bolivia. La Paz.
- Instituto Nacional de Estadística (INE). (2025). *Bolivia: Producto Interno Bruto Departamental*. https://www.ine.gob.bo/
- Instituto Boliviano de Comercio Exterior (IBCE). (2025, 22 de septiembre). *Santa Cruz en Cifras - Boletín IBCE Cifras* (Boletín N°1.410).
- https://ibce.org.bo/ibcecifras/index.php?id=1410
- Ministerio de Economía y Finanzas Públicas de Bolivia. (2025, 17 de septiembre). *Bolivia - Informe Económico Santa Cruz 2025*.
- https://www.economiayfinanzas.gob.bo/sites/default/files/2025-09/EcoScz25.pdf
- Lampkin, N., Schwarz, G., & Bellon, S. (2020). Policies for agroecology in Europe, building on experiences in France, Germany and the United Kingdom. *Landbauforschung Journal of Sustainable and Organic Agricultural Systems, 70*(2), 103-112. https://doi.org/10.3220/LBF1607519106000
- Laura, M. S. V. (2024, 10 de diciembre). *Producción agroecológica en Bolivia: Más allá de las estadísticas según línea base preliminar de la Estrategia Nacional de Agroecología*. CIPCA – Centro de Investigación y Promoción del Campesinado. https://www.cipca.org.bo/noticias/produccion-agroecologica-en-bolivia-mas-alla-

de-las-estadisticas-segun-linea-base-preliminar-de-la-estrategia-nacional-de-agroecologia

- Llambí, L. (2000). Procesos de globalización y sistemas agroalimentarios: Los retos de América Latina. *Agroalimentaria*, (10), 91-102.
- Llanque, A., Dorrego, A., Costanzo, G., Elías, B., & Catacora-Vargas, G. (2018). Mujeres, trabajo de cuidado y agroecología: hacia la sustentabilidad de la vida a partir de experiencias en diferentes eco-regiones de Bolivia. *G. Zuluaga, G. Catacora-Vargas y E. Siliprandi. (Coords.) Agroecología en femenino. Reflexiones a partir de nuestras experiencias. Bolivia: SOCLA, CLACSO*.
- Lopes Ferreira, A. P. (2016). *Acercamiento entre las perspectivas feminista y agroecológica potencializando procesos de empoderamiento de las mujeres rurales brasileñas, desde el territorio del Pajeú, Sertão del Pernambuco* [Tesis Doctoral, Universidad de Córdoba]. UCOPress.
- Lugo, L. J. P., & Rodríguez, L. H. R. (2018). El agroecosistema: ¿objeto de estudio de la agroecología o de la agronomía ecologizada? Anotaciones para una tensión epistémica. *INTERdisciplina*, 6(14), 89-112.
- Lugo Perea, L. J. (2019). *Agroecología y pensamiento decolonial: las agroecologías otras interepistémicas*. Sello Editorial Universidad del Tolima.
- McKay, B. M., Catacora-Vargas, G., Castellanos-Navarrete, A., Bezner Kerr, R., & Luna, J. K. (2025). Challenging Agroecology—Promise and Pitfalls for Agrarian Studies. *Journal of Agrarian Change*, *25*(3).
- Mestmacher, J. M. (2019). *Las mujeres campesinas en las regiones de Biobío y Ñuble: Entre una recampesinización agroecológica y un estado de negociación permanente* [Tesis de Maestría, Universidad de Concepción].
- Migliorini, P., & Wezel, A. (2017). Converging and diverging principles and practices of organic agriculture regulations and agroecology. A review. *Agronomy for Sustainable Development*, *37*(6), 63.

- Ministerio de Desarrollo Rural y Tierras (MDRyT). (2025). *Estrategia Nacional de Agroecología (ENA) del Estado Plurinacional de Bolivia*. La Paz, Bolivia: MDRyT / GIZ.
- Ministerio de Agricultura de Chile. (2017). *Ley No 20.089: Sistema Nacional de Certificación de Productos Orgánicos Agrícolas*. Servicio Agrícola y Ganadero (SAG).
- Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura (FAO) & Ministerio de Agricultura y Desarrollo Rural de Colombia. (2021). *Documento propuesto de lineamientos de política pública en agroecología para Colombia - Sembrando Capacidades*.
- Papuccio de Vidal, S. (2007). *El enfoque de género en la Agroecología: Un aporte clave para alcanzar la sustentabilidad*.
- Pelchor Chicaiza, J. S., & De la Fuente de Val, G. (2025). Agroecología y Desarrollo Rural: un enfoque integral para la sostenibilidad agrícola. *Revista Perspectivas Rurales*, *23*(46), 1-39. http://doi.org/10.15359/prne.23-46.4
- Pérez Neira, D., & Soler Montiel, M. (2013). Agroecología y ecofeminismo para descolonizar y despatriarcalizar la alimentación globalizada. *Revista Internacional de Pensamiento Político*, *8*, 95-113.
- Pimbert, M. P. (2018). Global status of agroecology: A perspective on current practices, potential and challenges. *Economic and Political Weekly*, *53*(41), 52-57.
- Ragin, C. (2014). *The Comparative Method*. University of California Press.
- Ramírez-Santos, A. G. (2023). *Las transiciones agroecológicas justas en los sistemas agroalimentarios: Analizando el género y los conocimientos tradicionales* [Tesis Doctoral, Universitat Politècnica de Catalunya].
- Rivera-Ferre, M. G. (2018). The resignification process of agroecology: Competing narratives from governments, civil society and intergovernmental organizations. *Agroecology and Sustainable Food Systems*, *42*(6), 666-685. https://doi.org/10.1080/21683565.2018.1437498

- Rosset, P. M., & Altieri, M. A. (2017). *Agroecology: Science and Politics*. Practical Action Publishing. (Edición ebook 2021).
- Sambuichi, R. H. R., Moura, I. F., Mattos, L. M., Ávila, M. L., Spínola, P. A. C., & Silva, A. P. M. (2017). *A Política Nacional de Agroecologia e Produção Orgânica no Brasil: antecedentes, construção e execução*. Instituto de Pesquisa Econômica Aplicada (IPEA).
- Sevilla, G. E., & Woodgate, G. (2013). Agroecología: fundamentos del pensamiento social agrario y teoría sociológica. *Agroecología*, *8*(2), 27-34.
- Sevilla G. E. (2015). La participación en la construcción histórica latinoamericana de la Agroecología y sus niveles de territorialidad. *Política y Sociedad*, *52*(2), 351-370.
- Tittonell, P. (2019). Las transiciones agroecológicas: múltiples escalas, niveles y desafíos. *Revista de la Facultad de Ciencias Agrarias UNCuyo*, *51*(1), 231-246.
- Unidad de Análisis de Políticas Sociales y Económicas (UDAPE). (2023). *Agropecuario 2023*. La Paz, Bolivia.
- Urioste, M. (2013). *La expansión del agronegocio en Bolivia*. La Paz, Bolivia: Fundación TIERRA.
- Val, V., & Rosset, P. M. (2022). *Agroecología(s) emancipatoria(s) para un mundo donde florezcan muchas autonomías*. CLACSO; Cooperativa Editorial Retos.
- Van der Ploeg, J. D. (2010). La crisis de los alimentos, la agricultura industrializada y el régimen imperial. *Journal of agrarian change*, *10*(1). 98–106.
- Van der Ploeg, J. D. (2021). The political economy of agroecology. *The Journal of Peasant Studies*, *48*(2), 274–297. https://doi.org/10.1080/03066150.2020.1725489.
- Vía Campesina. (2018). *¡Soberanía alimentaria ya! Una guía por la soberanía alimentaria*. Coordinación Europea Vía Campesina.
- Wittman, H., & James, D. (2022). Land governance for agroecology. *Elementa: Science of the Anthropocene*, *10*(1). https://doi.org/10.1525/elementa.2021.00100

- Zuluaga, G., Catacora, G., & Siliprandi, E. (2018). *Agroecología en femenino*. EIP - Editorial e Imagen Publicitaria. SOCLA – CLACSO: La Paz, Bolivia.

EFECTO DE LOS EXTRACTOS DE ALCALOIDES TOTALES DE EVANTA SOBRE LA EXPRESIÓN DEL GEN INTERFERÓN GAMMA EN TEJIDO MURINO INFLAMADO MEDIANTE PCR EN TIEMPO REAL

(Comunicación)

Limache Valderrama S.M.
silvana8899@gmail.com

Universidad Mayor de San Andrés, Facultad de Ciencias Farmacéuticas y Bioquímicas, Instituto SELADIS.

Semblanza:

Bioquímica con formación especializada en diagnóstico de laboratorio en salud y experiencia en investigación en inmunología y biología molecular aplicada al estudio de enfermedades infecciosas e inflamatorias. Su trabajo científico se ha enfocado en inmunología molecular, expresión génica y técnicas de biología molecular como PCR en tiempo real, particularmente en investigaciones relacionadas con productos naturales de interés terapéutico y mecanismos inmunomoduladores. Ha participado en investigaciones desarrolladas en el Instituto SELADIS y en proyectos relacionados con enfermedades infecciosas del trópico boliviano.

Resumen

La respuesta inflamatoria constituye un mecanismo fundamental del sistema inmunológico frente a infecciones y procesos patológicos. El interferón gamma (IFN-γ) es una citocina proinflamatoria producida principalmente por linfocitos T y células NK, desempeñando un rol importante en la activación macrofágica y en la respuesta inmune celular. Diversos estudios demostraron que los extractos de alcaloides totales de *Galipea longiflora* (Evanta) poseen actividad leishmanicida e inmunomoduladora. El objetivo del

presente estudio fue evaluar el efecto de los extractos de alcaloides totales de Evanta sobre la expresión del gen IFN-γ en tejido murino inflamado mediante PCR en tiempo real.

Se realizó un estudio experimental in vivo utilizando ratones de laboratorio (*Mus musculus*) sometidos a inflamación inducida mediante lipopolisacárido (LPS) de Escherichia coli. Los animales fueron tratados con extractos de alcaloides totales de Evanta. La extracción de ARN total se realizó utilizando el sistema automatizado Maxwell 16. Posteriormente se efectuó la retrotranscripción para obtener ADN complementario (ADNc) y se cuantificó la expresión relativa del gen IFN-γ mediante RT-qPCR utilizando B2-microglobulina como gen constitutivo de referencia.

Los resultados mostraron una disminución relativa de la expresión del gen IFN-γ en los tejidos tratados con extractos de Evanta respecto a los grupos inflamados no tratados. Los hallazgos sugieren un efecto inmunomodulador y antiinflamatorio asociado a los alcaloides presentes en Galipea longiflora. La utilización de técnicas automatizadas permitió obtener resultados reproducibles y sensibles para el análisis de expresión génica en tejido murino inflamado.

Los extractos de alcaloides totales de Evanta demostraron capacidad para modular la expresión del gen IFN-γ en tejido murino inflamado, respaldando su potencial como alternativa terapéutica antiinflamatoria e inmunomoduladora en estudios experimentales futuros.

Palabras clave: IFN-γ, Evanta, Expresión génica, RT-qPCR, Inflamación murina.

Introducción

La inflamación constituye una respuesta biológica compleja desencadenada frente a agentes infecciosos, daño tisular o estímulos inmunológicos. Este mecanismo involucra una interacción coordinada entre células del sistema inmunitario, mediadores químicos y citocinas que permiten controlar y eliminar agentes patógenos. Sin embargo, una

respuesta inflamatoria desregulada puede ocasionar daño tisular y contribuir al desarrollo de diversas patologías.

Dentro de los mediadores inflamatorios más importantes se encuentra el interferón gamma (IFN-γ), citocina perteneciente al grupo de los interferones tipo II. El IFN-γ es producido principalmente por linfocitos T CD4+, linfocitos T CD8+, células NK y algunas células mieloides en respuesta a estímulos inflamatorios o infecciosos. Esta citocina desempeña un papel central en la activación de macrófagos, regulación de la inmunidad celular y promoción de respuestas tipo Th1. Además, participa en procesos de defensa frente a bacterias, virus y parásitos intracelulares.

Diversos estudios demostraron que una producción excesiva de IFN-γ puede contribuir al desarrollo de procesos inflamatorios exacerbados y daño tisular. Por esta razón, el estudio de moléculas capaces de modular la expresión de esta citocina representa un área importante de investigación biomédica.

En los últimos años se ha incrementado el interés por el estudio de productos naturales con actividad inmunomoduladora y antiinflamatoria. Entre ellos destaca Galipea longiflora, conocida comúnmente como Evanta, planta utilizada tradicionalmente en regiones tropicales y estudiada experimentalmente por sus propiedades antiparasitarias y leishmanicidas.

Investigaciones previas realizadas en el marco del proyecto ASDI/UMSA sobre enfermedades infecciosas del trópico boliviano evidenciaron que los extractos de alcaloides totales de Evanta poseen actividad leishmanicida frente a diferentes especies de Leishmania, incluyendo L. donovani, L. braziliensis y L. amazonensis. Asimismo, estudios experimentales sugirieron que estos extractos podrían ejercer efectos sobre componentes del sistema inmune, particularmente sobre citocinas inflamatorias como IFN-γ.

La leishmaniasis constituye una enfermedad parasitaria de importancia en salud pública, especialmente en regiones tropicales y subtropicales. La respuesta inmunológica frente a esta enfermedad depende significativamente de la activación de mecanismos celulares

mediados por citocinas tipo Th1, entre ellas IFN-γ. Sin embargo, una producción exacerbada de esta citocina puede intensificar procesos inflamatorios y contribuir al daño tisular.

El desarrollo de herramientas de biología molecular permitió profundizar el estudio de la expresión génica de diferentes mediadores inmunológicos. Entre estas técnicas destaca la PCR en tiempo real (RT-qPCR), considerada actualmente una de las metodologías más sensibles y específicas para cuantificar la expresión relativa de genes en diferentes tejidos y condiciones experimentales.

La RT-qPCR permite cuantificar niveles de ARN mensajero mediante amplificación simultánea y detección fluorescente en tiempo real, proporcionando resultados altamente reproducibles y precisos. Esta metodología ha sido ampliamente utilizada en estudios de inmunología molecular y expresión de citocinas.

En este contexto, el presente estudio tuvo como objetivo evaluar el efecto de los extractos de alcaloides totales de Evanta sobre la expresión del gen IFN-γ en tejido murino inflamado mediante RT-qPCR, utilizando un modelo experimental murino inducido con lipopolisacárido bacteriano.

Metodología / Desarrollo teórico

Diseño de estudio

Se realizó un estudio experimental, prospectivo y analítico in vivo utilizando un modelo murino de inflamación inducida. El trabajo se desarrolló en ambientes de laboratorio especializados pertenecientes al Instituto SELADIS y laboratorios de investigación asociados.

Población y muestra

La población estuvo conformada por ratones de laboratorio (Mus musculus) utilizados como modelo experimental. Los animales fueron distribuidos en grupos experimentales y controles, considerando condiciones homogéneas de manejo, alimentación y ambiente.

Inducción del proceso inflamatorio

La inflamación fue inducida mediante la administración de lipopolisacárido (LPS) de Escherichia coli, conocido por su capacidad para activar respuestas inflamatorias y estimular la producción de citocinas proinflamatorias, particularmente IFN-γ.

Tratamiento con extractos de Evanta

Los grupos experimentales recibieron extractos de alcaloides totales de *Galipea longiflora* (Evanta). Estos extractos fueron previamente obtenidos y purificados bajo condiciones experimentales controladas.

Extracción de ARN total

Posteriormente se realizó la obtención de muestras de tejido murino inflamado para extracción de ARN total utilizando el sistema automatizado Maxwell 16. Esta metodología permitió obtener ARN de alta calidad y pureza, adecuado para análisis posteriores de expresión génica.

Retrotranscripción y síntesis de ADNc

El ARN total purificado fue sometido a retrotranscripción mediante transcriptasa inversa para obtener ADN complementario (ADNc), el cual sirvió como molde para la amplificación específica de genes de interés.

PCR en tiempo real (RT-qPCR)

La cuantificación relativa de la expresión génica se realizó mediante RT-qPCR utilizando cebadores específicos para el gen IFN-γ y el gen constitutivo B2-microglobulina como control interno de normalización.

La técnica permitió detectar y cuantificar los niveles relativos de expresión génica mediante fluorescencia emitida durante los ciclos de amplificación. Los resultados fueron analizados comparando los niveles de expresión entre grupos tratados y grupos control inflamados.

Estrategia de análisis

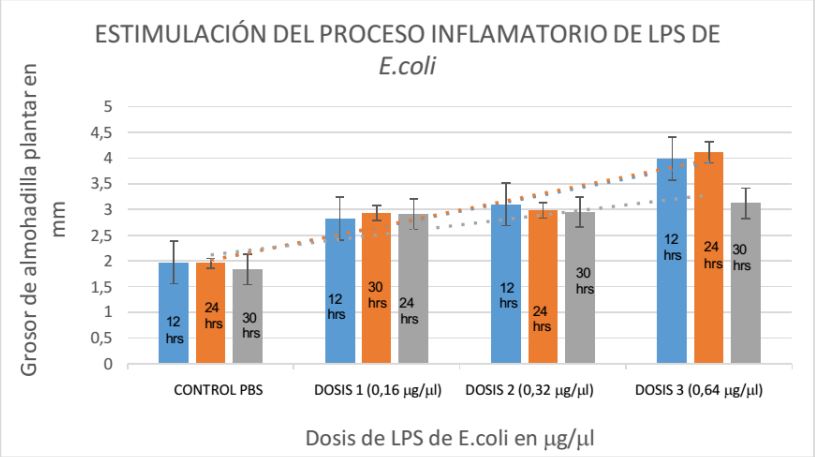
Los datos obtenidos fueron interpretados mediante análisis comparativo de expresión relativa, considerando la normalización frente al gen constitutivo. La interpretación

biológica de los resultados se realizó tomando en cuenta el papel del IFN-γ en la respuesta inflamatoria e inmunológica.

Resultados y discusión

Los resultados obtenidos evidenciaron diferencias en la expresión relativa del gen IFN-γ entre los grupos tratados con extractos de Evanta y los grupos control inflamados.

Gráfica 1 *Estimulación del proceso inflamatorio por LPS de E. coli, se realizó la medición del grosor del cojinete plantar (mm) en intervalos de 12, 24 y 30 horas en los grupos control PBS, dosis de LPS 0,16 µg/µl, 0,32 µg/µl y 0,64 µg/µl*



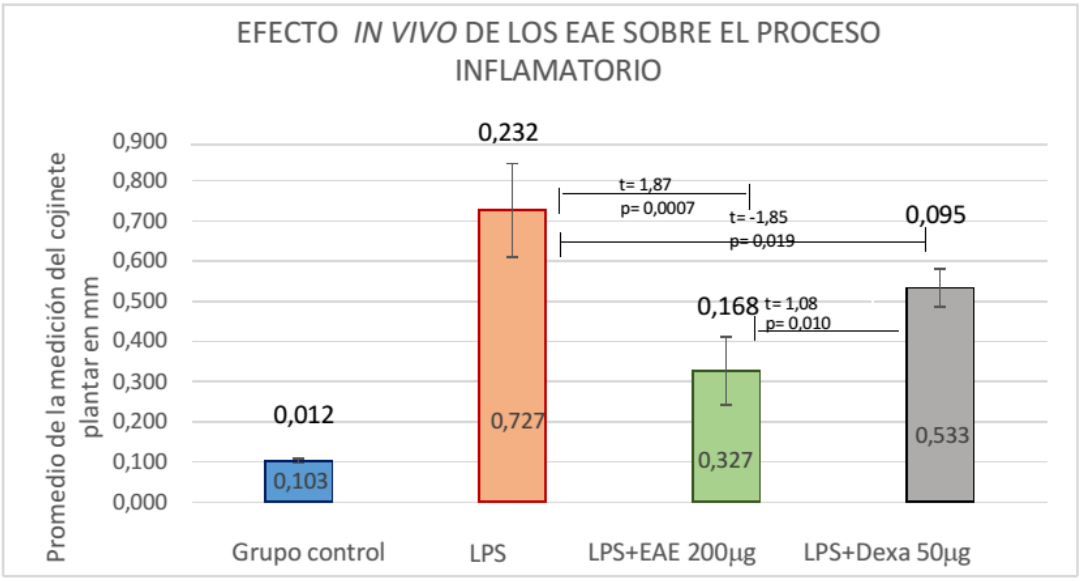
Los tejidos murinos sometidos a tratamiento con extractos de alcaloides totales de Evanta mostraron una disminución relativa de la expresión del gen IFN-γ respecto a los animales únicamente estimulados con LPS. Estos hallazgos sugieren que los alcaloides presentes en Galipea longiflora poseen actividad inmunomoduladora capaz de reducir la expresión de citocinas proinflamatorias.

El IFN-γ constituye una citocina clave en la respuesta inmunitaria tipo Th1 y participa activamente en la activación macrofágica, producción de especies reactivas de oxígeno y amplificación de procesos inflamatorios. Aunque esta citocina resulta esencial para el control de infecciones intracelulares, una sobreexpresión sostenida puede contribuir a daño tisular y procesos inflamatorios exacerbados.

Los resultados observados coinciden con investigaciones previas que reportaron actividad antiinflamatoria y leishmanicida de los extractos de Evanta. La disminución en la expresión de IFN-γ podría estar relacionada con mecanismos de regulación inmunológica mediados por alcaloides bioactivos presentes en la planta.

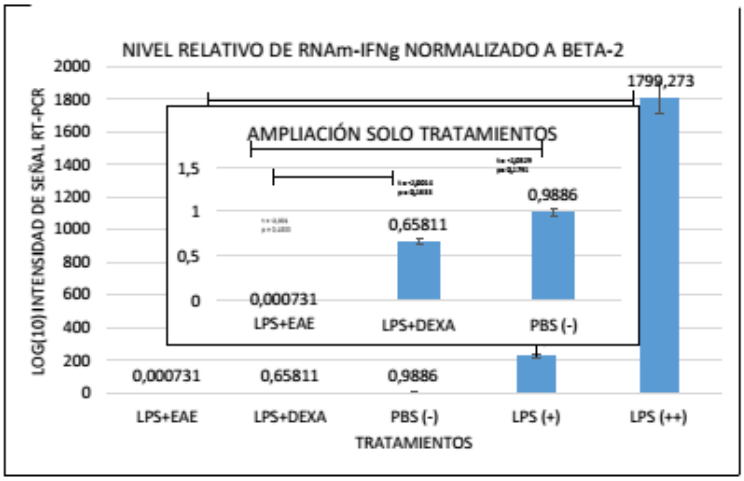
Asimismo, el estudio demuestra la utilidad de la RT-qPCR como herramienta altamente sensible para cuantificar expresión génica en modelos experimentales. La utilización de sistemas automatizados para extracción de ARN permitió optimizar la calidad y reproducibilidad de los resultados obtenidos.

Gráfica 2. *Promedio del grosor del cojinete plantar en mm en animales de experimentación de los grupos: Control, LPS, LPS+EAE 200µg y LPS+DEXA 50µg (ensayo realizado por triplicado). Se observa una diferencia estadísticamente significativa entre el grupo tratado con LPS/EAE con relación*



Desde una perspectiva biomolecular, los hallazgos sugieren que los extractos de Evanta podrían influir sobre vías de señalización relacionadas con la respuesta inflamatoria y regulación de citocinas. Esto abre perspectivas para futuras investigaciones orientadas al desarrollo de terapias alternativas basadas en productos naturales con potencial inmunomodulador.

Gráfica N° 4. *Cuantificación relativa de la expresión del gen INF γ analizada por el software del equipo de PCR en tiempo real Rotor Gene de las variables en estudio: LPS+EAE 200µg, LPS+DEXA 50µg , Control PBS, LPS*



Finalmente, el modelo murino utilizado permitió reproducir condiciones inflamatorias controladas útiles para el estudio experimental de citocinas y mecanismos inmunológicos asociados a enfermedades infecciosas e inflamatorias.

Conclusión

Los extractos de alcaloides totales de Galipea longiflora (Evanta) demostraron capacidad para modular la expresión del gen IFN-γ en tejido murino inflamado inducido experimentalmente mediante LPS.

Los resultados evidenciaron una disminución relativa en la expresión génica de IFN-γ en los grupos tratados con extractos de Evanta, sugiriendo un efecto antiinflamatorio e inmunomodulador asociado a los alcaloides presentes en la planta.

El estudio confirma la utilidad de la RT-qPCR como técnica sensible y específica para el análisis de expresión génica en modelos experimentales y destaca la importancia de las técnicas automatizadas para la obtención de ARN de alta calidad.

Los hallazgos obtenidos respaldan investigaciones previas relacionadas con las propiedades biológicas de Galipea longiflora y constituyen una base importante para

futuras investigaciones orientadas al desarrollo de alternativas terapéuticas derivadas de productos naturales.

Referencias bibliográficas

- Aramburu J. Inmunología molecular y celular. Madrid: Editorial Médica Panamericana; 2008.
- Barbulescu K, et al. Transcriptional regulation of the IFN-gamma gene. Cytokine Growth Factor Rev. 2004;15(3):181-191.
- Biron C, et al. Interferon gamma and immune regulation. Immunol Rev. 2001;202:234-248.
- Brito I, et al. Actividad inmunomoduladora de extractos vegetales en enfermedades infecciosas. Rev Latinoam Microbiol. 2006;48(2):112-120.
- Delves P, Martin S, Burton D, Roitt I. Inmunología Fundamentos. 11ª ed. Buenos Aires: Médica Panamericana; 2006.
- Filella X, Molina R, Ballesta AM. Citocinas y respuesta inflamatoria. Med Clin (Barc). 2002;118(6):239-245.
- Gray PW. Human immune interferon: cloning and expression in E. coli. Nature. 1983;295:503-508.
- Hernández M, et al. Técnicas moleculares para el estudio de expresión génica. Rev Diagn Biol. 1995;12(3):55-63.
- Lehninger AL. Principios de Bioquímica. Barcelona: Omega; 2006.
- Murray RK. Bioquímica de Harper. 27ª ed. México: McGraw-Hill; 2007.
- Regueiro J, et al. Inmunología: Biología y patología del sistema inmune. Madrid: Médica Panamericana; 2022.
- Serrano A. Polarización celular y citocinas Th1/Th2/Th17. Rev Inmunol Clin. 2009;25(1):45-52.

POSTER CIENTÍFICO

ESTUDIO COMPARATIVO DE COLMENAS DE ABEJAS NATIVAS Y MELÍFERAS COMO BIOINDICADORES DE GENES DE RESISTENCIA ANTIMICROBIANA EN LOS YUNGAS BOLIVIANOS

(Poster)

Apaza-Alvarez Nayla (1), Morales-Belpaire Isabel (2), Salas-Veizaga Daniel1, Alvarez-Aliaga María (1)

[1] Área de Biología Molecular, Instituto de Investigaciones Fármaco Bioquímicas, Facultad de Ciencias Farmacéuticas y Bioquímicas, Universidad Mayor de San Andrés, La Paz, Bolivia

[2] Instituto de Biología Molecular y Biotecnología. Carrera de 13 Biología. Facultad de Ciencias Puras y Naturales. Universidad Mayor de San Andrés, La Paz, Bolivia.

Los extractos de alcaloides totales de Galipea longiflora (Evanta) demostraron capacidad para modular la expresión del gen IFN-γ en tejido murino inflamado inducido experimentalmente mediante LPS.

1. Introducción

La resistencia antimicrobiana (AMR) es una de las principales amenazas para la salud pública mundial. Los genes de resistencia a antibióticos (ARGs) no circulan únicamente en hospitales, se mueven entre el ambiente, los animales y los humanos de formas que aún no comprendemos del todo, lo que hace imprescindible un enfoque de vigilancia integrado como el de Una Salud (Bengtsson-Palme et al., 2018; de Jongh et al., 2022). Bajo esta perspectiva, los ecosistemas naturales merecen atención especial, ya que pueden albergar y diseminar determinantes de resistencia incluso en ausencia de presión clínica directa.

Las abejas sociales son organismos centinela especialmente útiles en este contexto. Al alimentarse en un radio de varios kilómetros, muestrean microorganismos de múltiples matrices ambientales y los concentran en la colmena (Piva et al., 2020; Resci & Cilia, 2023), convirtiéndola en un sistema de muestreo natural que refleja el estado

microbiológico del entorno. Matrices tan distintas como la miel, el propóleo, el intestino y el panal pueden analizarse simultáneamente para obtener una imagen más completa del resistoma local (Cilia et al., 2023). En *Apis mellifera*, se ha documentado la presencia de ARGs de múltiples clases clínicamente relevantes, cuya acumulación está ligada al uso histórico de antibióticos en apicultura y a la contaminación agropecuaria del entorno (Daisley et al., 2020; Olivieri et al., 2026; Prasad, 2017; Raymann, 2021). La especie hospedadora es además el predictor más robusto de la composición del resistoma, por encima incluso de la geografía (Sun et al., 2022), y la miel puede movilizar bacterias resistentes con potencial patogénico hasta el consumidor final (Bezirtzoglou, 2016; Veress et al., 2020).

Sin embargo, casi toda esta evidencia proviene de Europa, América del Norte y Asia. El Neotrópico sigue siendo una región escasamente representada en la literatura sobre resistomas apícolas (Ocaña-Cabrera et al., 2025), a pesar de albergar la mayor diversidad de abejas sin aguijón del mundo. Especies como *Scaptotrigona postica* no han sido manejadas con antibióticos, enfrentan presiones ambientales distintas a las de *A. mellifera* (Oldroyd, 2007; Ramos-Cuellar et al., 2022), y producen miel y propóleo con propiedades fisicoquímicas propias asociadas a una microbiota particular (Andrade-Velásquez et al., 2023; Lavinas et al., 2019; R.L. Ferreira et al., 2025). Su resistoma permanece prácticamente sin explorar, lo que representa un vacío importante para comprender la distribución de la AMR en sistemas apícolas no intervenidos del Neotrópico.

El ecorefugio de Coroico, en los Yungas bolivianos, ofrece un escenario adecuado para una aproximación inicial a estas preguntas ya que alberga colonias de *A. mellifera* y *S. postica* en un mismo entorno, sin uso documentado de antibióticos en apicultura y con actividad agropecuaria limitada en el área inmediata, lo que permite una comparación directa entre ambas especies en condiciones similares. Mediante PCR convencional aplicada a cuatro matrices biológicas en dos épocas contrastantes, este estudio caracteriza 34 determinantes genéticos, ARGs de 11 clases e integrasas de clase 1 y 2, con

el objetivo de generar una línea base exploratoria del resistoma apícola en este ecosistema andino-amazónico, evaluar en qué medida la especie hospedadora, la época del año y la matriz biológica estructuran su variación e interpretar los hallazgos desde la perspectiva de Una Salud.

2. Metodología

2.1. Área de estudio y diseño experimental

El estudio se realizó en el ecorefugio de abejas nativas Coroico (Yungas, La Paz, Bolivia). Se analizaron 16 muestras biológicas compuestas provenientes de dos especies: la abeja melífera (*Apis mellifera*, n=8) y la abeja nativa sin aguijón (*Scaptotrigona postica*, n=8). El muestreo cubrió dos periodos estacionales (época húmeda y seca), evaluando cuatro matrices por especie: miel, propóleo, intestino y panal (vía hisopado). Para asegurar la representatividad, cada muestra consistió en un fondo común (*pool*) de tres colmenas independientes por especie y matriz.

2.2. Procesamiento de muestras y extracción de ADN

Se aplicaron protocolos de pretratamiento para eliminar inhibidores bioquímicos:

- **Miel:** Suspensión en PBS (1:1 v/v) y centrifugación para recuperación de pellet celular.
- **Propóleo:** Incubación en Tween 80 (13%) y PVP (2%) a 4 °C por 2 h, seguida de ultrasonido suave (amplitud 30, 3 ciclos de 15 s) y centrifugación diferencial.
- **Intestino:** Disección de 15 obreras forrajeras por cada muestra compuesta.
- **Panal (Enriquecimiento):** Hisopados inoculados en caldos BHI (con nistatina) y Sabouraud (con cloranfenicol); los cultivos positivos fueron concentrados a 16,000 rpm.

La extracción se realizó con el kit DNeasy PowerSoil Pro (Qiagen) para miel, propóleo e intestino, y un kit Promega para panal. La calidad del ADN se cuantificó mediante espectrofotometría en un equipo Epoch (BioTek Instruments).

2.3. Detección molecular de genes (PCR)

Se evaluó un panel de 34 determinantes: 32 genes de resistencia (GRAs) distribuidos en 11 clases de antibióticos: betalactámicos (*blaTEM*, *blaSHV*, *blaCTX-M*, *blaCMY*, *blaNDM*, *blaMEC-A*), colistina (*mcr-1*, *mcr-2*, *mcr-3*), aminoglucósidos (*aph3*, *aac3*, *strA*, *strB*), tetraciclinas (*tetA*, *tetB*, *tetC*, *tetX*), sulfonamidas (*sul1*, *sul2*), quinolonas (*qnrA*, *qnrB*, *qnrS*), macrólidos (*ermA*, *ermB*, *ermC*, *msrA*, *msrB*), fenicoles (*cmlA*, *floR*), trimetoprim (*dfr8*) y glicopéptidos (*vanA*) y 2 elementos genéticos móviles (*intI1* e *intI2*). Las reacciones (20 µL finales) incluyeron 12 µL de agua, 4 µL de Master Mix (5X), 1 µL de cada cebador y 2 µL de ADN de las muestras. Los productos se visualizaron en geles de agarosa comparándolos con marcadores de peso molecular.

2.4. Análisis bioestadístico

Los resultados de la PCR se transformaron en una matriz binaria (1 = presencia, 0 = ausencia) para su procesamiento en RStudio.

- **Análisis de Intersecciones (UpSet Plot):** Se utilizó para evaluar la compartimentación del resistoma entre las cuatro matrices biológicas. A diferencia de los diagramas de Venn, este análisis emplea una lógica de **frecuencia de intersecciones de conjuntos** sobre la matriz binaria, permitiendo cuantificar con precisión los genes compartidos y exclusivos en sistemas multimatriz.
- **Red de Co-ocurrencia:** Para identificar patrones de coexistencia y riesgo de dispersión, se construyó una red basada en una **matriz de adyacencia**. Se calcularon las asociaciones entre clases de antibióticos y elementos móviles utilizando [coeficientes de correlación de Spearman / índices de similitud de Jaccard], considerando únicamente asociaciones positivas significativas con pesos de asociación entre **0.8 y 0.9**. La topología de la red se visualizó para resaltar la centralidad de los nodos (MGEs) mediante algoritmos de diseño de fuerza controlada.
- **Análisis de Composición (NMDS y PERMANOVA):** La similitud global se analizó mediante un escalamiento multidimensional no métrico (NMDS) basado en la

distancia de Jaccard. La influencia de los factores (especie, estación, matriz) se evaluó mediante un Análisis de Varianza Multivariado Permutacional (PERMANOVA) marginal con 999 permutaciones.

- **Pruebas de Riqueza:** Las diferencias en el número de genes entre grupos se evaluaron mediante las pruebas no paramétricas de Wilcoxon (para dos grupos) y Kruskal-Wallis (para más de dos grupos).

3. Resultados

3.1. Perfil del resistoma y clases dominantes de GRAs

De los 34 genes evaluados, 33 mostraron presencia en al menos una muestra, mientras que uno estuvo ausente en todas las matrices biológicas analizadas (Fig. 1). Los genes detectados se distribuyeron en 11 clases de antimicrobianos, con una riqueza por muestra entre 8 y 28 genes sin mostrar un patrón de exclusividad por especie o matriz.

El perfil de resistencia estuvo dominado por genes asociados a antibióticos de uso frecuente. Las clases con mayor prevalencia fueron las tetraciclinas (tetB, tetC), los betalactámicos (blaTEM, blaOXA) y los macrolidos (ermB), junto con los genes de resistencia a aminoglucósidos (strA, strB) y integrasas de clase 1 y 2 (int1, int2).

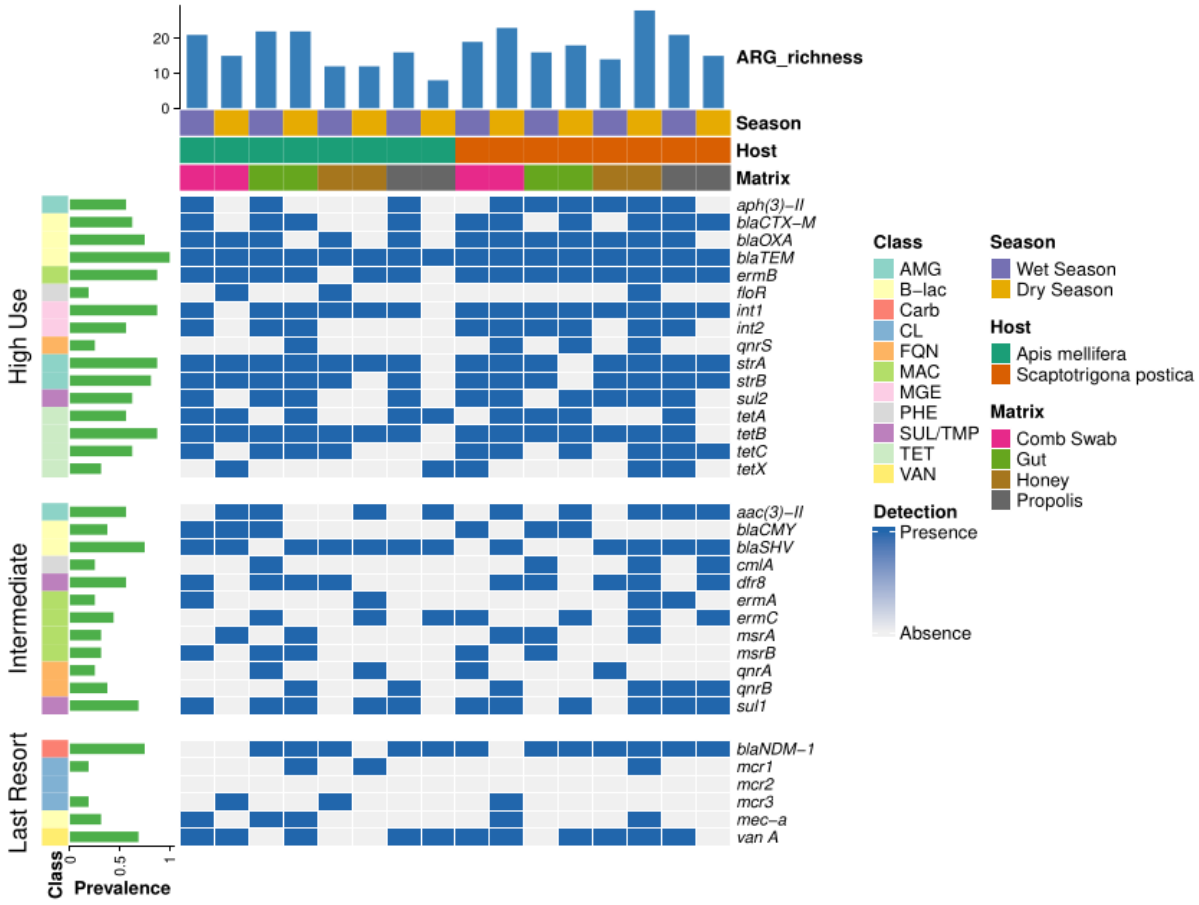
En la categoría de antibióticos de uso intermedio, se observó una presencia constante de genes que confieren resistencia a betalactámicos (blaSHV), sulfonamidas (sul1) y trimetoprim (dfr8). Finalmente, se identificaron genes de resistencia de último recurso, incluyendo la carbapenemasa blaNDM-1 y los genes de resistencia a colistina mcr-1 y mcr-3, aunque su prevalencia fue menor en comparación con los genes de la categoría de uso frecuente.

3.2. Riqueza de genes de resistencia a antimicrobianos

Para determinar si la carga total de genes variaba por los factores ecológicos, se analizó la riqueza de GRAs (Fig. 2A). No se observaron diferencias estadísticamente significativas en el número de genes entre la época húmeda y la época seca ($W = 21.5$, $p = 0.29$). De

manera similar, la riqueza de genes no mostró variaciones entre las dos especies analizadas (W = 32.0, p = 1.0) (Fig. 2B).

Figura 1. Perfil de genes de resistencia a antimicrobianos El mapa de calor ilustra la presencia y ausencia de los 34 genes analizados. Las muestras están organizadas jerárquicamente por matriz biológica especie de hospedero y estación. Los genes se categorizan según su relevancia en salud pública del antimicrobiano al que confieren resistencia. Las barras superiores representan la riqueza de genes. Las barras laterales derechas muestran la prevalencia global de cada gen en el estudio. Las clases de



En cuanto a las matrices biológicas, a pesar de las diferencias físicoquímica de la miel, el propóleo, el intestino y el hisopado de panal, no se identificaron nichos con una acumulación de genes (Kruskal-Wallis, chi^2 = 3.42, df = 3, p = 0.33) (Fig. 2C).

3.3 Factores que determinan la composición de genes

Para evaluar las diferencias en la composición de los genes de resistencia, se realizó un análisis de escalamiento multidimensional no métrico (NMDS) basado en la disimilitud de Jaccard (Fig. 3). Reveló una agrupación de las muestras influenciada por la especie de hospedero. El análisis PERMANOVA marginal reveló que la especie de abeja es un factor significativo en la composición de genes ($R^2 = 0.115$, $p = 0.021$). Por el contrario, la época del año no presentó un efecto significativo ($R^2 = 0.039$, $p = 0.858$). La matriz de la muestra explicó el 24.9% de la varianza total, aunque con una significancia marginal ($p = 0.070$).

Por último, las pruebas de homogeneidad de la dispersión multivariada no indicaron diferencias significativas entre los grupos, lo que confirma que las diferencias se deben a la variación en la composición de la comunidad, más que a la dispersión.

3.4. Perfil de resistencia entre matrices biológicas

Para evaluar la distribución y compartimentación de los GRAs, se realizó un análisis de intersecciones mediante un UpSet Plot, considerando el total de genes detectados en las cuatro matrices biológicas (Fig. 4). El análisis reveló que 20 genes son compartidos por todas las matrices. Se observaron subconjuntos de genes exclusivamente en algunas matrices, pero fueron menores.

3.5. Posibles interacciones y patrones de coexistencia

Para evaluar las interacciones potenciales y el riesgo de dispersión de la resistencia en el ecorefugio, se construyó una red de coocurrencia basada en las clases de antibióticos (Fig. 5). La red mostró un núcleo de interacciones con pesos de asociación entre 0.8 y 0.9, vinculando clases de betalactámicos, tetraciclinas, aminoglucósidos y sulfonamidas, además de los elementos genéticos móviles en la zona central del núcleo. Algunas clases como los fenicoles y la colistina aparecen en pequeños grupos aislados.

Figura 2. Riqueza de genes categorizados según tres factores principales. (A) Época el año (p = 0.29); (B) Especie de hospedero (p = 1.0) y (C) Matriz biológica, (n = 16). Las líneas horizontales indican la mediana, las cajas el rango intercuartílico y los bigotes la dispersión de los datos.

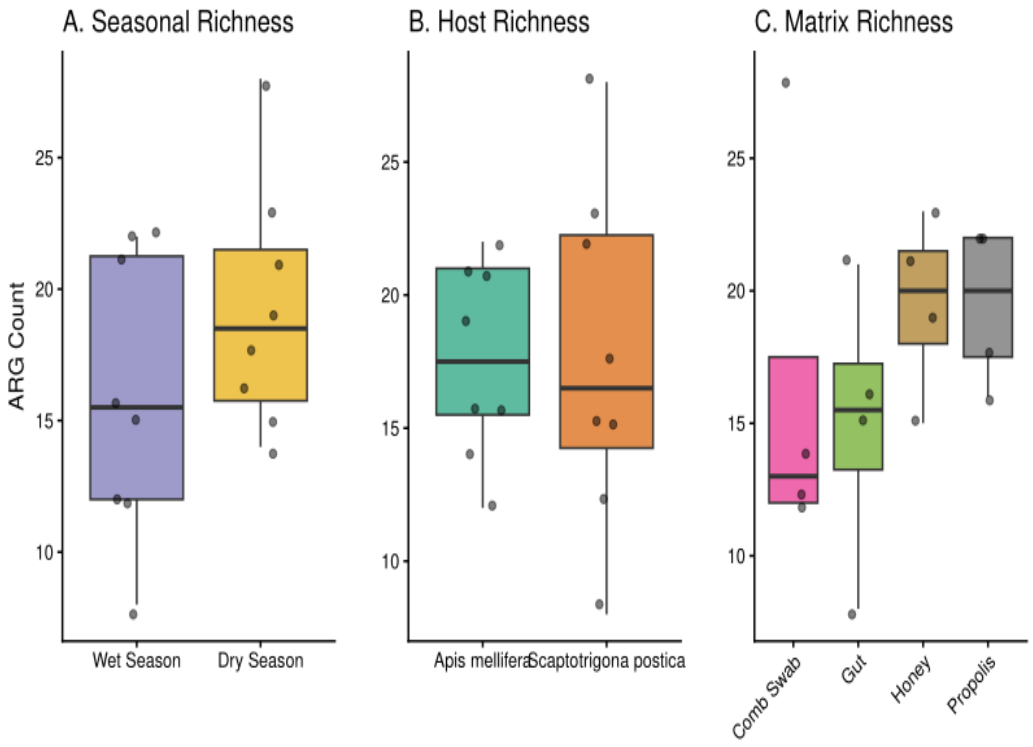


Figura 3. Ordenación NMDS de los perfiles de resistencia en abejas de Coroico. El gráfico ilustra la similitud en la composición de los 34 genes analizados utilizando el índice de distancia de Jaccard. Las muestras están diferenciadas por especie de hospedero (colores) y matriz biológica (formas). El valor de stress de 0.141 confirmando una buena representación de los datos.

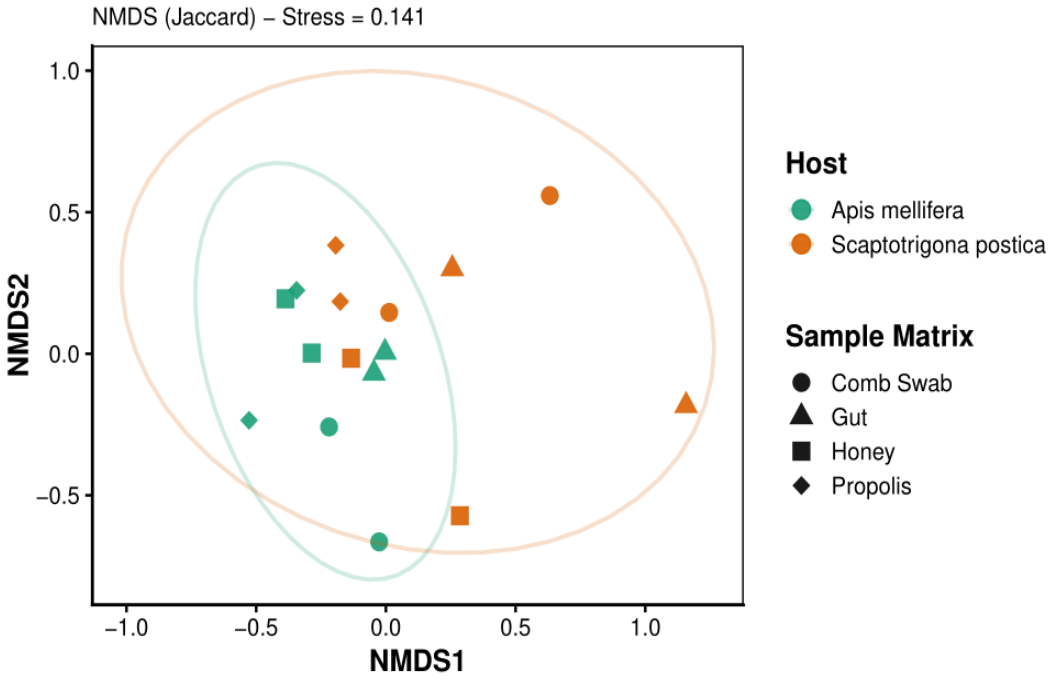


Figura 4. Intersección de los GRAs entre las matrices biológicas. El UpSet Plot visualiza el número de genes compartidos y exclusivos entre el intestino, miel, propóleo e hisopado de panal. Las barras horizontales a la izquierda (Set Size) indican el número total de genes presentes en cada matriz.

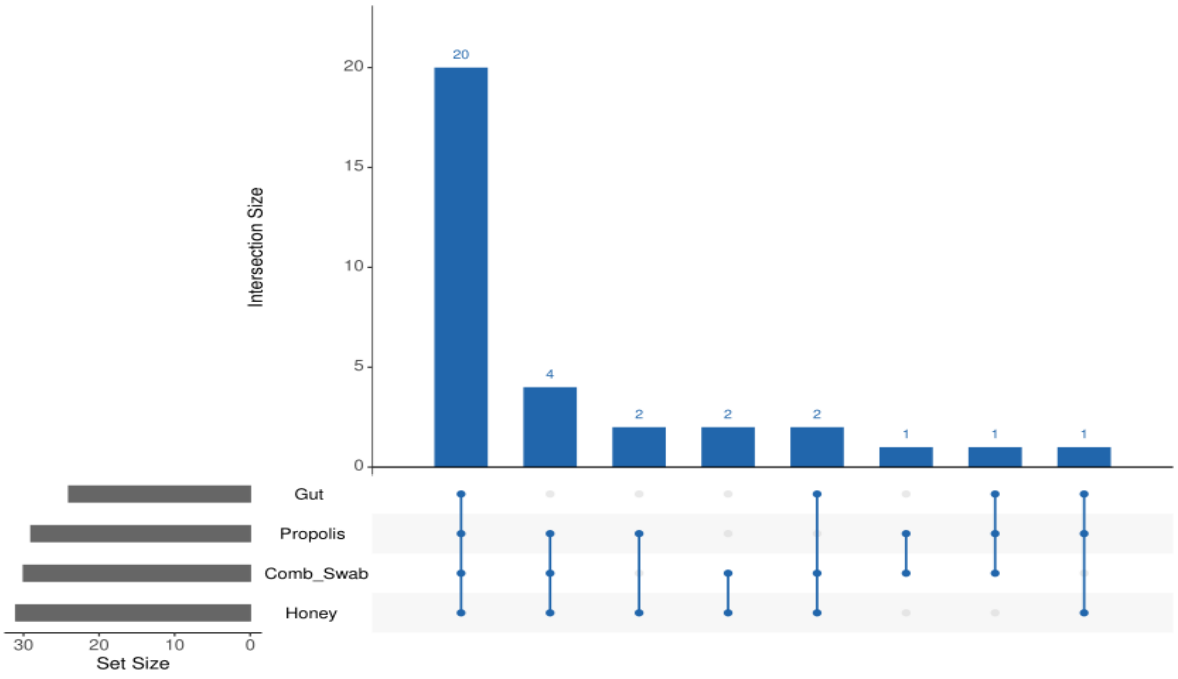
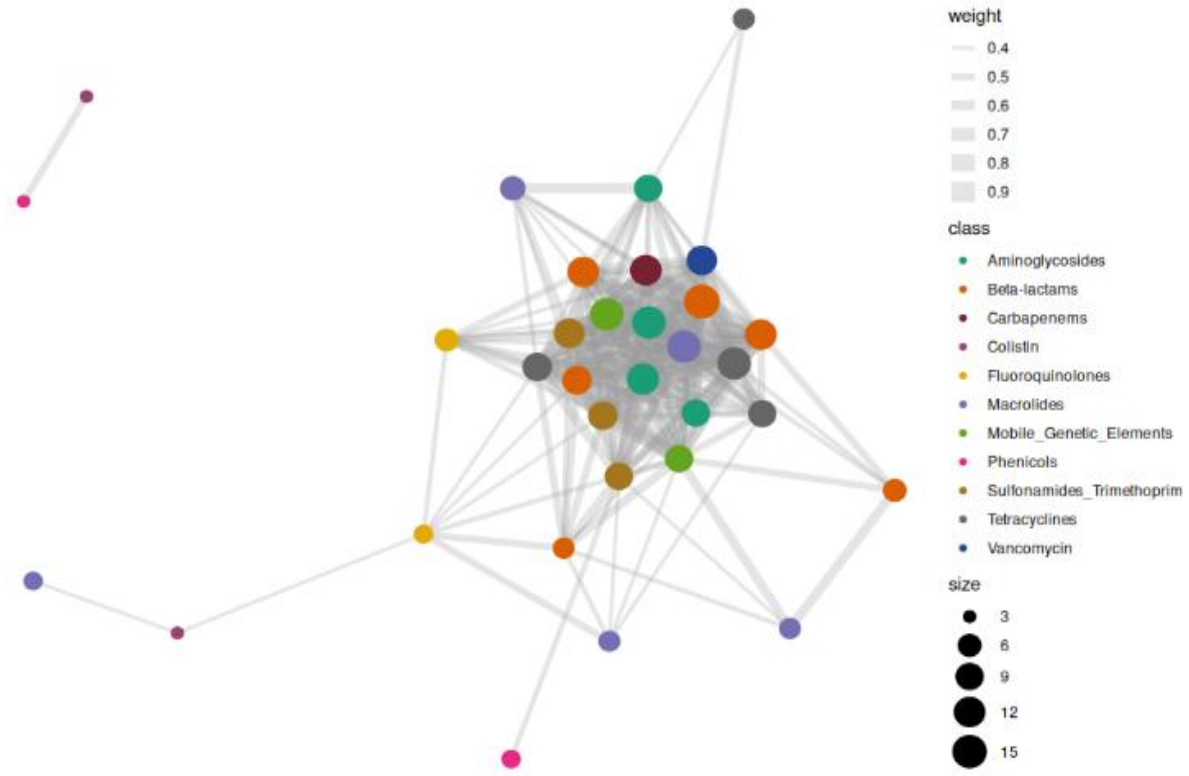


Figura 5. Red de co-ocurrencia de genes. Los nodos están coloreados según la clase de antibiótico a la que pertenecen. Las líneas indican asociaciones positivas significativas, donde el grosor de la línea representa la fuerza de la coocurrencia. Se resalta un núcleo central altamente interconectado que integra múltiples clases de resistencia y elementos genéticos móviles



4. Conclusión

El presente estudio caracteriza de forma exploratoria el resistoma de *Apis mellifera* y *Scaptotrigona postica* en un ecorefugio de los Yungas bolivianos bajo la perspectiva de Una Salud. Los resultados muestran que la cantidad de ARGs es estable a través de épocas, especies y matrices, pero su composición está estructurada principalmente por la especie hospedadora.

La detección de blaNDM-1, mcr-1 y mcr-3 en un entorno con actividad humana limitada constituye el hallazgo clínico más importante. Al conferir resistencia a carbapenémicos y colistina, su circulación fuera del ámbito hospitalario representa una alerta crítica desde la perspectiva de Una Salud (Bengtsson-Palme et al., 2018), sugiriendo que los ecosistemas silvestres pueden actuar como reservorios donde estos genes persisten sin presión clínica directa. Es especialmente significativo encontrarlos en matrices como la miel y el propóleo, cuya acidez, osmolaridad y capacidad oxidativa constituyen barreras fisicoquímicas considerables (Schell et al., 2022), consistente con la evidencia de que los ARGs de último recurso poseen alto potencial de movilización hacia patógenos (Inda-Díaz et al., 2023).

La riqueza de GRAs no varió significativamente entre épocas ($W = 21.5$, $p = 0.29$), especies ($W = 32.0$, $p = 1.0$) ni matrices ($H = 3.42$, $p = 0.33$), lo que sugiere una carga basal constante sostenida por la homeostasis microbiana de la colmena más que por una contaminación reciente (Foster et al., 2024; Prasad, 2017; Raymann, 2021). El PERMANOVA identificó la especie como el principal estructurador de la composición del resistoma ($R^2 = 0.115$, $p = 0.021$), mientras la época no mostró efecto ($R^2 = 0.039$, $p = 0.858$), confirmando que cada especie actúa como un filtro biológico que selecciona su propio conjunto de determinantes (Hai et al., 2026; Sun et al., 2022). Esta divergencia refleja las historias biológicas opuestas de ambas especies: *A. mellifera* moldeada por décadas de manejo intensivo y uso de antibióticos (Prasad, 2017; Raymann, 2021), y *S. postica* con una microbiota simbiótica propia nunca expuesta a esas presiones (Maurice-Lira et al., 2024; Ngalimat et al., 2020).

El UpSet plot reveló que 20 de los 33 genes detectados son compartidos por las cuatro matrices simultáneamente, con muy pocos genes exclusivos ($R^2 = 0.249$, $p = 0.070$), confirmando que la colmena es una unidad epidemiológica integrada donde los genes

circulan libremente entre compartimentos físicamente distintos (Bengtsson-Palme et al., 2018; Cilia et al., 2023). La red de co-ocurrencia mostró un núcleo denso — pesos entre 0.8 y 0.9 — con *int1* e *int2* como hubs centrales, evidenciando que los integrones son los principales motores de movilidad génica en el sistema y que la infraestructura molecular para la transferencia y diseminación de ARGs ya está presente (Inda-Díaz et al., 2023; Robinson et al., 2025).

Para investigaciones futuras se recomienda ampliar el tamaño muestral e incorporar más sitios de muestreo que permitan mayor potencia estadística, aplicar qPCR para cuantificar la carga real de ARGs e identificar taxonómicamente las bacterias portadoras de los genes de último recurso detectados. La inclusión de datos sobre uso de antibióticos en el entorno agropecuario cercano permitiría además establecer vínculos causales que este diseño no puede resolver. A largo plazo, integrar sistemas apícolas nativos e introducidos en redes de vigilancia ambiental de AMR en el Neotrópico representa una prioridad científica y sanitaria bajo el enfoque de Una Salud (de Jongh et al., 2022; Hai et al., 2026; Olivieri et al., 2026).

En conclusión, este estudio establece la primera línea base del resistoma apícola en un ecosistema andino-amazónico boliviano y demuestra que las abejas sociales, nativas e introducidas, son organismos centinela válidos para la vigilancia ambiental de la resistencia antimicrobiana en el Neotrópico. Aunque los resultados son preliminares dado el tamaño muestral reducido (n = 16), los hallazgos aquí presentados abren líneas de investigación relevantes y sustentan la incorporación de estos sistemas en marcos de monitoreo de Una Salud en la región.

Bibliografía

- Andrade-Velásquez, A., Hernández Sánchez, H., Dorantes-Álvarez, L., Palmeros-Sánchez, B., Torres-Moreno, R., Hernández-Rodríguez, D., & Melgar-Lalanne, G. (2023). Honey characterization and identification of fructophilic lactic acid bacteria of fresh samples from Melipona beecheii, Scaptotrigona pectoralis, Plebeia llorentei, and Plebeia jatiformis hives. *Frontiers in Sustainable Food Systems*, *7*, 1113920. https://doi.org/10.3389/fsufs.2023.1113920

- Bengtsson-Palme, J., Kristiansson, E., & Larsson, D. G. J. (2018). Environmental factors influencing the development and spread of antibiotic resistance. *FEMS Microbiol Rev*, *42*(1), fux053. https://doi.org/10.1093/femsre/fux053
- Bezirtzoglou, E. (2016). Emerging Antibiotic Resistance in Honey as a Hazard for Human Health. *Journal of Bacteriology & Mycology: Open Access*, *2*(1). https://doi.org/10.15406/jbmoa.2016.02.00012
- Cilia, G., Resci, I., Scarpellini, R., Zavatta, L., Albertazzi, S., Bortolotti, L., Nanetti, A., & Piva, S. (2023). Antimicrobial-Resistant Environmental Bacteria Isolated Using a Network of Honey Bee Colonies (Apis mellifera L. 1758). *Transboundary and Emerging Diseases*, *2023*(1), 5540574. https://doi.org/10.1155/2023/5540574
- Daisley, B. A., Pitek, A. P., Chmiel, J. A., Gibbons, S., Chernyshova, A. M., Al, K. F., Faragalla, K. M., Burton, J. P., Thompson, G. J., & Reid, G. (2020). Lactobacillus spp. attenuate antibiotic-induced immune and microbiota dysregulation in honey bees. *Communications Biology 2020 3:1*, *3*(1), 534-. https://doi.org/10.1038/s42003-020-01259-8
- de Jongh, E. J., Harper, S. L., Yamamoto, S. S., Wright, C. J., Wilkinson, C. W., Ghosh, S., & Otto, S. J. G. (2022). One Health, One Hive: A scoping review of honey bees, climate change, pollutants, and antimicrobial resistance. *PLoS ONE*, *17*(2 February). https://doi.org/10.1371/journal.pone.0242393
- Foster, L. J., Tsvetkov, N., & McAfee, A. (2024). Mechanisms of Pathogen and Pesticide Resistance in Honey Bees. *Https://Doi.Org/10.1152/Physiol.00033.2023*, *39*(4). https://doi.org/10.1152/physiol.00033.2023
- Hai, Q., Li, D., Huang, T., Dang, X., Xu, J., Ma, Z., & Zhou, Z. (2026). The Honeybee Gut Microbiome: A Novel Multidimensional Model of Antimicrobial Resistance Transmission and Immune Homeostasis from Environmental Interactions to Health Regulation. *FEMS Microbiology Reviews*. https://doi.org/10.1093/femsre/fuag001
- Inda-Díaz, J. S., Lund, D., Parras-Moltó, M., Johnning, A., Bengtsson-Palme, J., & Kristiansson, E. (2023). Latent antibiotic resistance genes are abundant, diverse, and

mobile in human, animal, and environmental microbiomes. *Microbiome*, *11*(1). https://doi.org/10.1186/s40168-023-01479-0

- Lavinas, F. C., Macedo, E. H. B. C., Sá, G. B. L., Amaral, A. C. F., Silva, J. R. A., Azevedo, M. M. B., Vieira, B. A., Domingos, T. F. S., Vermelho, A. B., Carneiro, C. S., & Rodrigues, I. A. (2019). Brazilian stingless bee propolis and geopropolis: promising sources of biologically active compounds. In *Revista Brasileira de Farmacognosia* (Vol. 29, Number 3, pp. 389–399). Elsevier Editora Ltda. https://doi.org/10.1016/j.bjp.2018.11.007
- Maurice-Lira, J. V., Romero-Nápoles, J., Ferrera-Cerrato, R., Flores-Maldonado, K. Y., Pérez-Moreno, J., Guzmán-Franco, A. W., & González-Hernández, H. (2024). The microbiota of stingless bees: adaptive advantages in their development, feeding, and protection. In *Entomologia Generalis* (Vol. 44, Number 4, pp. 779–795). Schweizerbart Science Publishers. https://doi.org/10.1127/entomologia/2024/2360
- Ngalimat, M. S., Abd Rahman, R. N. Z. R., Yusof, M. T., Amir Hamzah, A. S., Zawawi, N., & Sabri, S. (2020). A review on the association of bacteria with stingless bees. In *Sains Malaysiana* (Vol. 49, Number 8, pp. 1853–1863). Penerbit Universiti Kebangsaan Malaysia. https://doi.org/10.17576/jsm-2020-4908-08
- Ocaña-Cabrera, J. S., Martin-Solano, S., & Saegerman, C. (2025). Environmental Sources of Possible Associated Pathogens and Contaminants of Stingless Bees in the Neotropics. In *Insects* (Vol. 16, Number 4). Multidisciplinary Digital Publishing Institute (MDPI). https://doi.org/10.3390/insects16040350
- Oldroyd, B. P. (2007). What's killing American honey bees? In *PLoS Biology* (Vol. 5, Number 6, pp. 1195–1199). https://doi.org/10.1371/journal.pbio.0050168
- Olivieri, S., Zoccola, R., Beltramo, C., Guasco, C., Carisio, L., Trossi, A., Dondo, A., Peletto, S., & Goria, M. (2026). *Antimicrobial Resistance Genes (ARGs) Monitoring and Gut Microbiota Profiling in Honey Bees from an Intensive Livestock Farming Area*. https://doi.org/10.20944/preprints202602.1204.v1
- Piva, S., Giacometti, F., Marti, E., Massella, E., Cabbri, R., Galuppi, R., & Serraino, A. (2020). Could honey bees signal the spread of antimicrobial resistance in the

environment? *Letters in Applied Microbiology*, *70*(5), 349–355. https://doi.org/10.1111/lam.13288

- Prasad, N. (2017). *Genomic Analysis of Antibiotic Resistance in Microbiota of Honey Bees*. http://hdl.handle.net/2152/46757
- Ramos-Cuellar, A. K., De la Mora, A., Contreras-Escareño, F., Morfin, N., Tapia-González, J. M., Macías-Macías, J. O., Petukhova, T., Correa-Benítez, A., & Guzman-Novoa, E. (2022). Genotype, but Not Climate, Affects the Resistance of Honey Bees (Apis mellifera) to Viral Infections and to the Mite Varroa destructor. *Veterinary Sciences*, *9*(7), 358. https://doi.org/10.3390/vetsci9070358
- Raymann, K. (2021). Honey Bee Microbiota and the Physiology of Antimicrobial Resistance. *Honey Bee Medicine for the Veterinary Practitioner*, 125–134. https://doi.org/10.1002/9781119583417.ch9
- Resci, I., & Cilia, G. (2023). The use of honey bee (Apis mellifera L.) as biological monitors for pathogenic bacteria and antimicrobial resistance: A systematic review. In *Environmental Pollution* (Vol. 333). Elsevier Ltd. https://doi.org/10.1016/j.envpol.2023.122120
- R.L. Ferreira, S., L. Araújo, J., S. Franco, M., & Muto, N. (2025). *The Role of Honey Microbiota from Native Stingless Bees of the Amazon: Microbial Diversity and Antimicrobial Activity*. https://doi.org/10.5772/intechopen.1006859
- Robinson, C. R. P., Dolezal, A. G., Liachko, I., & Newton, I. L. G. (2025). *Mobile genetic elements exhibit associated patterns of host range variation and sequence diversity within the gut microbiome of the European Honey bee*. https://doi.org/10.1101/2025.01.31.635958
- Schell, K. R., Fernandes, K. E., Shanahan, E., Wilson, I., Blair, S. E., Carter, D. A., & Cokcetin, N. N. (2022). The Potential of Honey as a Prebiotic Food to Re-engineer the Gut Microbiome Toward a Healthy State. In *Frontiers in Nutrition* (Vol. 9). Frontiers Media S.A. https://doi.org/10.3389/fnut.2022.957932
- Sun, H., Mu, X., Zhang, K., Lang, H., Su, Q., Li, X., Zhou, X., Zhang, X., & Zheng, H. (2022). Geographical resistome profiling in the honeybee microbiome reveals

resistance gene transfer conferred by mobilizable plasmids. *Microbiome*, *10*(1). https://doi.org/10.1186/s40168-022-01268-1

- Veress, A., Nagy, T., Wilk, T., Kömüves, J., Olasz, F., & Kiss, J. (2020). Abundance of mobile genetic elements in an Acinetobacter lwoffii strain isolated from Transylvanian honey sample. *Scientific Reports 2020 10:1*, *10*(1), 2969-. https://doi.org/10.1038/s41598-020-59938-9

CONGRESO INTERNACIONAL DE CIENCIAS PURAS Y NATURALES (CI – FCPN) LX AÑOS

Facultad de Ciencias Puras y Naturales – Universidad Mayor de San Andrés

Estudio comparativo de colmenas de abejas nativas y melíferas como bioindicadores de genes de resistencia antimicrobiana en los Yungas bolivianos

Apaza-Alvarez Nayla[1], Morales-Belpaire Isabel[2], Salas-Veizaga Daniel[1], Alvarez-Aliaga María[1]

[1]Instituto de Investigaciones Fármaco Bioquímicas, Facultad de Ciencias Farmacéuticas y Bioquímicas, Universidad Mayor de San Andrés, La Paz, Bolivia

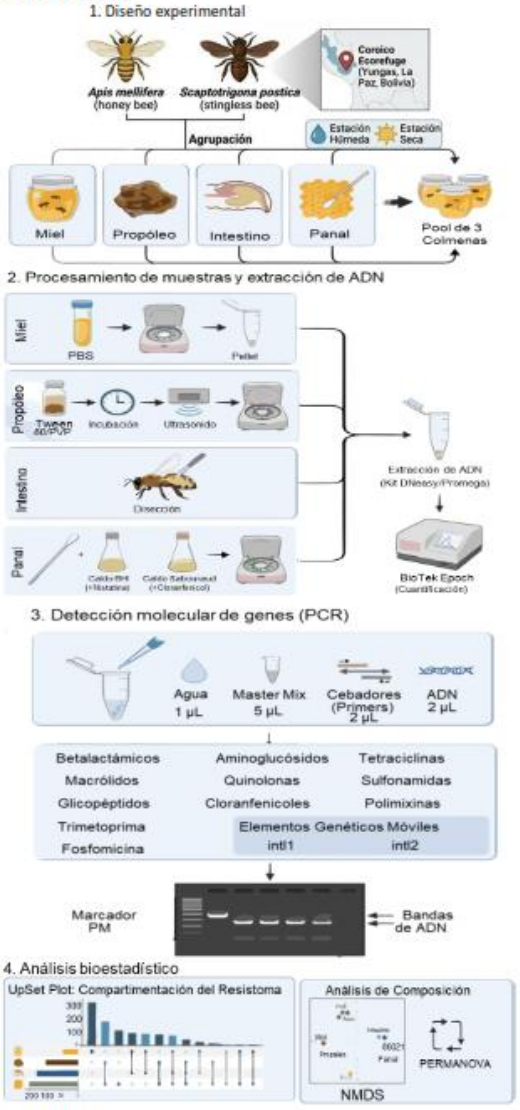
[2]Instituto de Biología Molecular y Biotecnología. Carrera de 13 Biología. Facultad de Ciencias Puras y Naturales. Universidad Mayor de San Andrés, La Paz, Bolivia

INTRODUCCIÓN

La resistencia antimicrobiana (AMR) es una de las mayores amenazas para la salud global ya que compromete la salud humana, animal y ambiental bajo el enfoque de Una Salud. Los ecosistemas naturales actúan como reservorios y vías de diseminación de genes de resistencia (ARGs), incluso en ausencia de una presión de selección clínica directa.

Las abejas poseen un rol clave como centinelas ambientales debido a su amplio rango de forrajeo, concentrando elementos microbiológicos de su entorno en la colmena. Este estudio tuvo como objetivo evaluar y comparar la presencia y distribución de ARGs en colmenas de abejas melíferas *Apis mellifera* y abejas nativas sin aguijón *Scaptotrigona postica* en el municipio de Coroico (Yungas, Bolivia), estableciendo una línea base epidemiológica en la región.

METODOLOGÍA



RESULTADOS

Se detectaron 33 de los 34 genes evaluados en el ecosistema apícola de los Yungas (Fig1). Los ARGs orientados a antibióticos de uso frecuente (tetraciclinas y betalactámicos) presentaron una prevalencia mayor al 90%, seguidos por un 60% en familias de uso intermedio (sulfonamidas y quinolonas). Se confirmó la presencia de genes de resistencia a antibióticos de último recurso clínico, específicamente *blaNDM-1* (resistencia a carbapenémicos) y variantes de *mcr-1* (resistencia a colistina) en matrices de ambas especies.

Para evaluar qué factores cambian la estructura de este resistoma, se aplicó un análisis PERMANOVA de la composición de los genes (Tabla 1).

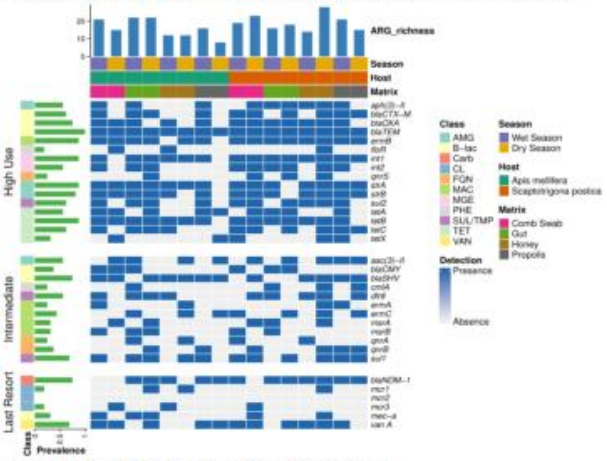


Figura 1. Perfil de genes de resistencia a antimicrobianos

Factor evaluado	*Varianza (R^2)*	*Significancia (p-valor)*
Especie de hospedero	11.50%	0.021*
Época estacional	3.80%	0.29
Matriz de la colmena	11.90%	0.33

Tabla 1. Análisis de varianza PERMANOVA

A diferencia de la época o la matriz, el impacto significativo de la especie se visualiza claramente en el análisis de ordenamiento (Fig.2)

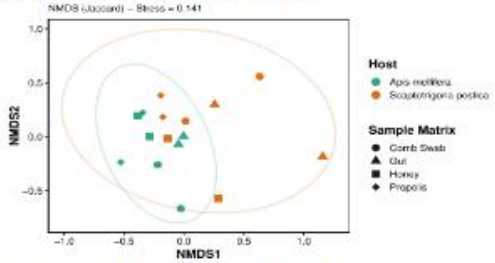


Figura 2. Ordenación NMDS de los perfiles de resistencia.

La distribución de ARGs se agrupan significativamente según la especie de abeja ($p = 0.021$), demostrando que *A. mellifera* y *S. postica* actúan como filtros biológicos distintos a pesar de compartir el mismo entorno. Finalmente, el análisis de intersecciones reveló que 20 genes son compartidos por todas las matrices (Fig. 3). Esto confirma que la colmena funciona como una unidad epidemiológica interconectada, donde las integrasas *intI1* e *intI2* se perfilan como los principales motores de movilidad génica en el sistema.

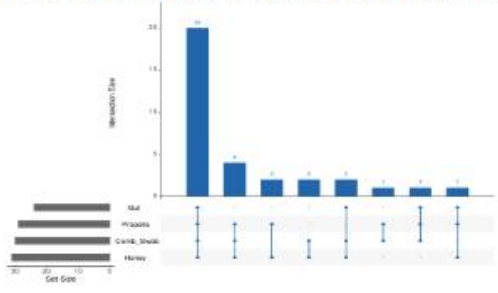


Figura 4. Intersección de los GRAs entre las matrices biológicas.

CONCLUSIONES

Tanto *A. mellifera* como *S. postica* son bioindicadores altamente eficientes para el monitoreo y la vigilancia de la resistencia antimicrobiana en los entornos agroecológicos de los Yungas. La detección de 33 de los 34 genes evaluados, incluyendo genes de alerta clínica crítica como *blaNDM-1* y *mcr*, evidencia una dispersión de la AMR fuera del ámbito hospitalario hacia ecosistemas naturales. Asimismo, se demuestra que mientras el entorno dicta la carga basal, la especie funciona como un filtro biológico que define la estructura e identidad específica de su resistoma. Estos hallazgos evidencian la conexión de la colmena y la urgencia de establecer programas de monitoreo ambiental bajo el enfoque integral de Una Salud.

Caracterización genómica del potencial probiótico de Metschnikowia sp. aislada de miel de Scaptotrigona postica

(Poster)

Lizeth Pamela Laura Mejia (1), Isabel Morales Belpaire (2), Daniel Salas Veizaga (1), María Teresa Álvarez Aliaga(1).

(1) Instituto de Investigaciones Fármaco Bioquímicas, Facultad de Ciencias Farmacéuticas y Bioquímicas, Universidad Mayor de San Andrés, P.O. Box 3239, La Paz, Bolivia.

(2) Instituto de Biología Molecular y Biotecnología. Carrera de 13 Biología. Facultad de Ciencias Puras y Naturales. Universidad Mayor de San Andrés, La Paz, Bolivia.

Introducción

Los probióticos son microorganismos vivos que, administrados en cantidades adecuadas, confieren beneficios a la salud del hospedero (Hill et al., 2014). Tradicionalmente, la investigación en probióticos ha estado dominada por bacterias ácido lácticas de los géneros *Lactobacillus* y *Bifidobacterium*; sin embargo, en los últimos años las levaduras han ganado atención como probióticos emergentes debido a su capacidad para tolerar las condiciones adversas del tracto gastrointestinal, producir compuestos antimicrobianos y modular la respuesta inmune (Kunyait et al., 2023; Tamang & Lama, 2022). En este contexto, el género *Metschnikowia* ha emergido como un candidato prometedor por su capacidad para producir toxinas killer y compuestos tipo sideróforo como la pulcherrimina, que le confieren actividad antagónica contra hongos y bacterias patógenas (Sipiczki, 2020; Oro et al., 2014). En Bolivia, la abeja nativa *Scaptotrigona postica* (Meliponini) produce una miel de sabor ácido, que constituye una fuente poco explorada de microorganismos con potencial biotecnológico. Estudios previos han demostrado que la miel de abejas meliponinas posee una microbiota única, con predominancia de levaduras y bacterias con actividad antimicrobiana y propiedades probióticas (Basharat et al., 2023; Bin Hafeez et al., 2024). Con

los avances en tecnologías de secuenciación y herramientas bioinformáticas, el análisis genómico *in silico* permite evaluar simultáneamente atributos funcionales (tolerancia a estrés, adhesión, producción de vitaminas), perfiles de seguridad (ausencia de genes de virulencia y resistencia a antibióticos transferibles) y el potencial metabólico de cepas candidatas (Guinane et al., 2016; Kandasamy et al., 2024). Por lo tanto, el objetivo de este estudio fue caracterizar el genoma completo de *Metschnikowia* sp., una cepa novedosa aislada de miel de *Scaptotrigona postica* en Bolivia, para identificar genes asociados a propiedades probióticas, detectar clusters de metabolitos secundarios con potencial antimicrobiano, evaluar su perfil de seguridad y confirmar su estatus taxonómico mediante análisis de ANI, proporcionando así una base genómica sólida para futuros estudios fenotípicos.

MATERIALES Y MÉTODOS

Cepa microbiana y aislamiento

Metschnikowia sp. fue aislada a partir de muestras de miel de *Scaptotrigona postica* (abeja meliponina sin aguijón) recolectadas en la región de Yungas, Bolivia. El aislamiento se realizó mediante cultivo en agar YPD (extracto de levadura, peptona, dextrosa) suplementado con cloranfenicol (0,1 g/L) para inhibir el crecimiento bacteriano, con incubación a 30°C durante 48 horas. Las colonias de levadura fueron purificadas por estrías sucesivas y preservadas en caldo YPD con glicerol al 20% (v/v) a -80°C.

Secuenciación y ensamblaje del genoma

El ADN genómico de *Metschnikowia sp*. fue extraído utilizando el kit DNeasy PowerSoil Pro (Qiagen, Hilden, Alemania) siguiendo las instrucciones del fabricante. La secuenciación del genoma completo se realizó en plataforma Illumina NextSeq 500 (2 × 150 pb) en colaboración con el departamento de Scilifelab de Uppsala University, Suecia. Los reads crudos fueron filtrados para eliminar adaptadores y secuencias de baja calidad (Phred score < Q20) utilizando Trimmomatic v0.39 (Bolger et al., 2014). El ensamblaje de novo se realizó utilizando SPAdes v3.15.4 (Bankevich et al., 2012) con parámetros por defecto. La calidad del ensamblaje fue evaluada con QUAST v5.2.0 (Gurevich et al., 2013) y BUSCO v5.4.6

(Seppey et al., 2019) utilizando la base de datos saccharomyceta_odb9 (1.759 grupos BUSCO).

Análisis taxonómico y ANI

La identidad a nivel de especie se determinó mediante el cálculo del Average Nucleotide Identity (ANI) utilizando el servidor web JSpeciesWS (Richter et al., 2016) y FastANI (Jain et al., 2018). Los genomas de referencia de especies de Metschnikowia fueron descargados de NCBI GenBank. Se consideró un umbral de ANI < 95% para la delimitación de una nueva especie, según lo establecido para el género Metschnikowia (Lachance et al., 2020).

Anotación funcional del genoma

La anotación estructural y funcional del genoma fue realizada utilizando el pipeline funannotate v1.8.17 (Palmer y Stajich, 2020) con los siguientes parámetros: Búsqueda de BUSCO: saccharomyceta_odb9. Predictores de genes: Augustus (Stanke et al., 2006), GeneMark-ES (Ter-Hovhannisyan et al., 2008), y Braker (Brůna et al., 2021).

Bases de datos para anotación funcional: Pfam v38.1 (27.481 entradas): Para identificación de dominios proteicos (Mistry et al., 2021). UniProt v2024_01 (574.627 entradas): Mediante DIAMOND v2.0.15 (Buchfink et al., 2021). InterProScan v108.0 (51.489 entradas): Para integración de múltiples bases de datos (Jones et al., 2014). MEROPS v12.5 (5.098 entradas): Para identificación de peptidasas (Rawlings et al., 2018). dbCAN v14.0 (699 entradas): Para anotación de enzimas activas en carbohidratos (CAZymes) (Zhang et al., 2018)

Anotación de genes de interés probiótico

Se realizó una búsqueda sistemática de genes asociados a características probióticas mediante minería de texto y BLASTp contra la base de datos UniProt. Los términos de búsqueda incluyeron: Tolerancia a estrés térmico,, heat shock protein, Hsp70, Hsp90, Hsp78, chaperonin, ClpB, tolerancia a estrés ácido H+-ATPase, Pma1, V-ATPase, vacuolar ATPase, pH homeostasis, estrés oxidativo superoxide dismutase, catalase, glutathione peroxidase, thioredoxin, SOD, integridad de pared celular beta-glucan synthase, chitin synthase, mannosyltransferase, GPI anchor, osmoprotección trehalose-6-phosphate synthase, trehalase, glycerol transporter, biosíntesis de vitaminas riboflavin synthase, biotin synthase, folate biosynthesis, thiamine, adhesión flocculin, adhesin, cell wall protein,

mannoprotein. Los genes identificados fueron verificados mediante búsqueda de dominios conservados en Pfam e InterProScan.

Evaluación de seguridad

El perfil de seguridad de la cepa fue evaluado mediante múltiples herramientas: Genes de resistencia a antibióticos: Se utilizaron las bases de datos CARD v3.2.9 (Alcock et al., 2023) mediante RGI (Resistance Gene Identifier) y ResFinder v4.1 (Bortolaia et al., 2020) con umbrales de identidad ≥90% y cobertura ≥60%.

Factores de virulencia: Se realizaron búsquedas contra VFDB (Virulence Factor Database) (Liu et al., 2022) y VirulenceFinder v2.0.3 (Joensen et al., 2014). Elementos genéticos móviles: Insertion sequences (IS): Búsqueda en ISfinder (Siguier et al., 2006) con e-value ≤ 1e-5, profagos: Identificación mediante PHASTER (Arndt et al., 2016), CRISPR-Cas: Detección con CRISPRCasFinder (Couvin et al., 2018) y plásmidos: Búsqueda con PlasmidFinder (Carattoli et al., 2014)

Metabolitos no deseados

Se buscaron genes asociados a producción de micotoxinas (aflatoxinas, fumonisinas, ocratoxinas) y aminas biogénicas (descarboxilasas de histidina, tirosina, lisina u ornitina) mediante BLASTp contra bases de datos especializadas (Bin Hafeez et al., 2024; Chokesajjawatee et al., 2020).

Predicción de patogenicidad: Se utilizó PathogenFinder v1.1 (Cosentino et al., 2013) para estimar la probabilidad de que la cepa sea patógena para humanos.

Identificación de genes de actividad antimicrobiana (Killer Toxin)

La busqueda de clusters de genes asociados a toxina killer y sideróforos tipo pulcherrimin se realizó mediante BAGEL4 (van Heel et al., 2018) y antiSMASH. Se prestó especial atención a genes con dominios de biosíntesis de terpenos y sideróforos.

Análisis de CAZymes

Las enzimas activas en carbohidratos (CAZymes) fueron anotadas mediante dbCAN v14.0 (Zhang et al., 2018) utilizando el meta-servidor dbCAN2. Se consideraron como positivas las predicciones validadas por al menos dos de los siguientes métodos: HMMER (E-value ≤ 1e-15), DIAMOND (E-value ≤ 1e-102), y dbCAN-sub (E-value ≤ 1e-15). Las familias CAZy

identificadas incluyeron Glicósido Hidrolasas (GH), Glicosil Transferasas (GT), Carbohidrato Esterasas (CE), Polisacárido Liasas (PL), Módulos de Unión a Carbohidratos (CBM) y Actividades Auxiliares (AA).

Resultados

Secuenciación, ensamblaje y evaluación del genoma

El genoma de *Metschnikowia sp. honey* fue ensamblado a partir de lecturas de nanoporos de tercera generación utilizando Flye, obteniéndose un ensamblado inicial de 21,77 Mb distribuido en 1.538 contigs con un N50 de 245.372 pb. El pulido con Polypolish no modificó el tamaño ni el contenido GC (41,09%), pero mejoró la precisión de las secuencias a nivel de nucleótido. El ensamblado final, obtenido mediante anclaje cromosómico con RagTag, resultó en 1.491 scaffolds con un N50 de 1.535.975 pb y un L50 de 4, reflejando una mejora sustancial en la contiguidad.

La evaluación de completitud mediante BUSCO (base de datos Saccharomycetes) reveló que el 99,3% de los genes de copia única esperados estaban presentes (89,3% en copia única, 10,0% en copia duplicada), indicando un genoma de alta calidad y completitud.

El mapa circular del genoma (Figura 1) muestra una distribución uniforme de genes codificantes en ambas hebras y un contenido GC relativamente homogéneo a lo largo del genoma, con algunas regiones de sesgo GC negativo que podrían corresponder a orígenes de replicación.

Figura 1. Mapa circular del genoma de Metschnikowia sp. Los anillos representan desde el exterior hacia el interior: (i-ii) genes codificantes (CDS, azul) en hebras positiva y negativa, respectivamente; (iii) ARN de transferencia (tRNA, rosa); (iv) ARN mensajero (mRNA, turquesa); (v) contenido GC (negro); (vi) sesgo GC positivo (verde) y negativo (morado). El genoma ensamblado tiene un tamaño total de 21,77 Mb distribuido en 1.491 scaffolds. Se indican genes de referencia seleccionados, incluyendo ERG20 (farnesil pirofosfato sintasa), genes del metabolismo central y genes de interés funcional.

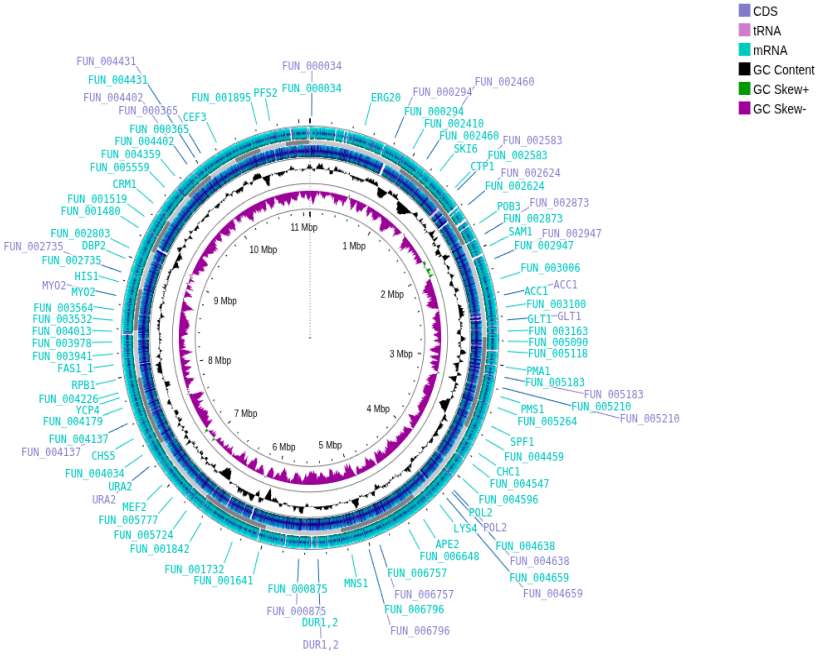


Tabla 1. *Datos del genoma ensamblado de Metschnikowia sp.*

Attribute	Value
Genome size (bp)	21,764,020
GC content (%)	41.09
Number of contigs	1,538
N50 (bp)	245,378
L50	20
N90 (bp)	4,719
L90	564
Total genes	7,061
Protein-coding genes (mRNA)	6,653
tRNA genes	408
Average gene length (bp)	1,487.88
Average protein length (aa)	399.27
Chromosomes	6

Genes with Pfam domain	4,193
Genes with known function	1,349
Hypothetical proteins	5,712
CAZyme genes	123
Peptidase genes (MEROPS)	240

Identificación filogenética

El árbol filogenético reconstruido a partir de la región LSU (28S) rRNA posicionó a la cepa LMA-01 (designada como "*Metschnikowia sp.*" en el árbol) dentro del género Metschnikowia (Figura 2). La cepa se ubica en una posición cercana a *M. agaves* y *M. hawaiiensis*, formando una rama bien diferenciada. El outgroup *Saccharomyces cerevisiae* se posicionó en la raíz del árbol, confirmando el correcto enraizamiento. Este resultado confirma la asignación de la cepa *Metschnikowia sp* al género Metschnikowia y sugiere una relación cercana con especies aisladas de flores e insectos polinizadores. Este resultado sugiere que la cepa *Metschnikowia sp.* podría representar una especie no descrita o una cepa altamente divergente dentro del género Metschnikowia, lo que resalta su singularidad genética.

Sin embargo, para determinar el estatus taxonómico se realizó el análisis de ANI entre Metschnikowia sp. y las especies más cercanas, lo que reveló valores inferiores al 95% con todas las especies de referencia analizadas, confirmando su estatus como nueva especie según el umbral estándar de delimitación de especies en levaduras (95-96% ANI). El análisis filogenético mediante IQ-TREE2 ubicó a la cepa en una posición filogenética independiente dentro del género Metschnikowia, el nodo que la define como linaje independiente. La tipificación digital mediante TYGS confirmó este resultado.

Figura 2. Árbol filogenético de máxima verosimilitud basado en la región LSU (28S) rRNA. Los valores de bootstrap (>70%) se muestran en los nodos. La cepa LMA-01 (resaltada en rojo) forma una rama independiente dentro del género Metschnikowia. Saccharomyces cerevisiae fue utilizado como grupo externo.

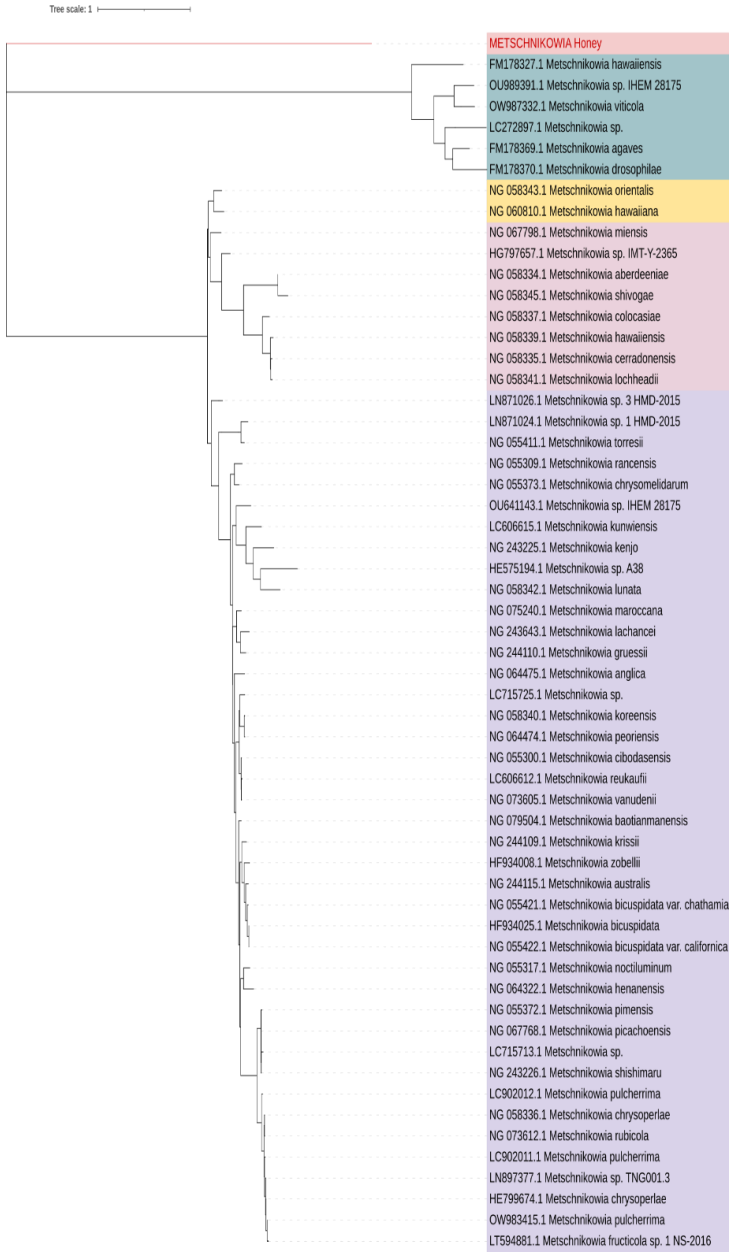
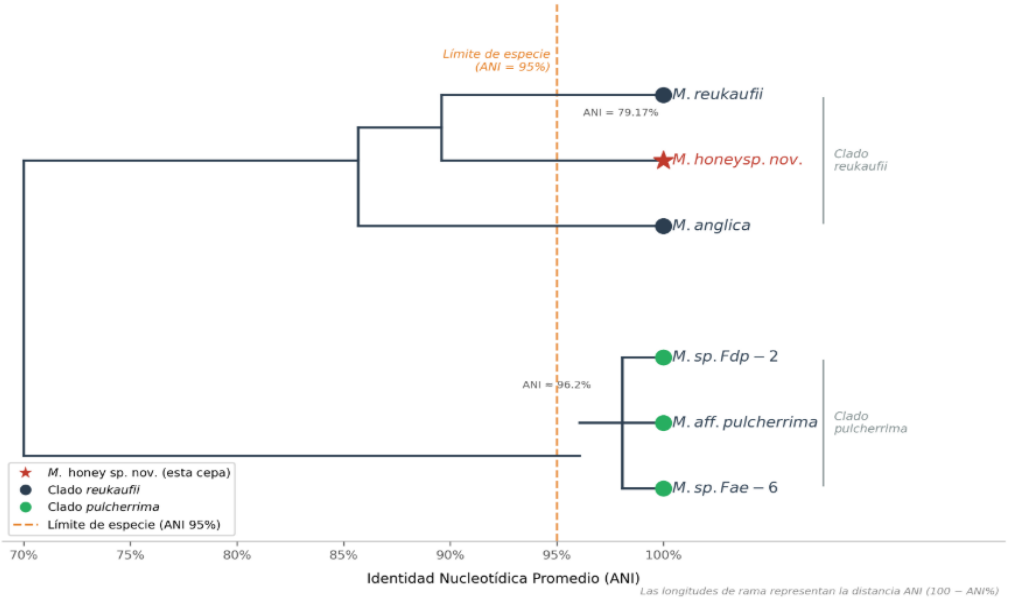


Figura 3. Análisis de identidad nucleotídica promedio (ANI) entre *Metschnikowia* sp. nov. (cepa estudiada) y especies representativas del género *Metschnikowia*. La línea discontinua vertical indica el umbral de delimitación de especie (95% ANI). La cepa *Metschnikowia* sp. nov. presenta valores de ANI inferiores al umbral respecto a sus especies más cercanas,

incluyendo *M. reukaufii* (79,17%) y *M. anglica*, lo que respalda su clasificación como una nueva especie. En contraste, especies dentro del clado *pulcherrima* muestran valores de ANI superiores al 95% entre sí, consistentes con su pertenencia a la misma especie. Las longitudes de las ramas reflejan la distancia genómica basada en ANI (100 – ANI), evidenciando la divergencia genética de la cepa analizada.



Genes asociados a propiedades probióticas

Se examinaron genes para las siguientes características probióticas: tolerancia a condiciones de estrés (temperatura, pH, estrés oxidativo), adhesión y colonización, y biosíntesis de vitaminas.

Se identificaron tres chaperonas Hsp70 (FUN_000050, FUN_002177, FUN_006435), dos Hsp90 (FUN_001304, FUN_003181), una Hsp78 (FUN_006710; homólogo de ClpB con función disagregasa), dos chaperoninas (FUN_004724, FUN_000961), y el co-chaperón Cdc37 (FUN_003568). Este arsenal de proteínas de choque térmico confiere protección contra la desnaturalización proteica bajo condiciones de elevada temperatura.

Se identificó la H+-ATPasa de membrana plasmática Pma1 (FUN_005161), la bomba de protones principal responsable del mantenimiento del pH intracelular en levaduras. Además, se encontraron seis subunidades de la V-ATPasa vacuolar (FUN_000919, FUN_004637, FUN_003050, FUN_003635, FUN_004088, FUN_002975, FUN_004787), que

contribuyen a la acidificación vacuolar y a la tolerancia a bilis. También se detectó la MAPK Hog1 (FUN_006740), reguladora clave de respuestas a estrés osmótico y ácido.

El sistema de defensa antioxidante incluyó: superóxido dismutasa Cu/Zn (FUN_005405), catalasa peroxisomal (FUN_006351), glutatión peroxidasa (FUN_002033), glutatión reductasa (FUN_005237), tiorredoxina-disulfuro reductasa (FUN_005404), y tres isoformas de tiorredoxina (FUN_003764, FUN_006051, FUN_006917). Este sistema de múltiples capas protege contra el daño por especies reactivas de oxígeno (ROS).

El genoma codifica una maquinaria completa de biosíntesis de pared celular, incluyendo tres genes de 1,3-beta-glucano sintasa (FUN_003061, FUN_004537, FUN_004538), tres clases de quitina sintasa (clase 2: FUN_004963; clase 3: FUN_002784; clase 5: FUN_004087), múltiples manosiltransferasas y manano polimerasas (FUN_002611 Van1, FUN_006623 Anp1), y genes de biosíntesis de anclaje GPI (FUN_001173, FUN_003392, FUN_006116). Estos componentes son fundamentales para la adhesión a superficies y la modulación de la respuesta inmune del hospedero, características clave para un probiótico.

El genoma de Metschnikowia sp. honey contiene genes para la biosíntesis de tres vitaminas del complejo B. Riboflavina (vitamina B2): Riboflavina sintasa subunidad alfa (FUN_002913) y enzima bifuncional corismato sintasa/riboflavina reductasa Aro2 (FUN_006001). Biotina (vitamina B7): Biotina sintasa (FUN_003044). Folato (vitamina B9): C-1-tetrahidrofolato sintasa (FUN_004414) y NAD-dependent 5,10-metilenotetrahidrofolato deshidrogenasa (FUN_006638). Piridoxal-5'-fosfato (vitamina B6): Subunidad Snz3 (FUN_001775). La capacidad de biosintetizar vitaminas del grupo B es una característica probiótica deseable, ya que estos nutrientes son esenciales para el metabolismo humano y no pueden ser sintetizados de novo por el hospedero.

Tabla 2. *Genes con asociación a funciones de probióticos.*

Categoría	Gen / Función	ID del gen	Relevancia
Pared celular	1,3-β-glucano sintasa	FUN_003061, FUN_004537, FUN_004538	Síntesis de glucanos estructurales;

			integridad celular y adhesión
Pared celular	Quitina sintasa (clases 2, 3, 5)	FUN_004963, FUN_002784, FUN_004087	Formación de quitina; rigidez estructural
Pared celular	Manosiltransferasas / manano polimerasas (Van1, Anp1)	FUN_002611, FUN_006623	Glicosilación de proteínas; adhesión y reconocimiento celular
Pared celular	Biosíntesis de anclaje GPI	FUN_001173, FUN_003392, FUN_006116	Anclaje de proteínas a la membrana; interacción con el hospedero
Vitaminas (B2)	Riboflavina sintasa (subunidad alfa)	FUN_002913	Producción de riboflavina (vitamina B2)
Vitaminas (B2)	Corismato sintasa / riboflavina reductasa (Aro2)	FUN_006001	Ruta de biosíntesis de riboflavina
Vitaminas (B7)	Biotina sintasa	FUN_003044	Producción de biotina
Vitaminas (B9)	C-1-tetrahidrofolato sintasa	FUN_004414	Síntesis de folato
Vitaminas (B9)	5,10-metilenotetrahidrofolato deshidrogenasa (NAD)	FUN_006638	Metabolismo del folato
Vitaminas (B6)	Piridoxal-5'-fosfato sintasa (Snz3)	FUN_001775	Producción de vitamina B6

Estrés térmico	Hsp70 chaperone	FUN_000050, FUN_002177, FUN_006435	Plegamiento proteico
Estrés térmico	Hsp90	FUN_001304, FUN_003181	Maduración de proteínas
Estrés térmico	Hsp78 (ClpB)	FUN_006710	Disgregación de proteínas agregadas
Estrés térmico	Chaperoninas	FUN_004724, FUN_000961	Asistencia en plegamiento proteico
Estrés térmico	Co-chaperón Cdc37	FUN_003568	Regulación de chaperonas
Estrés ácido / pH	H^+-ATPasa de membrana (Pma1)	FUN_005161	Regulación del pH intracelular
Estrés ácido / pH	V-ATPasa vacuolar (subunidades)	FUN_000919, FUN_004637, FUN_003050, FUN_003635, FUN_004088, FUN_002975, FUN_004787	Acidificación vacuolar; tolerancia a bilis
Estrés ácido / osmótico	MAPK Hog1	FUN_006740	Señalización de estrés
Estrés oxidativo	Superóxido dismutasa Cu/Zn	FUN_005405	Eliminación de radicales superóxido

Estrés oxidativo	Catalasa peroxisomal	FUN_006351	Degradación de peróxido de hidrógeno
Estrés oxidativo	Glutatión peroxidasa	FUN_002033	Reducción de peróxidos
Estrés oxidativo	Glutatión reductasa	FUN_005237	Regeneración de glutatión reducido
Estrés oxidativo	Tiorredoxina reductasa	FUN_005404	Mantenimiento del estado redox
Estrés oxidativo	Tiorredoxinas (3 isoformas)	FUN_003764, FUN_006051, FUN_006917	Homeostasis redox

Análisis de CAZymes y aprovechamiento de prebióticos

Se identificaron 123 genes codificantes de enzimas activas en carbohidratos (CAZymes) distribuidos en cinco clases (Tabla 7). La clase más abundante fue Glicósido Hidrolasas (GH) (69 genes), seguida de Glicosil Transferasas (GT) (51 genes). Entre las familias GH más representadas se encontraron: GH18 (7 genes, quitinasas), GH5 (8 genes), GH81 (6 genes), GH76 (5 genes, manano endo-1,6-alfa-manosidasas) y GH13 (5 genes, alfa-glucosidasas/amilasas). Las familias GT dominantes fueron GT71 (8 genes), GT39 (7 genes, doliquil-fosfato-manosa protein manosiltransferasas), GT48 (2 genes, 1,3-beta-glucano sintasa) y el gen K17743 (D-xilosa reductasa) junto con genes completos de la vía de las pentosas fosfato, lo que respalda el consumo de xilosa . La presencia de estas enzimas sugiere una capacidad activa de remodelación de la pared celular y metabolismo de carbohidratos complejos, relevante para la interacción con el hospedero y la utilización de prebióticos.

El análisis de enzimas activas de carbohidratos (CAZymes) identificó 123 genes distribuidos en 39 familias (Figura 2). Las familias más representativas fueron GH18 (quitinasa, n=7), GH5

(xilanasa/celulasa, n=8), GH3 (β-glucosidasa, n=4), GH13 (α-amilasa, n=5) y GH76 (α-1,6-manosidasa, n=5).

Tabla 3. Clases de CAZymes identificadas en el genoma de *Metschnikowia sp. Honey.*

Familia	Número de genes	Función enzimática	Relevancia
GH5	8	Celulasas / xilasas	Degradación de polisacáridos vegetales
GH18	7	Quitinasas	Remodelación de pared celular / interacción con quitina
GH81	6	β-1,3-glucanasas	Metabolismo de glucanos
GH76	5	α-1,6-manosidasas	Procesamiento de mananos
GH13	5	α-amilasas / α-glucosidasas	Metabolismo de almidón
GH3	4	β-glucosidasas	Liberación de glucosa
GT71	8	Glicosiltransferasas	Síntesis de glicoconjugados
GT39	7	Doliquil-fosfato manosa transferasa	Glicosilación proteica
GT48	2	1,3-β-glucano sintasa	Síntesis de pared celular

El análisis de ortología KEGG mediante BlastKOALA permitió asignar funciones a 2.740 proteínas (35,9% del proteoma predicho de 7.622 proteínas), valor consistente con el porcentaje de anotación esperado para levaduras no modelo. La distribución funcional reveló que la categoría más representada fue el procesamiento de información genética, seguida por el metabolismo de carbohidratos, el metabolismo de aminoácidos y el metabolismo energético (Tabla 3). La categoría de metabolismo de lípidos incluyó genes de la ruta del mevalonato, consistente con los clusters de genes biosintéticos terpénicos identificados por antiSMASH. Se identificaron 6 copias de candidapepsinas (SAP, K06005), proteasas aspárticas características del género Candida pero también presentes en

Metschnikowia, cuya función en esta levadura podría estar relacionada con la degradación de proteínas de pared celular de hospederos fúngicos en el contexto de biocontrol.

Clústeres de genes biosintéticos de terpenos (metabolismo secundario)

La minería genómica con antiSMASH v8.0.4 identificó cuatro clústeres de genes biosintéticos (BGCs) de tipo terpeno (Tabla 4). Dos clústeres fueron clasificados como "terpene-precursor" (Regiones 25.1 y 32.1) y dos como "terpene" completos (Regiones 158.1 y 877.1). Notablemente, ninguno de los cuatro clústeres mostró similitud significativa con clústeres conocidos en la base de datos MIBiG, lo que sugiere que podrían representar vías biosintéticas novedosas y exclusivas de esta especie.

Tabla 4. Clústeres de genes biosintéticos (BGCs) identificados por antiSMASH.

Región	Contig	Tipo	Tamaño (pb)	Gen core / Dominio
25.1	ctg26	Terpene-precursor	31.053	Farnesil pirofosfato sintasa (FUN_000200)
32.1	ctg35	Terpene-precursor	23.187	Proteína hipotética (FUN_000359)
158.1	ctg178	Terpene	32.201	T2TS (FUN_000846; E-value 1e-105)
877.1	ctg964	Terpene	40.294	Fitoeno sintasa + preniltransferasa (FUN_003978)

La Región 877.1 fue la más relevante, conteniendo un gen bifuncional (FUN_003978; 4.938 nt, 1.645 aa) con dominios de fitoeno sintasa (phytoene_synt) y preniltransferasa tipo fitoeno (PT_phytoene_like), característicos de la biosíntesis de carotenoides. La Región 158.1 contenía un gen con dominio T2TS (Type 2 Terpene Synthase) de alta confianza (E-value 1e-105, bitscore 348,4), asociado típicamente a la biosíntesis de triterpenos o sesterterpenos.

Evaluación del perfil de seguridad

El análisis de seguridad in silico no detectó genes de virulencia conocidos (VFDB), hemolisinas/invasinas, ni genes de resistencia a antibióticos transferibles (CARD, ResFinder). Los únicos genes relacionados con resistencia encontrados fueron transportadores de eflujo intrínsecos: un transportador MFS Flu1 (FUN_000438) y un transportador ABC de multidrogas (FUN_004429), ambos ubicados en el cromosoma y no transferibles horizontalmente (Gueimonde et al., 2013).

No se detectaron plásmidos, retrotransposones activos, ni elementos móviles asociados a patogenicidad. Tampoco se encontraron genes para la producción de micotoxinas o aminas biogénicas (histamina, tiramina, cadaverina). La probabilidad de que la cepa sea patógena para humanos, estimada con PathogenFinder, fue cercana a cero (0,17).

Tabla 5. Resumen de la evaluación de seguridad de *Metschnikowia sp.*

Atributo de seguridad	Resultado	Conclusión
Factores de virulencia	No identificados	Seguro
Hemolisinas / invasinas	No identificados	Seguro
Resistencia a antibióticos adquirida	No identificada	Seguro
Transportadores de eflujo intrínsecos	MFS-Flu1, ABC-MDR	No transferibles
Elementos genéticos móviles	Ausentes	Genoma estable
Plásmidos	Ausentes	Sin riesgo de transferencia
Micotoxinas	No identificadas	Seguro
Aminas biogénicas	Genes descarboxilasa ausentes	Seguro
Profagos activos	No identificados	Genoma estable
Probabilidad de patogenicidad	0,17 (PathogenFinder)	No patógeno

Conclusión

Metschnikowia sp. honey constituye una especie nueva de levadura, confirmado por el análisis filogenético basado en la región LSU (28S) rRNA, que la posiciona en una rama independiente dentro del género *Metschnikowia*, y por los valores de Identidad Nucleotídica Promedio (ANI), inferiores al 80% con todas las especies conocidas, muy por debajo del umbral del 95% establecido para la delimitación de especies en hongos. Su genoma, ensamblado en 1.491 scaffolds con un tamaño total de 21,76 Mb, un N50 de 1,54 Mb y una completitud BUSCO del 99,3%, es de alta calidad y estabilidad, con una baja carga de elementos móviles (0,04%).

El análisis funcional reveló que esta levadura posee una maquinaria molecular completa para tolerar las condiciones adversas del tracto gastrointestinal: genes para estrés térmico (Hsp70, Hsp90, Hsp78), estrés ácido (H^+-ATPasa Pma1, V-ATPasa, MAPK Hog1) y estrés oxidativo (superóxido dismutasa, catalasa, glutatión peroxidasa, glutatión reductasa, tiorredoxinas). También cuenta con una pared celular robusta (β-glucano, quitina, GPI) y 123 enzimas CAZyme que facilitan la adhesión intestinal y el aprovechamiento de prebióticos. Además, se identificaron rutas completas para la biosíntesis de riboflavina (B2), biotina (B7), folato (B9) y piridoxal-5'-fosfato (B6), lo que representa un valor nutricional agregado.

El hallazgo más relevante fue la identificación de cuatro clústeres de terpenos sin similitud con clusters conocidos en la base de datos MIBiG, incluyendo un gen bifuncional fitoeno sintasa-preniltransferasa (FUN_003978) y un dominio T2TS de alta confianza (FUN_000846; E-value 1e-105), lo que sugiere vías biosintéticas novedosas con potencial antimicrobiano que podrían explicar la actividad inhibitoria observada contra *Salmonella* sp. En cuanto a seguridad, no se detectaron genes de virulencia, resistencia a antibióticos adquirida, micotoxinas, aminas biogénicas ni plásmidos, y la probabilidad de patogenicidad fue cercana a cero (0,17), cumpliendo con los criterios establecidos por la EFSA para microorganismos destinados al consumo humano.

Bibliografía

- Bin Hafeez, A., Pelka, K., Worobo, R., & Szweda, P. (2024). In silico safety assessment of Bacillus isolated from Polish bee pollen and bee bread as novel probiotic candidates. International Journal of Molecular Sciences, *25*(1), 666. https://doi.org/10.3390/ijms25010666
- Blin, K., Shaw, S., Augustijn, H. E., Reitz, Z. L., & Weber, T. (2023). antiSMASH 7.0: new and improved predictions for detection, regulation, and visualisation. Nucleic Acids Research, *51*(W1), W46-W50. https://doi.org/10.1093/nar/gkad344
- Hill, C., Guarner, F., Reid, G., Gibson, G. R., Merenstein, D. J., Pot, B., Morelli, L., Canani, R. B., Flint, H. J., Salminen, S., Calder, P. C., & Sanders, M. E. (2014). Expert consensus document: the International Scientific Association for Probiotics and Prebiotics consensus statement on the scope and appropriate use of the term probiotic. Nature Reviews Gastroenterology & Hepatology, *11*(8), 506-514. https://doi.org/10.1038/nrgastro.2014.66
- Jain, C., Rodriguez-R, L. M., Phillippy, A. M., Konstantinidis, K. T., & Aluru, S. (2018). High throughput ANI analysis of 90K prokaryotic genomes reveals clear species boundaries. Nature Communications, *9*(1), 5114. https://doi.org/10.1038/s41467-018-07641-9
- Kandasamy, S., Lee, K.-H., Yoo, J., Yun, J., Kang, H. B., Kim, J. E., Oh, M.-H., & Ham, J.-S. (2024). Whole genome sequencing of Lacticaseibacillus casei KACC92338 strain with strong antioxidant activity, reveals genes and gene clusters of probiotic and antimicrobial potential. Frontiers in Microbiology, *15*, 1458221. https://doi.org/10.3389/fmicb.2024.1458221
- Meier-Kolthoff, J. P., & Göker, M. (2019). TYGS is an automated high-throughput platform for state-of-the-art genome-based taxonomy. Nature Communications, *10*(1), 2182. https://doi.org/10.1038/s41467-019-10210-3
- Pais, P., Almeida, V., Yılmaz, M., & Teixeira, M. C. (2020). Saccharomyces boulardii: what makes it tick as a successful probiotic? Journal of Fungi, *6*(2), 78. https://doi.org/10.3390/jof6020078

- Palmer, J. M., & Stajich, J. (2020). Funannotate v1.8.1: eukaryotic genome annotation pipeline. Zenodo. https://doi.org/10.5281/zenodo.4054262
- Seppey, M., Manni, M., & Zdobnov, E. M. (2019). BUSCO: assessing genome assembly and annotation completeness. In M. Kollmar (Ed.), Gene Prediction: Methods and Protocols (pp. 227-245). Humana Press. https://doi.org/10.1007/978-1-4939-9173-0_14
- Sipiczki, M. (2020). Metschnikowia pulcherrima and related pulcherrimin-producing yeasts: fuzzy species boundaries and complex antimicrobial antagonism. Microorganisms, *8*(7), 1029. https://doi.org/10.3390/microorganisms8071029

DE LA SABIDURÍA ANCESTRAL A LA BIOTECNOLOGÍA: UN PROTOTIPO DE INVERNADERO ENERGICAMENTE POTENCIADO

(Poster)

JOSE LUIS RODRIGUEZ TRONCOSO
FACULTAD NACIONAL DE INGENIERÍA - INGENIERÍA DE ALIMENTOS

RESUMEN

El presente manifiesto expone el Sistema Integral Pachas, una propuesta técnica, científica y espiritual que une la sabiduría ancestral de nuestros pueblos con los avances de la biotecnología moderna. Se fundamenta en la verdad irrefutable de que EL CONOCIMIENTO ES UNO SOLO, rechazando la fragmentación académica que ha separado las ciencias, las ingenierías y los saberes, provocando el desequilibrio actual de la tierra, el agua y la vida.

Se plantea la diferencia histórica y técnica entre "Hogera" —conocimiento dividido, aislado, débil y transitorio— y "Fuego" —saber unido, conectado, eterno y creador—, estableciendo que el error más grande de la educación ha sido enseñar a ser hogeras en lugar de ser fuego.

Se detalla cómo este sistema integral, al tratar el suelo, el agua y la vegetación como seres vivos y no como materias, se convierte en la base fundamental para la recuperación de tierras degradadas, la producción abundante de forrajes de calidad, la alimentación animal sana y el desarrollo de una ganadería verdaderamente sostenible. Este trabajo cuenta con el aval oficial de la Universidad Mayor de San Andrés, al haber sido evaluado y aceptado por su Comité Científico.

Palabras clave: Conocimiento integral, sabiduría ancestral, biotecnología, recuperación de suelos, forrajes, ganadería sostenible, Madre Tierra.

I. INTRODUCCIÓN: LA VERDAD OCULTA

Madre Tierra es el origen, el sustento y el fin de toda existencia humana y productiva. Sin embargo, la forma moderna de entender y enseñar la ciencia ha cometido un error fatal: HA PARTIDO LA REALIDAD EN PEDAZOS.

Se ha separado la ingeniería de la biología, la agronomía de la cultura, el agua de la tierra, la técnica de la vida. Se enseña en carreras distintas, en facultades distintas, como si cada cosa viviera por su lado. Esto es lo que llamamos "ENSEÑAR A SER HOGERAS": fuegos pequeños, aislados, que se consumen solos, que se apagan rápido, que no tienen fuerza para transformar nada.

El Sistema Integral Pachas nace para corregir este desvío. Nace para decir: ¡TODO ESTÁ CONECTADO!

No es una nueva ingeniería, ni una nueva ciencia. ES LA CIENCIA COMPLETA, LA QUE DEBIÓ SER SIEMPRE. Reúne todos los saberes, los hace hablar entre sí, los hace compartir vibra, tal como lo hace la naturaleza. Porque si la naturaleza es una sola, el conocimiento para entenderla y cuidarla también debe ser uno solo.

El objetivo de este manifiesto es presentar esta visión integral, demostrar que LA UNIÓN DEL SABER ES LA ÚNICA TÉCNICA VERDADERA, y mostrar cómo aplicarla cambia radicalmente la producción de alimentos, el manejo de recursos y la relación del ser humano con su territorio.

II. PRINCIPIOS FUNDAMENTALES: LAS LEYES DE LA VIDA

Todo el sistema se sostiene sobre verdades que no se inventaron, sino que se RESCATARON de la observación profunda de la Madre Tierra. Son principios que funcionan siempre, en cualquier lugar y en cualquier tiempo.

USTEDES VEN MATERIA... AQUÍ SE VE VIDA

Para la ciencia fragmentada, el suelo es tierra, el agua es química, la planta es biología. AQUÍ NO.

Aquí el suelo es piel, el agua es sangre, la planta es aliento. Todo es vida.

"Quien daña la vida, se daña a sí mismo. Quien cuida la vida, se cuida a sí mismo".

Aplicación técnica: Al tratar el suelo como un ser vivo, dejamos de agredirlo. Dejamos de erosionarlo, dejamos de envenenarlo. Lo alimentamos, lo aireamos, lo respetamos. Suelo sano = Forraje sano = Animal sano = Hombre sano. Esta es la cadena irrompible.

TODO LO ORDENADO TIENE PODER. LO DESORDENADO ESTÁ ENFERMO.

La naturaleza no hace nada al azar. Todo tiene su tiempo, su lugar, su forma. El desorden que el ser humano ha impuesto —cultivos fuera de época, pastoreo sin descanso, agua desviada— es la causa de la pobreza y la sequía.

Aplicación técnica: El sistema ordena la producción siguiendo ciclos lunares, solares y estacionales. Ordena el uso del agua, la rotación de cultivos y el descanso de la tierra. El orden multiplica la producción sin gastar más recursos.

BOLIVIA NO ES POBRE... ES UN TESORO.

Nos han enseñado que somos pobres, que nos falta todo. MENTIRA.
Tenemos la tierra más rica, el sol más fuerte, el agua más pura, la diversidad más grande. La pobreza está en el conocimiento, no en la tierra.

Aplicación técnica: Este sistema despierta el potencial dormido. Demuestra que en cualquier zona, incluso la más árida del Altiplano, se puede producir abundante si se sabe CÓMO manejar lo que ya está ahí.

TIENEN LIBROS... AQUÍ SE TIENE LA ESCUELA DE LA VIDA.
Los libros enseñan lo que otros pensaron. La naturaleza enseña lo que ES.
Ningún laboratorio es más sabio que el monte, que el río, que el viento.

Aplicación técnica: La tecnología aquí usada no es copiada de otros países. Se adapta, se crea y se diseña observando nuestra realidad. Lo que funciona en otro lado, puede matar acá. Lo que la naturaleza hace acá, es la solución perfecta.

NO TE ENSEÑAN A SER FUEGO, TE ENSEÑAN A SER HOGERA.

AQUÍ ESTÁ EL ERROR MÁS GRANDE.

HOGERA: Conocimiento separado. Agronomía por un lado, ingeniería por otro, biología por otro. Cada uno habla su idioma, no se entienden. Se gastan solos, no calientan lo suficiente. FUEGO: Conocimiento unido. Todo se conecta, todo se alimenta, todo crece. La ingeniería habla con la agronomía, la técnica con la sabiduría. TIENE FUERZA, DURA SIEMPRE, TRANSFORMA TODO LO QUE TOCA.

LA SOLUCIÓN: Dejar de ser hogeras y volver a ser fuego. UNIR EL SABER.

III. METODOLOGÍA: CÓMO SE HACE

El Sistema Integral Pachas no es una teoría, es una METODOLOGÍA DE TRABAJO, probada y validada. Se construye sobre cuatro pilares:

1. RESCATE DE SABERES: Recopilación, estudio y aplicación de los conocimientos de los pueblos originarios sobre manejo de ciclos, agua, suelo y equilibrio. Saberes que funcionaron milenios antes que llegaran las maquinarias.

2. INTEGRACIÓN CIENTÍFICA: Aplicación de todas las ciencias modernas —física, química, biología, ingeniería, biotecnología— TRABAJANDO JUNTAS, sin barreras. No se usa una sola ciencia, se usan todas para un solo fin: la vida.

3. TECNOLOGÍA AL SERVICIO DE LA TIERRA: Uso de técnicas modernas, prototipos y diseños (como el invernadero energéticamente potenciado), diseñados para POTENCIAR lo que la naturaleza ya hace, no para reemplazarla ni pelear contra ella.

4. VALIDACIÓN EN CAMPO: Todo principio se prueba, se ajusta y se confirma en la realidad misma, porque "SI QUIEREN VER LA VERDAD, NO BUSQUEN EN PAPEL. MIRAN LO QUE CRECE, LO QUE VIVE, LO QUE PERMANECE".

IV. APLICACIÓN PRÁCTICA: BASE PARA FORRAJES Y GANADERÍA

El campo donde este sistema demuestra su mayor fuerza es la producción agropecuaria, base de la economía boliviana. Aquí se explica cómo funciona y por qué cambia todo:
EL PROBLEMA ACTUAL
Hoy en día, se intenta producir forrajes o criar ganado SIN ENTENDER EL TERRENO. Se traen semillas que no se adaptan, se usan fertilizantes que matan el suelo, se da agua en cantidades equivocadas. Resultado: suelo degradado, forrajes pobres en nutrientes, animales enfermos, poca producción y ganadería en crisis. TODO POR SEPARAR EL CONOCIMIENTO.
LA SOLUCIÓN DEL SISTEMA PACHAS
PASO 1: RECUPERACIÓN DEL SUELO

Entendemos que el suelo es el estómago de la planta. Aplicamos técnicas integrales: recuperación de materia orgánica, manejo de mincroorganismos, estructuras que retienen humedad.
RESULTADO: Suelo fértil, vivo, que guarda agua para la época seca. Sin suelo sano, no hay nada.

PASO 2: MANEJO INTELIGENTE DEL AGUA

Unimos ingeniería hidráulica con sistemas ancestrales de captación y almacenamiento. No solo llevamos agua, REGULAMOS EL AGUA dentro de la tierra.
RESULTADO: Agua disponible todo el año. Plantas que sufren menos heladas y sequías. Crecimiento constante.

PASO 3: PRODUCCIÓN DE FORRAJES DE ALTO VALOR

Al tener suelo vivo y agua regulada, la producción de biomasa se multiplica automáticamente. Pero además, al elegir especies adaptadas y combinarlas (asociación de cultivos), logramos forrajes que NO SOLO DAN CANTIDAD, SINO CALIDAD NUTRICIONAL.
RESULTADO: Forrajes ricos en proteínas, minerales y energía. Alimento completo para el ganado directamente de la tierra.

PASO 4: GANADERÍA SOSTENIBLE

Si el suelo está bien, el agua está bien y el forraje es bueno... EL GANADO SE ALIMENTA SOLO Y SANO. Se reducen enfermedades, aumenta el peso, mejora la reproducción. Se termina con la ganadería de explotación y se pasa a la GANADERÍA DE CONVIVENCIA Y EQUILIBRIO.

CONCLUSIÓN TÉCNICA: El Sistema Pachas es la BASE, el cimiento irremplazable. Sin aplicar esta visión integral, cualquier mejora en ganadería o forrajes es parche, es temporal, y tarde o temprano se cae.

V. EL PROTOTIPO: EJEMPLO DE FUEGO

Como prueba irrefutable de que este sistema funciona, se diseñó y presentó un PROTOTIPO DE INVERNADERO ENERGÉTICAMENTE POTENCIADO, bajo estas mismas leyes.

No es una estructura común. Es un sistema que captura energía solar, regula temperatura, recupera suelo y produce todo el año.

Fue evaluado, analizado y ACEPTADO POR EL COMITÉ CIENTÍFICO, reconociendo que une ingeniería, biología y sabiduría.

Demuestra que LA TECNOLOGÍA BIEN HECHA ES SABIDURÍA HECHA OBRA.

VI. CONCLUSIONES FINALES

1. El error histórico de fragmentar el conocimiento ha sido la causa principal del atraso y la degradación ambiental en Bolivia y el mundo. Cambiar de "hogera" a "fuego" es la única vía real de desarrollo.
2. El Sistema Integral Pachas establece principios científicos y técnicos válidos, probados y avalados, que unen lo ancestral y lo moderno en una sola herramienta de trabajo.
3. Este sistema es la base fundamental, obligatoria y necesaria para la producción de forrajes de calidad y una ganadería próspera, sostenible y respetuosa con la vida.
4. La riqueza de Bolivia está en su tierra y en su saber. Recuperar el saber unido es despertar la riqueza dormida.

LA SABIDURÍA NO SE HABLA... SE VIVE.
EL PROGRESO NO SE ESCRIBE... SE HACE.
MADRE TIERRA, GUÍAME...


FNI
UNIVERSITAS MAJOR PACENSIS DIVI ANDREAE
FACULTAD DE CIENCIAS PURAS Y NATURALES
FCPN
EL RETORNO DE LOS PERDIDOS
CIENCIA, INGENIERÍA Y SABIDURÍA: EL NUEVO PARADIGMA PARA UN INGENIERO DE VIDA.
PACHAS: EL SIMBIONTE BIOTECNOLÓGICO DEL ALTIPLANO... EL CORAZÓN DE LA MONTAÑA
✅ BENEFICIOS PRINCIPALES:
- REGENERA ECOSISTEMAS EN CONDICIONES EXTREMAS, SUPERIORES A LOS 4000 MSNM
- PRODUCE BIOCHAR CON CARACTERÍSTICAS ÚNICAS Y SIN EQUIVALENCIA A NIVEL MUNDIAL
- AUMENTA LA PRODUCCIÓN EN UN 200% MÁS QUE SISTEMAS CONVENCIONALES
- TIENE DEPENDENCIA NULA DE ENERGÍAS EXTERNAS, ES TOTALMENTE AUTOSUFICIENTE
- ROMPE TODAS LAS LIMITACIONES DE CLIMA Y TERRITORIO
- DIVERSIDAD GLOBAL EN UN MISMO TERRITORIO: SE CULTIVAN ESPECIES DE CUALQUIER PARTE DEL MUNDO, DE CUALQUIER CLIMA O REGIÓN, TODAS JUNTAS Y FUNCIONANDO PERFECTAMENTE
- CONSERVACIÓN Y RECUPERACIÓN: PROTEGE Y REPRODUCE ESPECIES EN PELIGRO, Y RESTAURA ENTORNOS DAÑADOS
- LAS PLANTAS SE POTENCIAN AL MÁXIMO: TODA ESPECIE QUE SE INTEGRA CON PACHAS DESARROLLA SUS CAPACIDADES AL NIVEL MÁS ALTO, CONVIRTIÉNDOSE EN ALIMENTO DE ESTRELLAS
- ES EL CENTRO VITAL QUE DA VIDA Y FUERZA A TODO EL TERRITORIO DEL ALTIPLANO
- FUNCIONA COMO SIMBIONTE: SE INTEGRA CON LA NATURALEZA, SE NUTRE MUTUAMENTE Y NO DAÑA EL ENTORNO
IRPAQA
Sistema Integral Pachas

Evaluación del dimorfismo sexual en *Trichomycterus rivulatus* mediante la relación masa/longitud total, factor de condición y morfometría.

(Poster)

Villalobos J.a*, Gonzales R.a, Orellana S.a, Paco W.a y Tapia M.a
jvillalobosa@fcpn.edu.bo

Carrera de Biología, Universidad Mayor de San Andrés, La Paz, Bolivia

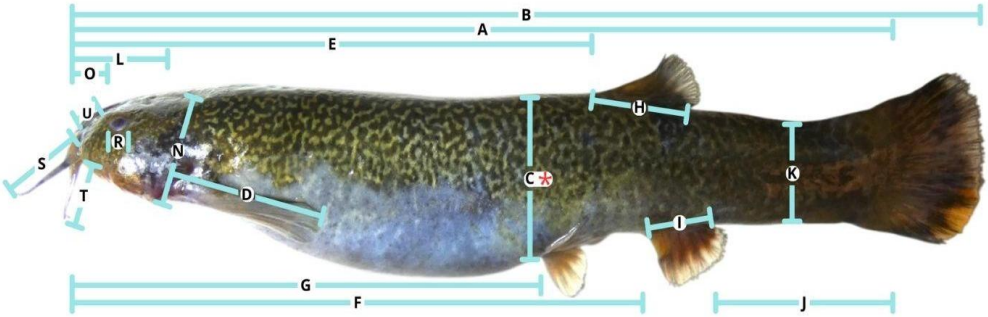
Introducción

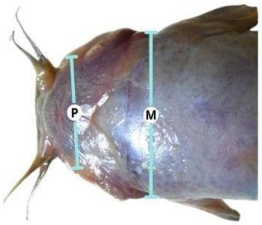
La estructura corporal de los peces refleja aspectos de su salud, reproducción y adaptación ambiental. La biología del Mauri (*Trichomycterus rivulatus*), un pez común en la cuenca altiplánica (Ministerio de Medio Ambiente y Agua, 2009), presenta muchos vacíos de conocimiento. Este trabajo buscó determinar la presencia de dimorfismo sexual en el *T. rivulatus*, evaluando 21 variables morfométricas y la masa corporal. También se evaluaron relaciones como: el factor de condición (K = 100 x masa(g)/longitud total (cm^3)) y la relación masa/longitud total.

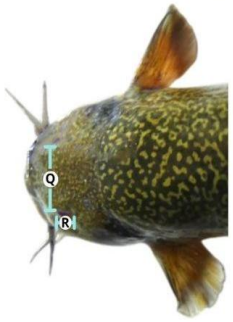
Metodología

Se trabajó con 51 ejemplares adquiridos en un solo día en la comunidad de Tanavacas (Lago Titicaca), de los cuales 15 fueron machos y 36 hembras. Luego de almacenarlos por congelación se registraron 21 medidas morfométricas (Figura 1) y la masa corporal de cada individuo. Los datos se analizaron con pruebas estadísticas (Wilcoxon y t-test) para medidas individuales, factor de condición y la relación masa/longitud total. También se realizó análisis discriminante lineal (LDA) y análisis de componentes principales (PCA) en el software R version 4.5.0.

Figura 1. Esquema morfométrico de las 21 medidas registradas en *T. rivulatus*. El esquema es una modificación de Moreno et al. (2019).





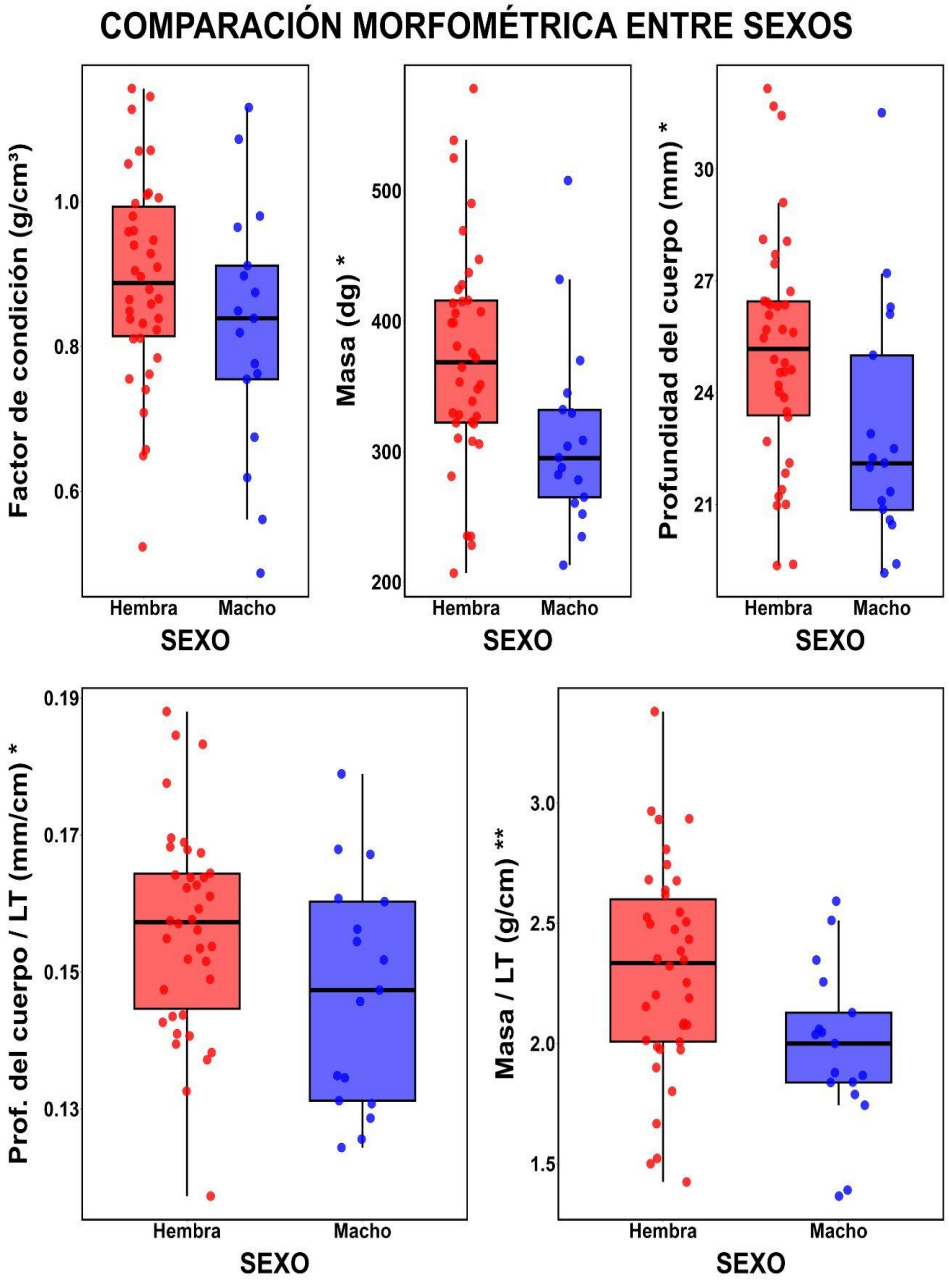


(A) Longitud estándar (B) Longitud total (C) Profundidad del cuerpo (D) Longitud de la aleta pectoral (E) Longitud pre dorsal (F) Longitud pre anal (G) Longitud pre pélvica (H) Base de la aleta dorsal (I) Base de la aleta anal (J) Longitud del pedúnculo caudal (K) Profundidad del pedúnculo caudal	(L) Longitud de la cabeza (M) Ancho de la cabeza (N) Profundidad de la cabeza (O) Longitud del hocico (P) Ancho de la boca (Q) Distancia interorbital (R) Diámetro del ojo (S) Longitud de la barbilla maxilar superior (T) Longitud de la barbilla maxilar inferior (U) Longitud de la barbilla nasal

Resultados

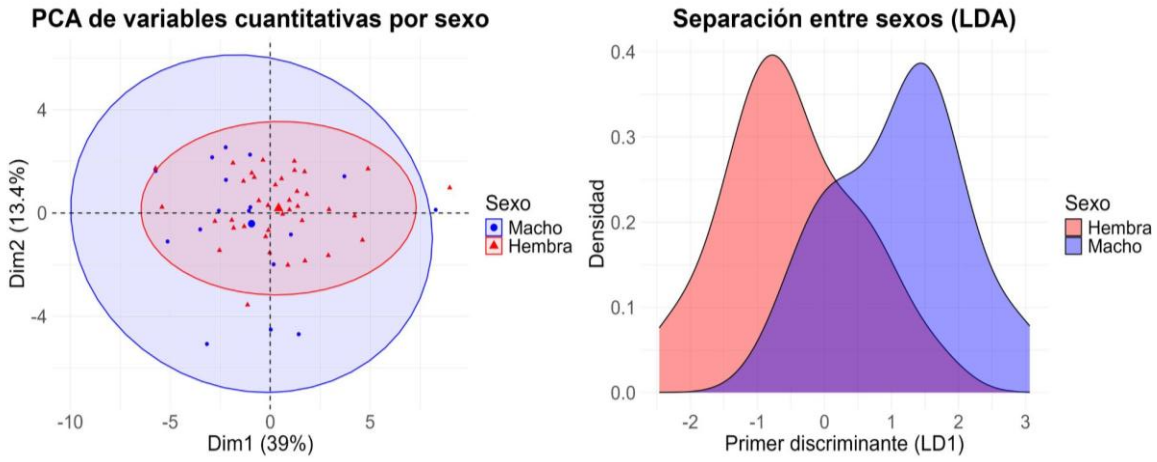
El factor de condición no mostró diferencias significativas entre sexos. La masa corporal sí mostró diferencias significativas ($t = 2.7$, $p = 0.01$), así mismo la relación masa/longitud total también mostró diferencias significativas ($t = 2.7$, $p = 0.009$). La profundidad del cuerpo mostró diferencia significativa ($w = 457$, $p = 0.01$) y al analizar la relación "profundidad del cuerpo/longitud total" se mantuvo la diferencia significativa ($t = -2$, $p = 0.04$) (Figura 2).

Figura 2. Comparación de cinco variables morfométricas entre machos y hembras de *T. rivulatus*. Las cajas indican mediana y rango intercuartílico, mientras que los puntos representan individuos evaluados. * = p < 0.05 y ** = p< 0.01.



Los análisis multivariados (PCA y LDA) no mostraron una separación consistente entre machos y hembras (Figura 3).

Figura 3. Representación de individuos machos y hembras de *T. rivulatus* en los espacios multivariados generados por PCA y LDA. No se detectó una discriminación consistente entre sexos a partir de las variables morfométricas analizadas.



Conclusiones

El factor de condición como indicador debe interpretarse con cautela por influencia de alimentación, estacionalidad y preservación (p. ej. efectos del congelado).

La variable morfométrica "profundidad del cuerpo" tiene diferencia significativa entre machos y hembras. En conjunto con la masa corporal, podrían estar relacionadas con la producción ovárica.

Entre las limitaciones se encuentran un tamaño muestral pequeño (especialmente de machos) y que el muestreo se realizó en un solo día.

Se recomienda para futuros estudios incluir morfometría geométrica y datos de temporada/edad.

Referencias bibliográficas

- Ministerio de Medio Ambiente y Agua. (2009). Libro rojo de la fauna silvestre de vertebrados de Bolivia.
- Moreno, J. M., Aguilar, F. A., Boada, N. S., Rojas, J. A., & Prieto, C. (2019). Análisis morfométrico e índices corporales del capitán de la sabana (*Eremophilus mutisii*). Revista de la Facultad de Medicina Veterinaria y de Zootecnia, 66(2), 141–153. https://doi.org/10.15446/rfmvz.v66n2.82433

CONGRESO INTERNACIONAL DE CIENCIAS PURAS Y NATURALES (CI – FCPN) LX AÑOS
Facultad de Ciencias Puras y Naturales –
Universidad Mayor de San Andrés

Evaluación del dimorfismo sexual en el Mauri (*Trichomycterus rivulatus*) mediante relación masa/longitud total, factor de condición (K) y morfometría.

Villalobos J.ª*, Gonzales R.ª, Orellana S.ª, Paco W.ª y Tapia M.ª
ª Carrera de Biología, Universidad Mayor de San Andrés, La Paz, Bolivia
* jvillalobosa@fcpn.edu.bo

INTRODUCCIÓN

La estructura corporal de los peces refleja aspectos de su salud, reproducción y adaptación ambiental. La biología del Mauri (*Trichomycterus rivulatus*), un pez común en la cuenca altiplánica, presenta muchos vacíos de conocimiento. Este trabajo buscó determinar la presencia de dimorfismo sexual en el *T. rivulatus*, evaluando 21 variables morfométricas y la masa corporal. También se evaluaron relaciones como: el factor de condición (K = 100 x masa(g)/longitud total (cm³)) y la relación masa/longitud total.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

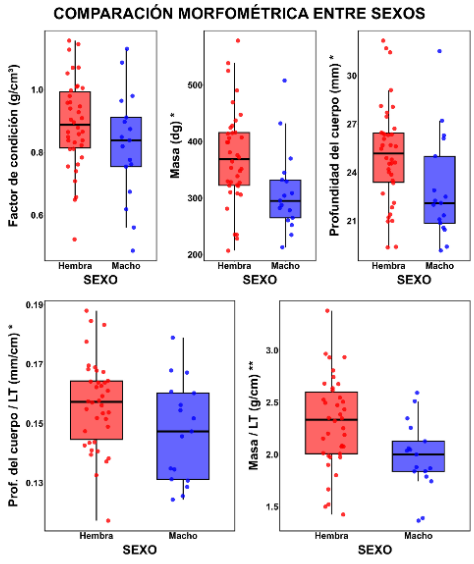


Fig. 1. Boxplots comparativos entre sexos. Diferencias significativas ($p < 0.05$) en todas las variables excepto el factor de condición K. **$p < 0.01$.

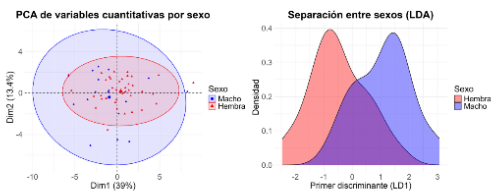
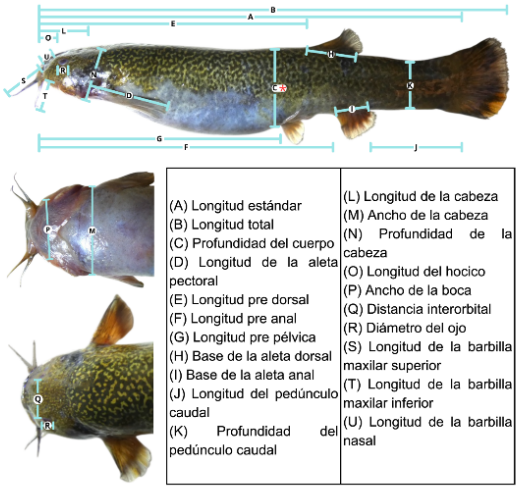


Fig. 2. Análisis PCA y LDA con 22 variables. No se evidenció diformismo sexual.



(A) Longitud estándar (B) Longitud total (C) Profundidad del cuerpo (D) Longitud de la aleta pectoral (E) Longitud pre dorsal (F) Longitud pre anal (G) Longitud pre pélvica (H) Base de la aleta dorsal (I) Base de la aleta anal (J) Longitud del pedúnculo caudal (K) Profundidad del pedúnculo caudal	(L) Longitud de la cabeza (M) Ancho de la cabeza (N) Profundidad de la cabeza (O) Longitud del hocico (P) Ancho de la boca (Q) Distancia interorbital (R) Diámetro del ojo (S) Longitud de la barbilla maxilar superior (T) Longitud de la barbilla maxilar inferior (U) Longitud de la barbilla nasal

Fig. 3. Esquema morfométrico con las 21 medidas registradas.

Se adquirió a 51 individuos adultos (Feria de Escoma). La procedencia de los peces fue Tanavacas - Lago Titicaca. Se midió la masa y la longitud de 21 variables morfológicas. Se determino el sexo por disección (15♂ y 36♀). Análisis: Wilcoxon, t-test, LDA y PCA en el software R version 4.5.0.

CONCLUSIONES

- La variable morfométrica **C** tiene diferencia significativa entre machos y hembras. En conjunto con la masa, estarían relacionadas con la producción ovárica.
- Entre las limitaciones se encuentran un tamaño muestral pequeño (especialmente de machos) y que el muestreo se realizó en un solo día.

BIBLIOGRAFÍA

- Ministerio de Medio Ambiente y Agua (MMAyA). 2009. Libro rojo de la fauna silvestre de vertebrados de Bolivia. La Paz.
- Moreno JM, Aguilar FA, Boada NS, Rojas JA, Prieto C. 2019. Análisis morfométrico e índices corporales del capitán de la sabana (*Eremophilus mutisii)*. Rev Med Vet Zoot 66(2): 141-153.



I CONGRESO INTERNACIONAL

De Ciencias Puras y Naturales (CI-FCPN)