

**UNIVERSIDAD NACIONAL TORIBIO RODRÍGUEZ DE
MENDOZA DE AMAZONAS**



**FACULTAD DE INGENIERÍA CIVIL Y AMBIENTAL
ESCUELA PROFESIONAL DE INGENIERÍA AMBIENTAL**

**TESIS PARA OBTENER TÍTULO PROFESIONAL DE INGENIERA
AMBIENTAL**

**ANÁLISIS DEL USO DEL DNA BARCODING EN EL
PERÚ CON ÉNFASIS EN LA DIVERSIDAD DE
BIOINDICADORES AMBIENTALES DE CHACHAPOYAS,
AMAZONAS**

Autora: Bach. Jois Vanesa Carrion Pilco

Asesores: Ph.D. Martha Steffany Calderón Ríos

Ph.D. Danilo Edson Bustamante Mostajo

Registro: xxxx

CHACHAPOYAS- PERÚ

2023

AUTORIZACIÓN DE PUBLICACIÓN DE LA TESIS EN EL REPOSITORIO INSTITUCIONAL DE LA UNTRM



ANEXO 3-H

AUTORIZACIÓN DE PUBLICACIÓN DE LA TESIS EN EL REPOSITORIO INSTITUCIONAL DE LA UNTRM

1. Datos de autor 1

Apellidos y nombres (tener en cuenta las tildes): Carrión Pilo, Jais Vanesa
DNI N°: 70575698
Correo electrónico: 7057569862@untrm.edu.pe
Facultad: Ingeniería Civil y Ambiental
Escuela Profesional: Ingeniería Ambiental

Datos de autor 2

Apellidos y nombres (tener en cuenta las tildes): _____
DNI N°: _____
Correo electrónico: _____
Facultad: _____
Escuela Profesional: _____

2. Título de la tesis para obtener el Título Profesional

Análisis del uso del DNA barcoding en el Perú con énfasis en la diversidad de bioindicadores ambientales de Chachapoyas Amazonas.

3. Datos de asesor 1

Apellidos y nombres: Ph.D Calderón Ríos, Martha Steffany
DNI, Pasaporte, C.E N°: 44890495
Open Research and Contributor-ORCID (<https://orcid.org/0000-0002-9670-0970>) <https://orcid.org/0000-0003-3611-140x>

Datos de asesor 2

Apellidos y nombres: Ph.D Bustamante Moslajo, Danilo Edson
DNI, Pasaporte, C.E N°: 43496105
Open Research and Contributor-ORCID (<https://orcid.org/0000-0002-9670-0970>) <https://orcid.org/0000-0002-5979-6943>

4. Campo del conocimiento según la Organización para la Cooperación y el Desarrollo Económicos- OCDE (ejemplo: Ciencias médicas, Ciencias de la Salud-Medicina básica-Immunología)

https://catalogos.concytec.gob.pe/vocabulario/ocde_ford.html

1.00.00 Ciencias Naturales (1.01.02 Estadística, probabilidad) (1.06.00 Biología) (1.06.14 Conservación de la Biodiversidad), 2.08.00 Biotecnología Ambiental (2.08.01 Biotecnología Ambiental).

5. Originalidad del Trabajo

Con la presentación de esta ficha, el(la) autor(a) o autores(as) señalan expresamente que la obra es original, ya que sus contenidos son producto de su directa contribución intelectual. Se reconoce también que todos los datos y las referencias a materiales ya publicados están debidamente identificados con su respectivo crédito e incluidos en las notas bibliográficas y en las citas que se destacan como tal.

6. Autorización de publicación

El(los) titular(es) de los derechos de autor otorga a la Universidad Nacional Toribio Rodríguez de Mendoza de Amazonas (UNTRM), la autorización para la publicación del documento indicado en el punto 2, bajo la *Licencia creative commons* de tipo BY-NC: Licencia que permite distribuir, remezclar, retocar, y crear a partir de su obra de forma no comercial por lo que la Universidad deberá publicar la obra poniéndola en acceso libre en el repositorio institucional de la UNTRM y a su vez en el Registro Nacional de Trabajos de Investigación-RENATI, dejando constancia que el archivo digital que se está entregando, contiene la versión final del documento sustentado y aprobado por el Jurado Evaluador.

Chachapoyas, 08 / mayo / 2023



[Firma]
Firma del autor 1
[Firma]
Firma del Asesor 1

[Firma]
Firma del autor 2
[Firma]
Firma del Asesor 2

DEDICATORIA

A Dios:

Porque su infinita gracia ha permanecido conmigo, por ser el que me guía todos los días brindándome fortaleza para salir adelante.

A mi padre, Alberto Carrion:

Por inculcarme siempre a estudiar y luchar por nuestras metas, por su apoyo incondicional y comprensión que siempre me demuestran día a día.

A mi madre, Felicia Pilco:

Por enseñarme a cómo vencer las adversidades, ser resilientes en la vida y ponerle empeño a cada una de las metas.

AGRADECIMIENTO

A mis asesores, Ph.D. Martha Steffany Calderón Ríos y Ph.D. Danilo Edson Bustamante Mostajo por compartir conmigo sus conocimientos, por su apoyo incondicional, por su tiempo disponible y su paciencia brindada en la concretización de este trabajo.

A los docentes de la escuela profesional de Ingeniería Ambiental, quienes nos transmiten sus conocimientos, pasión, experiencias, y saberes en nuestra formación como ingenieros.

A los docentes miembros del jurado Dr. Segundo Manuel Oliva Cruz, Ph.D. Ligia Magali García Rosero y Dr. Erick Stevinson Arellanos Carrión, por sus aportes y recomendaciones a fin de aclarar mis dudas y brindar sus aportes para elaborar un mejor trabajo.

A mis padres que, con sus consejos y apoyo, me impulsaron a continuar con la educación universitaria.

A todas las personas que me apoyaron de diversas maneras en el proceso de esta investigación, compañeros, amigos y familiares en especial a Ing. Jani E. Mendoza Merino una gran amiga.

**AUTORIDADES DE LA UNIVERSIDAD NACIONAL TORIBIO RODRÍGUEZ
DE MENDOZA DE AMAZONAS**

Dr. JORGE LUIS MAICELO QUINTANA
RECTOR

Dr. OSCAR ANDRÉS GAMARRA TORRES
VICERRECTOR ACADÉMICO

Dra. MARÍA NELLY LUJÁN ESPINOZA
VICERRECTORA DE INVESTIGACIÓN

Ph.D. RICARDO EDMUNDO CAMPOS RAMOS
DECANO DE LA FACULTAD DE INGENIERÍA CIVIL Y AMBIENTAL

VISTO BUENO DE ASESORES



UNTRM

REGLAMENTO GENERAL

PARA EL OTORGAMIENTO DEL GRADO ACADÉMICO DE BACHILLER, MAESTRO O DOCTOR Y DEL TÍTULO PROFESIONAL

ANEXO 3-L

VISTO BUENO DEL ASESOR DE TESIS PARA OBTENER EL TÍTULO PROFESIONAL

El que suscribe el presente, docente de la UNTRM (X)/Profesional externo (), hace constar que ha asesorado la realización de la Tesis titulada Análisis del uso del DNA barcoding en el Perú con énfasis en la diversidad de bioindicadores ambientales de Chachapoyas, Amazonas; del egresado Jais Vanesa Camión Pilco de la Facultad de Ingeniería Civil y Ambiental Escuela Profesional de Ingeniería Ambiental de esta Casa Superior de Estudios.

El suscrito da el Visto Bueno a la Tesis mencionada, dándole pase para que sea sometida a la revisión por el Jurado Evaluador, comprometiéndose a supervisar el levantamiento de observaciones que formulen en Acta en conjunto, y estar presente en la sustentación.

Chachapoyas, 16 de marzo de 2023

Firma y nombre completo del Asesor

Martha Tiffany Calderón Ríos





ANEXO 3-L

VISTO BUENO DEL ASESOR DE TESIS PARA OBTENER EL TÍTULO PROFESIONAL

El que suscribe el presente, docente de la UNTRM (✓)/Profesional externo (), hace constar que ha asesorado la realización de la Tesis titulada _____

Análisis del uso del DNA barcoding en el Perú con énfasis
en la diversidad de bioindicadores ambientales de Chachapoyas, zona

del egresado Jais Vanesa Camión Pilco

de la Facultad de Ingeniería Civil y Ambiental

Escuela Profesional de Ingeniería Ambiental

de esta Casa Superior de Estudios.

El suscrito da el Visto Bueno a la Tesis mencionada, dándole pase para que sea sometida a la revisión por el Jurado Evaluador, comprometiéndose a supervisar el levantamiento de observaciones que formulen en Acta en conjunto, y estar presente en la sustentación.



Chachapoyas, 16 de marzo de 2023

Firma y nombre completo del Asesor

David Bustamante Mostajo

JURADO EVALUADOR



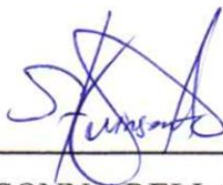
DR. SEGUNDO MANUEL OLIVA CRUZ

PRESIDENTE



Ph.D. LIGIA MAGALI GARCÍA ROSERO

SECRETARIA



DR. ERICK STEVINSONN ARELLANOS CARRIÓN

VOCAL

CONSTANCIA DE ORIGINALIDAD



UNTRM

REGLAMENTO GENERAL
PARA EL OTORGAMIENTO DEL GRADO ACADÉMICO DE
BACHILLER, MAESTRO O DOCTOR Y DEL TÍTULO PROFESIONAL

ANEXO 3-Q

CONSTANCIA DE ORIGINALIDAD DE LA TESIS PARA OBTENER EL TÍTULO PROFESIONAL

Los suscritos, miembros del Jurado Evaluador de la Tesis titulada:

Análisis del uso del DNA barcoding en el Perú con énfasis en la biodiversidad de bioindicadores ambientales de Chachapoyas, Amazonas

presentada por el estudiante ()/egresado (x) Toña Vanesa Cauñon Pilco

de la Escuela Profesional de Ingeniería Ambiental

con correo electrónico institucional 7057569862@untrm.edu.pe

después de revisar con el software Turnitin el contenido de la citada Tesis, acordamos:

- La citada Tesis tiene 16 % de similitud, según el reporte del software Turnitin que se adjunta a la presente, el que es menor (x) / igual () al 25% de similitud que es el máximo permitido en la UNTRM.
- La citada Tesis tiene _____ % de similitud, según el reporte del software Turnitin que se adjunta a la presente, el que es mayor al 25% de similitud que es el máximo permitido en la UNTRM, por lo que el aspirante debe revisar su Tesis para corregir la redacción de acuerdo al Informe Turnitin que se adjunta a la presente. Debe presentar al Presidente del Jurado Evaluador su Tesis corregida para nueva revisión con el software Turnitin.



Chachapoyas, 05 de abril del 2023

[Signature]
SECRETARIO

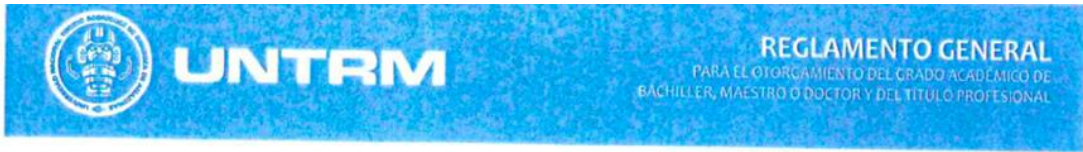
[Signature]
PRESIDENTE

[Signature]
VOCAL

OBSERVACIONES:

.....
.....

ACTA DE SUSTENTACIÓN



ANEXO 3-5

ACTA DE SUSTENTACIÓN DE TESIS PARA OBTENER EL TÍTULO PROFESIONAL

En la ciudad de Chachapoyas, el día 14 de Abril del año 2023 siendo las 11:00 horas, el aspirante: JOIS VANESA CARRIÓN PILCO, asesorado por PhD Martha Stofany Calderón Ríos y PhD Danilo Edson Bostamante Mosquera defiende en sesión pública presencial () / a distancia () la Tesis titulada: Análisis del uso del DNA Bar-coding en el Perú con énfasis en la diversidad de bioindicadores ambientales de Chachapoyas, Amazonas, para obtener el Título Profesional de Ingeniera Ambiental, a ser otorgado por la Universidad Nacional Toribio Rodríguez de Mendoza de Amazonas; ante el Jurado Evaluador, constituido por:

Presidente: Dr. Segundo Manuel Oliva Guay
Secretario: PhD Ligia Magali García Roseiro
Vocal: Dr. Erick Stevinson Arellano Carrión

Procedió el aspirante a hacer la exposición de la Introducción, Material y métodos, Resultados, Discusión y Conclusiones, haciendo especial mención de sus aportaciones originales. Terminada la defensa de la Tesis presentada, los miembros del Jurado Evaluador pasaron a exponer su opinión sobre la misma, formulando cuantas cuestiones y objeciones consideraron oportunas, las cuales fueron contestadas por el aspirante.

Tras la intervención de los miembros del Jurado Evaluador y las oportunas respuestas del aspirante, el Presidente abre un turno de intervenciones para los presentes en el acto de sustentación, para que formulen las cuestiones u objeciones que consideren pertinentes.

Seguidamente, a puerta cerrada, el Jurado Evaluador determinó la calificación global concedida a la sustentación de la Tesis para obtener el Título Profesional, en términos de:

Aprobado () por Unanimidad () / Mayoría () Desaprobado ()

Otorgada la calificación, el Secretario del Jurado Evaluador lee la presente Acta en esta misma sesión pública. A continuación se levanta la sesión.

Siendo las 12:03 horas del mismo día y fecha, el Jurado Evaluador concluye el acto de sustentación de la Tesis para obtener el Título Profesional.


SECRETARIO


VOCAL


PRESIDENTE

OBSERVACIONES:

ÍNDICE

DEDICATORIA	iii
AGRADECIMIENTO	iv
AUTORIDADES DE LA UNIVERSIDAD NACIONAL TORIBIO RODRÍGUEZ DE MENDOZA DE AMAZONAS	v
VISTO BUENO DE ASESORES.....	vi
JURADO EVALUADOR.....	viii
CONSTANCIA DE ORIGINALIDAD	ix
ACTA DE SUSTENTACIÓN	x
ÍNDICE.....	xi
ÍNDICE DE TABLAS	xiii
ÍNDICE DE FIGURAS.....	xiv
RESUMEN	xvi
ABSTRACT.....	xvii
I. INTRODUCCIÓN.....	18
II. MATERIAL Y MÉTODOS	23
2.1.-Análisis del uso de DNA barcoding en los estudios de diversidad de especies en el Perú.....	23
a) Análisis comparativo del número total de DNA barcodes generados por países.....	23
b) Análisis del uso del DNA barcoding en el Perú según grupos taxonómicos y tipo de marcador utilizado	23
c) Análisis del tipo de secuenciamiento utilizado en los estudios de diversidad en el Perú	24
d) Análisis de áreas de investigación en estudios de DNA barcoding	24
e) Análisis de instituciones que utilizan el DNA barcoding	24
f) Análisis del tipo de publicaciones que utilizan el DNA barcoding	25
2.2.-Evaluación de la diversidad de bioindicadores ambientales (Bryophytas y Líquenes) en Chachapoyas empleando el DNA barcoding	25
a) Muestreo, recolección y limpieza de muestras en Chachapoyas	25
b) Extracción de ADN	27
c) Cuantificación.....	28
d) Amplificación y purificación.....	29
e) Secuenciamiento, alineamiento y análisis de secuencias	30
f) Análisis filogenético.....	30
g) Estimación de los índices de biodiversidad de bioindicadores ambientales (musgos y líquenes).....	31
III. RESULTADOS	32

3.1. Análisis del uso de DNA barcoding en los estudios de diversidad de especies en el Perú	32
a) Número total de DNA barcodes generados por países	32
b) Análisis del uso del DNA barcoding en el Perú según grupos taxonómicos y tipo de marcador utilizado	35
c) Análisis del tipo de secuenciamiento utilizado en los estudios de diversidad en el Perú	43
d) Análisis de áreas de investigación en estudios de DNA barcoding	44
e) Análisis de instituciones que utilizan el DNA barcoding	44
f) Análisis del tipo de publicaciones que utilizan el DNA barcoding	48
3.2.-Evaluación de la diversidad de bioindicadores ambientales (Bryophytas y Líquenes) en Chachapoyas empleando el DNA barcoding	48
a) Asignación taxonómica.....	48
b) Estimación de los índices de biodiversidad de bioindicadores ambientales (musgos y líquenes).....	60
IV. DISCUSIÓN.....	62
V. CONCLUSIONES	65
VI. RECOMENDACIONES.....	66
VII. REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS	67
VIII. ANEXOS	78

ÍNDICE DE TABLAS

Tabla 1. Número total de registros de DNA barcodes generados por los científicos de los principales países megadiversos.....	33
Tabla 2. Número total de registros de DNA barcodes por Instituciones con muestras tomadas en Perú.....	46
Tabla 3. Identificación de especímenes de Líquenes usando el marcador molecular ITS1-ITS4.	49
Tabla 4. Identificación de especímenes de Bryophytas usando el marcador molecular rbcL.....	54
Tabla 5. Número de individuos encontrados por especies de líquenes para los 6 sectores de la ciudad de Chachapoyas.....	58
Tabla 6. Número de individuos encontrados por especies de bryophytas para los 6 sectores de la ciudad de Chachapoyas.....	59
Tabla 7. Cuadro resumen de índice de Biodiversidad de Shannon Weiner en líquenes por Sectores en la Ciudad de Chachapoyas.	60
Tabla 8. Cuadro resumen de índices de Biodiversidad de Shannon Weiner en Bryophytas por Sectores en la Ciudad de Chachapoyas.....	61

ÍNDICE DE FIGURAS

Figura 1. Puntos de Muestreo de Bioindicadores Ambientales en la Ciudad de Chachapoyas.....	26
Figura 2. Colecta de Especímenes en el Sector (C) Mogrovejo - Chachapoyas	26
Figura 3. Limpieza y trituración de colectas para extracción de ADN, Laboratorio de Biología Molecular y Genómica (INDES -CES).....	27
Figura 4. Extracción y amplificación de ADN, Laboratorio de Biología Molecular y Genómica (INDES -CES).....	30
Figura 5. Porcentajes de registros de DNA barcodes generados y depositados en el sistema BOLD para los países de Sudamérica. Fuente: The Barcode of Life Database (2022).	32
Figura 6. Número de registros de códigos de barras aportados por científicos de países en Sudamérica.	33
Figura 7. Porcentajes de registros de DNA barcodes generados y depositados en el sistema BOLD para los países con mayor actividad científica registrada en SCIMAGO.	34
Figura 8. Número de registros de códigos de barras aportados por científicos de países en Alta Actividad Científica.....	35
Figura 9. Porcentajes de barcodes generados en Perú según el grupo taxonómico a nivel de filo o división.....	36
Figura 10. Número de grupos taxonómicos a nivel filo o división reportados para los departamentos de Perú a través de los años.....	36
Figura 11. Mapa con los registros a nivel Filo o División (hasta el 2020) para los departamentos del Perú.....	37
Figura 12. Mapa de clasificación taxonómica, a nivel clase y orden, de los departamentos y regiones naturales del Perú.	39
Figura 13. Número de artículos que usaron los marcadores plastidiales c.....	40
Figura 14. Número de artículos que usaron los marcadores nucleares.	41
Figura 15. Número de artículos que usaron los marcadores mitocondriales.....	41
Figura 16. Distribución geográfica de códigos de barras en el sistema BOLD aportados por científicos peruanos, con muestras recolectadas en Perú.....	42
Figura 17. Registros de DNA Barcodes generados en cada uno de los departamentos del Perú.....	43
Figura 18. Tipo de Secuenciamiento en artículos registrados en las bases de datos Web of Science y Scopus..	43

Figura 19. Áreas de investigación de artículos registrados en las bases de datos Web of Science y Scopus.	44
Figura 20. Clasificación de instituciones que utilizan DNA barcoding con material peruano en las bases de datos Web of Science y Scopus.	45
Figura 21. Principales entidades de registros de DNA barcodes en Bold con muestras tomadas en Perú.....	45
Figura 22. Principales Instituciones del Perú con artículos publicados en SCOPUS.....	47
Figura 23. Tipo de publicaciones que utilizan DNA barcoding en Perú.	48
Figura 24. Morfología de bioindicadores ambientales (líquenes) de la ciudad de Chachapoyas.....	53
Figura 25. Morfología de bioindicadores ambientales (Bryophytas) en la ciudad de Chachapoyas.	57

RESUMEN

En este trabajo, se analizan las contribuciones de las investigaciones que utilizan la técnica del DNA barcoding en los estudios de diversidad en el Perú. Se evaluó además la diversidad de bioindicadores ambientales (bryophytas y líquenes) en la ciudad de Chachapoyas empleando los marcadores moleculares ITS y *rbcL*. Se obtuvo que el Perú cuenta con 26 177 registros de DNA barcodes, ubicándose en el décimo cuarto lugar entre los países megadiversos y en el cuarto de los países de Sudamérica. Los grupos taxonómicos más estudiados fueron los filos/división Artrophoda y Chordata. Los departamentos con mayores registros de barcodes en Perú fueron Huánuco y Madre de Dios con 2 833 y 2 093 registros, respectivamente, mientras que Amazonas se ubicó en el quinto lugar con 1 197 registros. Respecto a la diversidad de bioindicadores ambientales, se encontró que Chachapoyas (Amazonas) cuenta con una diversidad media de Bryophytas y Líquenes, siendo los sectores con mayor biodiversidad Señor de los Milagros para Líquenes e Higos Urco – Universidad para Bryophytas; mientras que las especies más abundantes fueron: *Bryum argenteum* y *Tortula rurales* para bryophytas y *Parmotrema reticulatum*, *Teloschistes* sp. y *Usnea* sp. para líquenes.

En el Perú, es necesario incentivar el estudio de grupos taxonómicos menos estudiados como Bryophyta, Magnoliophyta, Marchantiophyta, Mollusca y Platyhelminthes e implementar y fomentar políticas que inciten a la propuesta de proyectos con un enfoque multidisciplinario, que sigan permitiendo conocer y conservar la biodiversidad del Perú.

Palabras Clave: Biodiversidad, Bioindicadores ambientales, BOLD system, DNA Barcoding, Chachapoyas, Perú.

ABSTRACT

This paper analyses the contributions of research using the DNA barcoding technique in diversity studies in Peru, in addition to evaluate the diversity of environmental bioindicators (bryophytes and lichens) in the city of Chachapoyas using the molecular markers ITS and *rbcL*. As a results, Peru had 26 177 records of DNA barcodes, ranking fourteenth among megadiverse countries and fourth among South American countries. The most studied taxonomic groups were the phyla/division Artrothoda and Chordata. The departments with the highest number of barcodes in Peru were Huánuco and Madre de Dios with 2,833 and 2,093 records, respectively, while Amazonas ranked fifth with 1,197 records. Regarding the diversity of environmental bioindicators, Chachapoyas (Amazonas) had an intermediate level of diversity, being the sectors with the greatest diversity Señor de los Milagros for Lichens and Higos Urco - Universidad for Bryophytes. The most abundant species were: *Bryum argenteum* and *Tortula rurales* for bryophytes and *Parmotrema reticulatum*, *Teloschistes* sp. and *Usnea* sp. for lichens.

In Peru, it is necessary to encourage the research of less studied taxonomic groups such as Bryophyta, Magnoliophyta, Marchantiophyta, Mollusca and Platyhelminthes; as well as implement and promote policies that encourage the proposal of projects with a multidisciplinary approach, in order to allow us to know and conserve the biodiversity of Peru.

Keywords: Biodiversity, BOLD system, Chachapoyas, DNA Barcoding, Environmental bioindicators, Peru.

I. INTRODUCCIÓN

A nivel mundial la biodiversidad representa la base de toda la vida existente para nuestro planeta (Kahraman *et al.*, 2012). El entendimiento de esta biodiversidad se obtiene parcialmente mediante monitoreos biológicos que permiten obtener información de la distribución de especies, tamaños de población en una escala de tiempo y ecología (Díaz-Ferguson y Moyer, 2014; Thomsen y Willerslev, 2015). Tradicionalmente, estos monitoreos se fundamentan en la identificación física de especies con procesos relacionados a encuestas visuales, conteo de individuos o uso de caracteres morfológicos (Thomsen y Willerslev, 2015). Sin embargo, este tipo de metodología presenta limitantes para establecer caracteres diagnósticos para la identificación de especies, problemas de asociación de estadios juveniles con adultos y en discriminar entre especies crípticas, o una alta plasticidad fenotípica dentro de miembros de una especie (Packer *et al.*, 2009; Tineo *et al.*, 2020).

Ante esta situación, el “DNA barcoding” (Código de Barras de ADN) es una herramienta innovadora especialmente útil en la identificación de ciertos especímenes biológicos (herramienta taxonómica) (Vera *et al.*, 2012). Esta técnica emplea una secuencia corta de ADN (DNA barcode) obtenido del secuenciamiento Sanger y proveniente de una región estandarizada del genoma nuclear, mitocondrial o plastidial que se puede comparar con secuencias de referencia (Vera *et al.*, 2012). Entre los marcadores más usados como DNA barcodes para la identificación de animales se encuentran COI (gen mitocondrial citocromo c oxidasa I), ARNr 16s (gen ARN ribosomal 16S), *Cytb* (gen Citocromo b), ITS2 (gen espaciador transcrito interno 2) (Sinniger *et al.*, 2007; Yang *et al.*, 2020). Por otro lado, los marcadores utilizados ampliamente en plantas son *matK*, (gen Maturasa K), *rbcL* (gen ribulosa-1,5-bisfosfato carboxilasa), *trnH-psbA* (gen espaciador intergénico) e ITS2 (gen espaciador transcrito interno 2) (Kress, 2017; Jiang *et al.*, 2018). En el caso de microorganismos, los marcadores más utilizados son ITS (gen espaciador transcrito interno) (Longya *et al.*, 2020; Yang *et al.*, 2020) y ARNr 16S (ARN ribosomal 16S) (Yang *et al.*, 2020). El DNA barcoding también ha creado nuevas perspectivas en campos tan diversificados como la ecología funcional, taxonomía, biogeografía, pesca, conservación, vida silvestre forense y socio-economía de la biodiversidad (Smith *et al.*, 2005; Tahir y Akhtar, 2016; Hubert y Hanner, 2016; Guimarães-Costa *et al.*, 2020).

Actualmente, el DNA barcoding está siendo utilizada por varios países de la región para monitorear y caracterizar su biodiversidad continental y marina (Pomerantz *et al.*, 2018; Ali *et al.*, 2020; Guimarães-Costa *et al.*, 2020; Koroiva *et al.*, 2020; Santos-Ordóñez *et al.*, 2021). Asimismo, esta técnica también puede ser usada con fines aplicativos en una gran variedad de áreas (industria, criminalística, agricultura y salud), como, identificar plagas de insectos, vectores, parásitos y depredadores; definir la autenticidad de los ingredientes en la producción de los alimentos: dar seguimiento al comercio ilegal de animales y sus productos; e identificar insectos de importancia forense (Kress *et al.*, 2014; Rehman *et al.*, 2015; Tafur-Culqui *et al.*, 2020; Vezy *et al.*, 2020). Además, esta técnica puede potencialmente usarse para monitorear la calidad del agua potable (Hageskal *et al.*, 2008), identificar rápidamente las especies indicadoras de lagos, ríos y arroyos, especies con atributos nocivos o propiedades medicinales (Tahir y Akhtar, 2016).

Desde el inicio del DNA barcoding en el año 2003 (Hebert *et al.*, 2003), esta técnica ha sido usada ampliamente como herramienta taxonómica (DeSalle y Goldstein, 2019; Yang *et al.*, 2020). Toda la información generada se puede evidenciar en la base de datos de secuencias llamada el Barcode of Life Data System (BOLD) que fue creado en el 2007 y es mantenida por la Universidad de Guelph en Ontario (Ratnasingham y Hebert, 2007). Hasta mayo del 2022, en el sistema BOLD se han depositado alrededor de 10 399 000 registros de secuencias, divididas en 237 000 especies de animales, 70 000 de plantas y 24 000 de hongos y otras especies. Además, se cuenta con 772 000 BIN (Número de Índice de Código de Barras), el cual es un índice con enfoque molecular para delimitar las Unidades Taxonómicas Operativas Moleculares (MOTU), que permiten comprender el nivel de diversidad oculta en cada taxón evaluado (Ramírez *et al.*, 2019). Los BIN son importantes cuando el reconocimiento automatizado funciona bien para grupos cuya taxonomía se conoce con tanta precisión porque ayuda a refinar las determinaciones de especies actuales basadas en la morfología (Ratnasingham y Hebert, 2007).

Como BOLD, existen otras plataformas que cuentan con registros de biodiversidad a nivel mundial, por ejemplo, Ocean Biodiversity Information System (OBIS), que desde su creación en 1999, se ha convertido en un programa científico internacional, donde se intercambia información y datos de acceso abierto mundial con registros de la biodiversidad marina que puede ser usada por la ciencia, el desarrollo sostenible y la conservación (Zhang y Grassle, 2002). OBIS coordina y gestiona la base de datos, desde

bacterias hasta cetáceos, contribuyendo a la planificación y generación de políticas de conservación del océano a escala mundial. Hasta mayo del 2022 contaba con 100 048 316 registros de presencia y 160 068 especies aceptadas (OBIS, 2022). Otra base de datos es Global Biodiversity Information Facility (GBIF), la cual es una red internacional que cuenta con una infraestructura de investigación que agrega datos de biodiversidad compartidos por innumerables fuentes en todo el mundo (Chapman *et al.*, 2020). El volumen de datos agregados sobre biodiversidad ha venido creciendo y GBIF ahora alberga más de 2 162 millones de registros (GBIF, 2022).

A través de los años, han surgido varias técnicas que combinan el DNA barcoding y la secuenciación de próxima generación como metabarcoding, metagenómica, metatranscriptómica y genotipificación por SNPs. Las técnicas metabarcoding, metagenómica y metatranscriptómica se basan en la idea de obtener secuencias cortas de una mezcla que contiene diferentes especies no identificadas colectadas de una variedad de ambientes, desde muestras de suelo hasta muestras de tracto digestivo humano (Aguilar-Pulido *et al.*, 2016; Dormontt *et al.*, 2018; Galen *et al.*, 2019; Mukherjee y Reddy, 2020). Por otro lado, la genotipificación por SNPs (Single-nucleotide polymorphisms o Polimorfismos de un sólo nucleótido) es utilizada por su distribución uniforme en todo el genoma y la facilidad de identificación a partir de datos de secuenciación de próxima generación, mayormente para estudios de diversidad genética, conservación y mejoramiento genético (Ben-Ari *et al.*, 2005; Villano *et al.*, 2018; De Lorenzis *et al.*, 2019; von Thaden *et al.*, 2020).

El Perú es un país megadiverso (MINAM, 2012) debido a que contiene en su territorio más del 70% de los climas del mundo y una proporción equivalente de todas las zonas de vida del planeta. Además, es cuna de 5 especies de animales domesticadas y 182 especies de plantas, contiene 84 de las 104 zonas de vida, es el segundo lugar con diversidad de aves, quinto lugar en especies de mamíferos, quinto lugar en especies de reptiles y cuenta con más de 2 300 especies de peces (Wust, 2010). Por tal motivo, es necesario generar información sobre su biodiversidad, a través del uso de técnicas modernas y objetivas como el DNA barcoding. Este debería ser un tema prioritario en las políticas ambientales del país. Según BOLD, hasta mayo del 2022 se han depositado alrededor de 26 177 secuencias representadas en 4 383 especies de Perú entre plantas, animales y microorganismos (<http://www.barcodinglife.org>). Por ejemplo, en el caso de animales, se

ha avanzado con la generación de 159 DNA barcodes o secuencias de 56 especies peruanas del género *Anastrepha*, moscas tefritidas que dañan la fruta (Bartolini *et al.*, 2020). En el campo de las plantas, recientemente se identificaron 35 especies de árboles de la familia *Burseraceae* (Elbogen, 2012). Otro caso es el descubrimiento de nuevas especies de papayitas andinas (*Caricaceae*, *Vasconcellea*) en la región Amazonas (Tineo *et al.*, 2020c) y en una investigación más reciente se caracterizó morfológicamente y construyó filogenias multilocus para bayas en Amazonas usando los marcadores plastidiales (*matK* y *rbcL*) y dos marcadores nucleares (ITS y GBSSI-2) (Tineo *et al.*, 2022). Dentro del grupo de microorganismos tenemos la identificación de hongos (*Trichoderma*) asociados a fincas de Cacao en Amazonas (Bustamante *et al.*, 2021). A estas contribuciones se suma el proyecto Peruvian Barcode of Life (PeBol), liderado por la Universidad Nacional Mayor de San Marcos siendo una estrategia a nivel nacional de Código de Barras de ADN acompañado por la construcción de una biblioteca digital de referencia de los DNA barcodes para la flora y la fauna peruana (<https://pebol.org/>). Adicionalmente, se viene ejecutando el proyecto “Catalogando la biodiversidad marina del Perú, DNA Barcoding para la conservación, el estudio, y uso sostenible de los recursos” liderado por el Instituto del Mar del Perú (IMARPE).

A pesar de estos avances, a la actualidad se desconoce sobre la aplicación del DNA barcoding en el Perú, y la contribución y aportes de esta técnica en las diferentes áreas de la ciencia desde su aparición en el 2003.

Por otro lado, la contaminación atmosférica es un problema que afecta a la salud pública, deteriora la biodiversidad y afecta al complejo urbano (Conti y Cecchetti, 2001; Quijano Abril *et al.*, 2021). El monitoreo y control de este tipo de contaminación forman parte de uno de los retos universales (Kumar *et al.*, 2015) y para su realización se usa metodologías con base en equipos tecnológicos y en organismos bioindicadores (Tiwarly y Colls, 2017). Estos últimos, son usados en numerosos estudios para poder conocer y determinar la calidad ambiental de una localidad específica (Will-Wolf *et al.*, 2017; Kłos *et al.*, 2018; Root *et al.*, 2021). Los bioindicadores están definidos como aquellos que relacionan sus funciones vitales con efectos medio ambientales, tanto naturales como producidos por el hombre, y son usados para indicar la presencia negativa o positiva de algún factor (Hawksworth *et al.*, 2005). Estos pueden ser plantas, animales y/o microorganismos (Zaghloul *et al.*, 2020). Los bryophytas y líquenes, por ejemplo, son usados en la evaluación de la contaminación ambiental, esto gracias a que retienen sus nutrientes por

exposición directa a la atmosfera y a que no disponen de raíz, ni cutícula (Oishi y Hiura, 2017; Rueda, 2017; Will-Wolf *et al.*, 2017). Además, tienen sensibilidad ante una gran variedad de contaminantes aéreos, por ejemplo dióxido de azufre (SO₂), ozono (O₃), óxidos de nitrógeno (NO_x) y metales pesados (Rueda, 2017). De todas las especies biológicas utilizadas en la biomonitorización, los líquenes y bryophytas son los más frecuentes. La morfología de los líquenes y bryophytas no varía con relación al cambio de las estaciones, por lo que la acumulación puede producirse a lo largo de todo el año. Además, ambos grupos suelen tener una considerable longevidad, lo que ha llevado a su uso como integradores a largo plazo de la deposición atmosférica (Szczepaniak & Biziuk, 2003).

En el norte del Perú, Chachapoyas, capital del departamento de Amazonas, es una ciudad intermedia, tiene una población mayor a 32 026 habitantes y una tasa de crecimiento intercensal del 3,3%. La ciudad está compuesta por 1 distrito. Al 2018, la ciudad ocupaba una extensión total de 429 hectáreas y suma 20,29 hectáreas por año (ha/año) de nuevo suelo a la superficie urbana. Está ubicada a 2 335 m.s.n.m., en el bioma de Bosque Seco – Montano Bajo Tropical (Vivanco & Durán, 2020) y es una de las ciudades donde las concentraciones de contaminantes atmosféricos (generados por los automóviles y por el uso de carbón) han superado los Estándares de Calidad Ambiental (ECA) para el aire (MINAM, 2014). Esto, conllevó a que Chachapoyas sea declarada como Zona de Atención Prioritaria (MINAM, 2014). A la actualidad, se ha realizado un número limitado de inventarios de bryophytas y líquenes como bioindicadores ambientales asociados a este grado de contaminación en Chachapoyas (Mendoza, 2018). Por lo que la diversidad de estos organismos es poco conocida. Adicionalmente, la identificación de estos organismos solo se ha basado en el uso de técnicas tradicionales (morfología), siendo una limitante para su determinación óptima.

Por lo expuesto anteriormente, el presente trabajo busca analizar las contribuciones de las investigaciones que usaron DNA barcoding en los estudios de diversidad de especies en el Perú, en términos de publicaciones científicas, y generación de DNA barcodes (BOLD). Adicionalmente, busca evaluar la diversidad de bryophytas y líquenes como bioindicadores ambientales, empleando el DNA barcoding y el uso del índice de Shannon-Weiner en la ciudad de Chachapoyas.

II. MATERIAL Y MÉTODOS

2.1.-Análisis del uso de DNA barcoding en los estudios de diversidad de especies en el Perú.

a) Análisis comparativo del número total de DNA barcodes generados por países

Para determinar el número total de DNA barcodes depositados por cada país en la base de datos BOLD (<http://www.barcodinglife.org>), se ejecutaron búsquedas sistemáticas, iniciando la exploración con la palabra clave “Perú” luego se procedió a buscar los países a nivel de Sudamérica. Además, se descargó información de otros países megadiversos (Burneo, 2009) (por ejemplo: Australia, Brasil, Colombia, etc.), también se consideró a los países con alta actividad de investigación científica según Scimago Journal & Country Rank (<https://www.scimagojr.com/>), por ejemplo: Canadá, China, USA, Rusia, etc. (Dutta et al., 2021). A fin de comparar los avances en el Perú respecto a los mencionados países, se generaron histogramas, gráficos y tablas comparativas usando el software Excel y Restudio (4.0.4).

b) Análisis del uso del DNA barcoding en el Perú según grupos taxonómicos y tipo de marcador utilizado

Para determinar los avances en los estudios de biodiversidad del Perú según grupos taxonómicos, se desarrollaron búsquedas sistemáticas de publicaciones científicas indexadas dentro de las bases de datos Web of Science y Scopus. Las búsquedas incluyeron las palabras claves “DNA barcod* Peru” y como segundo campo de restricción “Molecular” esto aplicado al filtro “todos los campos”. Además, se utilizó publicaciones con DNA barcodes generados a partir de organismos colectados en el Perú. Las publicaciones obtenidas fueron descargadas y almacenadas en el gestor de referencias Mendeley (-1.19.4). Cada publicación fue revisada para determinar los grupos taxonómicos evaluados y los tipos de DNA barcodes generados. Adicionalmente, se obtuvo información respecto a las coordenadas geográficas de cada organismo en BOLD para generar un mapa de los especímenes utilizados el software ArcGIS (10.8).

c) Análisis del tipo de secuenciamiento utilizado en los estudios de diversidad en el Perú

Para determinar el tipo de secuenciamiento utilizado en los estudios de DNA barcoding en el Perú, los artículos científicos almacenados en Mendeley fueron agrupados en:

- **Secuenciación Sanger:** para estudios donde se utilizó secuenciación de primera generación o también conocido como Sanger.
- **Secuenciación Masiva:** para estudios donde se utilizó Next Generation Sequencing (secuenciación masiva) como secuenciamiento de genomas, metabarcoding o eDNA (ADN ambiental), metagenómica, metatranscriptómica, y genotipificación por SNPs.

d) Análisis de áreas de investigación en estudios de DNA barcoding

Para identificar las áreas o tipos de investigación en estudios que utilicen el DNA barcoding, los artículos científicos almacenados en Mendeley (1.19.4) se agruparon en tres categorías dependiendo del tipo de contribución:

- **Categoría 1:** estudios de tipo básicos, donde la generación de DNA barcodes fueron usados con fines taxonómicos (identificación de especies, descripción de nuevas taxa, caracterización de flora o fauna, genética de poblaciones, etc.).
- **Categoría 2:** estudios de tipo aplicada, donde se empleó el DNA barcoding para generar conocimiento con fines aplicativos en sector salud, ambiental, industrial, entre otros.
- **Categoría 3:** artículos que realizaron revisiones bibliográficas y compilación de información en relación a inventarios de diversidad.

e) Análisis de instituciones que utilizan el DNA barcoding

Para determinar las instituciones que utilizan el DNA barcoding en especies distribuidas en el Perú, los artículos almacenados en Mendeley (v.1.19.4) se agruparon bajo las siguientes categorías: universidades, institutos y entidades

extranjeras, etc. Estos datos se encuentran detallados en la información de los autores e instituciones que apoyaron al desarrollo del trabajo de investigación. Para identificar la institución principal se tomó en cuenta la afiliación institucional del autor que lidera la investigación.

f) Análisis del tipo de publicaciones que utilizan el DNA barcoding

Para determinar el tipo de publicaciones que utilizan el DNA barcoding en el Perú, los artículos almacenados en Mendeley (v.1.19.4) fueron agrupados bajo las siguientes categorías: artículo científico, tesis y libro.

2.2.-Evaluación de la diversidad de bioindicadores ambientales (Bryophytas y Líquenes) en Chachapoyas empleando el DNA barcoding

a) Muestreo, recolección y limpieza de muestras en Chachapoyas

Se utilizó un muestreo estratificado, tomando como referencia el plano catastral de la ciudad y la mayor presencia de especies en la ciudad, la cual fue dividida en 6 sectores para una mejor representatividad (Mendoza, 2018) (Figura 1). Se visitaron lugares de colecta de estudios previos de calidad del aire mediante líquenes en Chachapoyas (Mendoza, 2018). La recolección de muestras se llevó a cabo en un total de 47 puntos, teniendo un total de 280 especímenes de bioindicadores ambientales, identificados mediante la utilización de literatura especializada como catálogos y guías de campo (Colatayud et al., 2011; Motito & Rivera, 2017). Se facilitó la segregación de los especímenes, siendo que, de un total de 280 especímenes, se registraron 200 Líquenes y 80 Bryophytas, los cuales fueron etiquetados, preservados en papel absorbente y georreferenciados con un GPS GARMIN. Estos especímenes fueron fotografiados y depositados en el Herbario KUELAP de la Universidad Nacional Toribio Rodríguez de Mendoza (Thiers 2016) y pequeñas porciones de tejidos se llevaron al laboratorio de Biología Molecular y Genómica (FISIOBVEG) para los posteriores análisis moleculares.

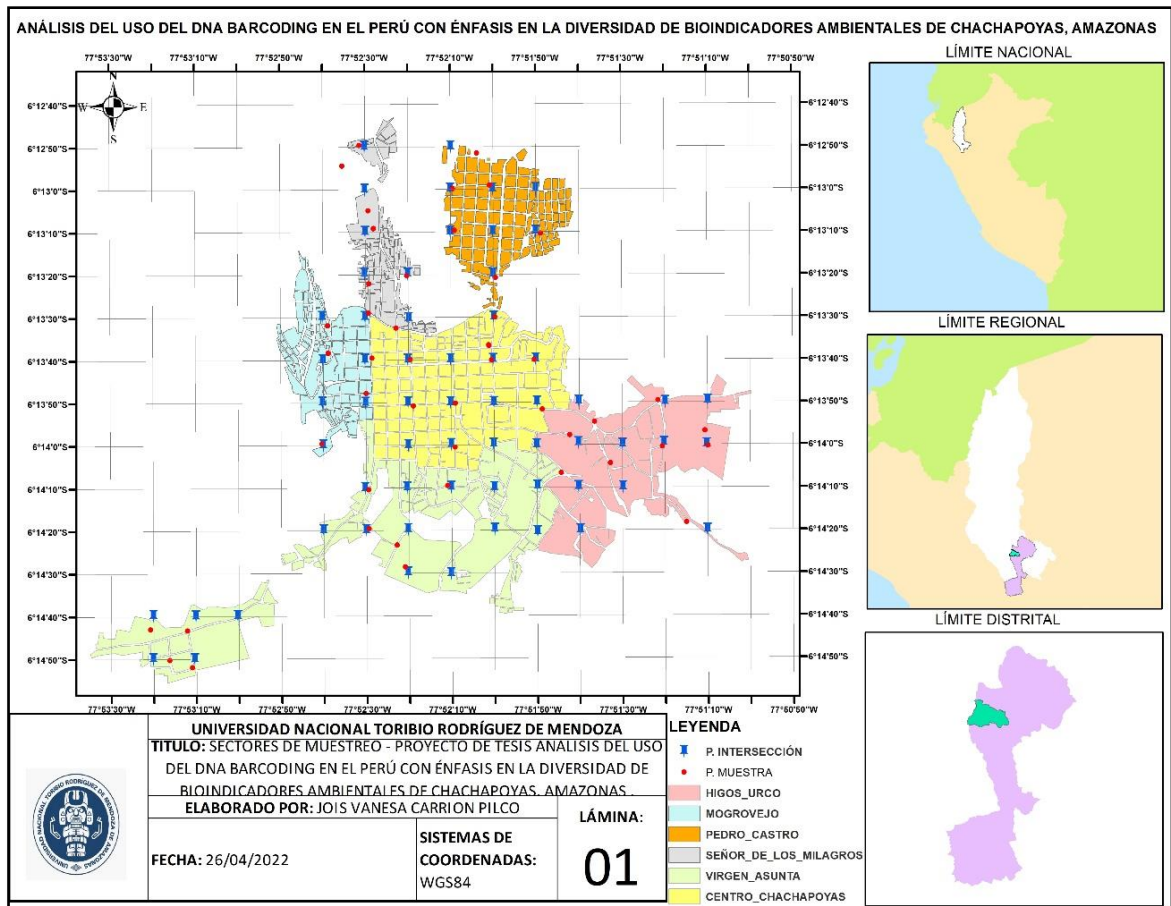


Figura 1. Puntos de Muestreo de Bioindicadores Ambientales en la Ciudad de Chachapoyas.



Figura 2. Colecta de Especímenes en el Sector (C) Mogrovejo - Chachapoyas.

Para la extracción de ADN, pequeños tejidos fueron limpiados meticulosamente con el uso de pinzas y bisturíes estériles bajo un estereoscopio Labtech (Linitron, Reino Unido). Las muestras una vez limpias fueron trituradas por un disruptor (SK-10, Japan) luego de ser sumergidas en nitrógeno líquido o haber estado en el ultracongelador a -80 C° por 25 a 30min.

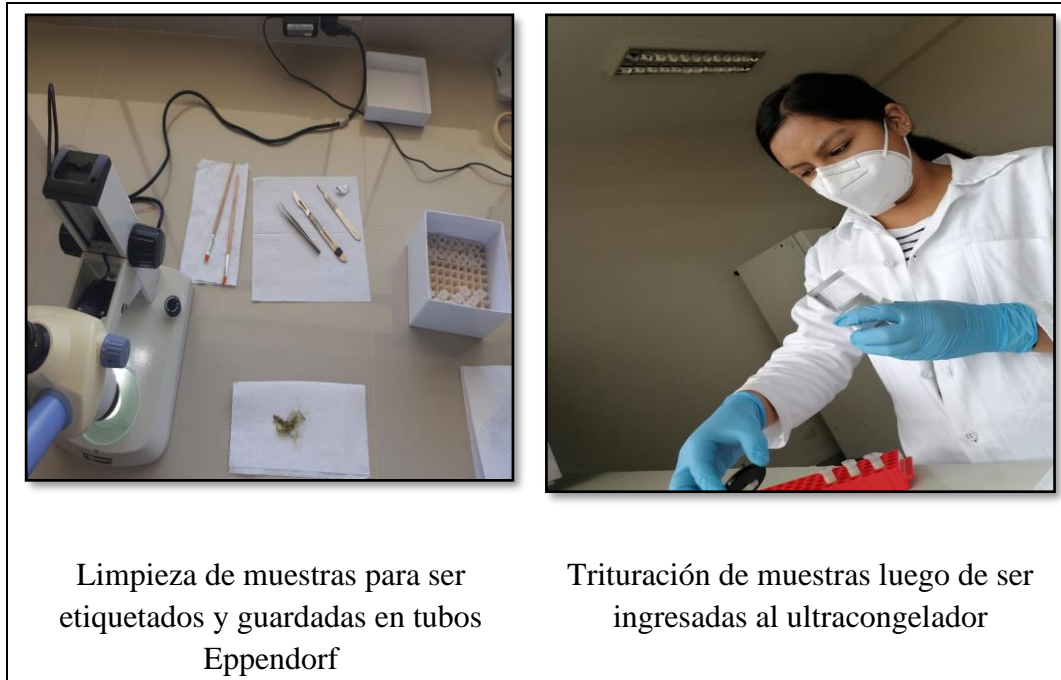


Figura 3. Limpieza y trituración de colectas para extracción de ADN, Laboratorio de Biología Molecular y Genómica (INDES -CES).

b) Extracción de ADN

La extracción de ADN se llevó a cabo en el laboratorio de Biología Molecular y Genómica. El ADN fue extraído usando el kit NucleoSpin (Macherey-Nagel, Düren, Alemania) siguiendo los siguientes pasos del fabricante:

- Se agregó $400\ \mu\text{L}$ del Buffer PL1 y $10\ \mu\text{L}$ de RNasa a cada muestra, y se agito durante 15 a 30 segundos a $1500\ \times\ \text{g}$., posteriormente se incubó las muestras a $65\text{ }^{\circ}\text{C}$ durante 10 minutos.
- Luego las muestras se centrifugaron durante 1 minuto.
- Se adicionó el lisado en la columna con anillo violeta y se centrifugó durante 2 minutos a $11,000\ \times\ \text{g}$.
- Posteriormente se agregará $450\ \mu\text{L}$ de Buffer PC y se mezcló bien, pipeteando 5 veces, hasta que se obtuvo una solución homogénea.

- Se colocó en una columna NucleoSpin Plant II (anillo verde) en un nuevo tubo de recogida (2 mL), luego se adicionó un máximo de 700 µL de la muestra y posteriormente se centrifugará durante 1 minuto a 11,000 x g y se desechó el flujo.
- 1er Lavado: Se Agregó 400 µL Buffer PW1 a la NucleoSpin Plant II Columna, y se centrifugó durante 1 minuto a 11,000 x g, posteriormente se desechó el flujo.
- 2do Lavado: Se Agregó 700 µL Buffer PW2 a la NucleoSpin Plant II Columna y se centrifugó durante 1 minuto a 11,000 x g, el flujo es que se filtró se desechó.
- 3er Lavado: Se Agregó 200 µL más de Buffer PW2 a la Columna NucleoSpin Plant II y se centrifugó durante 2 minutos a 11,000 x g, el flujo es que se filtró se desechó.
- Elución: Se colocó la columna NucleoSpin Plant II en un tubo nuevo de microcentrífuga de 1,5 mL. Se añadió 50 µL de Buffer PE (65 °C) en la membrana, se incubo la columna durante 5 minutos a 65 °C y se centrifugó durante 3 minuto a 15,000 x g. Este paso se repitió dos veces.

c) Cuantificación

Para la cuantificación de ADN se usó el Fluorómetro compacto Quantus™ (Promega, USA - Wisconsin) y Espectrofotómetro Nanodrop One (Promega, USA - Wisconsin). Las cantidades de las soluciones que se usaron fueron calculadas mediante la siguiente fórmula:

$$C1 \cdot V1 = C2 \cdot V2$$

Donde:

C1: Concentración Inicial del Buffer (20X)

C2: Concentración de la muestra (1X)

V1: Volumen de Buffer que se va requerir según el número de muestras
(Variable a calcular)

V2: 200 uL de agua ultra pura cada muestra

También, se agregó 1uL de Tye (Colorante) por cada muestra

A la solución final, se agregó un 1 uL de ADN extraído anteriormente y procedió a realizar las lecturas.

d) Amplificación y purificación

Para el proceso de amplificación de ADN extraído de los bioindicadores ambientales se utilizaron diferentes marcadores específicos para líquenes y bryophytas. Para Bryophytas se utilizó el marcador *rbcL* (gen ribulosa-1,5-bisfosfato carboxilasa) (Wahrmund, Rein, Müller, et al., 2009), mientras que para líquenes se utilizó el marcador ITS (espaciador transcrito Interno) (Saini et al., 2021; Yodphaka et al., 2018). La amplificación de estos marcadores fue mediante reacción en cadena de polimerasa (PCR) con reacción de una solución mezcla (10uL) conformada por: dNTP Master mix (5ul), agua ultrapura (2.6 uL), primers forward (0.2 uL) y reverse (0.2 uL) y ADN genómico (2 uL).

Las condiciones de amplificación fueron: i) para gen ITS, pre-denaturalización a 95 °C durante 5 minutos y desnaturalización a 95 °C durante 1 minuto, seguido de 42 ciclos a 53 °C durante 30 segundos (annealing), 72 °C durante 1 minuto de (extensión) y 72 °C durante 7 minutos (extensión final) (Saini et al., 2021), y ii) para el gen *rbcL* el protocolo fue pre-denaturalización a 95 °C durante 3 minutos y desnaturalización a 92 °C durante 45 segundos, seguido de 42 ciclos a 53 °C durante 45 segundos (annealing), 72 °C durante 1 minuto de (extensión) y 72 °C durante 10 minutos (extensión final) (Wahrmund, Rein, Muller, et al., 2009).

La reacción amplificada fue purificada utilizando el kit de limpieza NucleoSpin (Macherey-Nagel, Düren, Alemania) y se volvió a correr un nuevo gel para confirmar la presencia de ADN purificado.

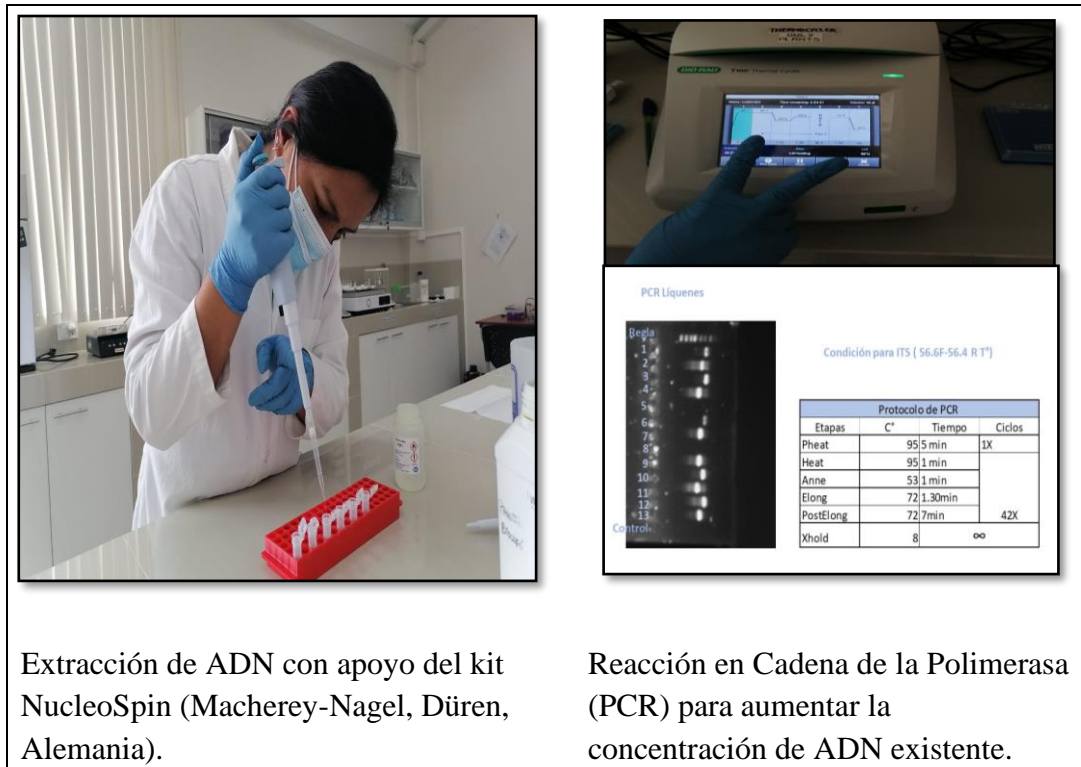


Figura 4. Extracción y amplificación de ADN, Laboratorio de Biología Molecular y Genómica (INDES -CES).

e) Secuenciamiento, alineamiento y análisis de secuencias

Los amplicones purificados con las secuencias de las cadenas directa e inversa fueron determinadas por el servicio comercial de Macrogen (Seúl, Corea del Sur). Luego, se procedió a realizar las ediciones de manera manual empleando el Software Chromas (v.1.45). Estas secuencias editadas fueron alineadas con el software MEGA 7 y MEGA X (Kumar et al., 2018), y luego se obtuvo una secuencia consenso. Adicionalmente, estas secuencias fueron contrastadas con la base de datos de la plataforma del NCBI (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov>).

f) Análisis filogenético

Con las secuencias alineadas y editadas manualmente con el programa Chromas, MEGA 7 y MEGA X, se realizó un análisis de similitud de secuencias BLAST (Herramienta Básica de Alineamiento Local) (<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>), a través de la plataforma del NCBI (Centro Nacional de Información Biotecnológica), para confirmar la amplificación exitosa de la región deseada y determinar su identificación taxonómica. Se tomo en

cuenta el porcentaje de similitud y cobertura para asignar la especie referencia (Hamdouche et al., 2016).

g) Estimación de los índices de biodiversidad de bioindicadores ambientales (musgos y líquenes)

Con las especies identificadas se procedió a calcular el índice de Shannon Weiner, índice que permite observar el nivel de diversidad de bioindicadores dentro de Chachapoyas, donde valores de 0 – 1,35, indican una diversidad baja; de 1.36 – 3.5, diversidad media; y mayores a 3.5, diversidad alta (Moreno, 2001).

Y la fórmula que permitió calcular estos índices fue:

$$H' = - \sum p_i \ln p_i$$

Donde:

H' = Índice de Shannon-Wiener

\ln = logaritmo natural (\log_e)

p_i = abundancia proporcional de la especie i , es decir, el número de individuos de la especie i dividido entre el número total de individuos de la muestra.

III. RESULTADOS

3.1. Análisis del uso de DNA barcoding en los estudios de diversidad de especies en el Perú

a) Número total de DNA barcodes generados por países

a.1) DNA barcodes generados por países en Sudamérica

El país con mayor registro de DNA barcodes en Sudamérica es Argentina, con 117 187 barcodes generados (38.87%), seguido de Brasil con 79 996 registros (26.54%) y Ecuador con 32 394 registros (10.75%), ocupando el segundo y tercer lugar, respectivamente. El Perú se ubica en el cuarto lugar con 26 177 registros (8.68%). Por otro lado, los países con menor número de barcodes son Venezuela con 4 393 registros (1.46%), Bolivia con 9 359 registros (3.10%) y Chile con 15 495 registros (5.14%) **Figura 5** y en la **Figura 6** se muestra el número de especies que representan los registros.

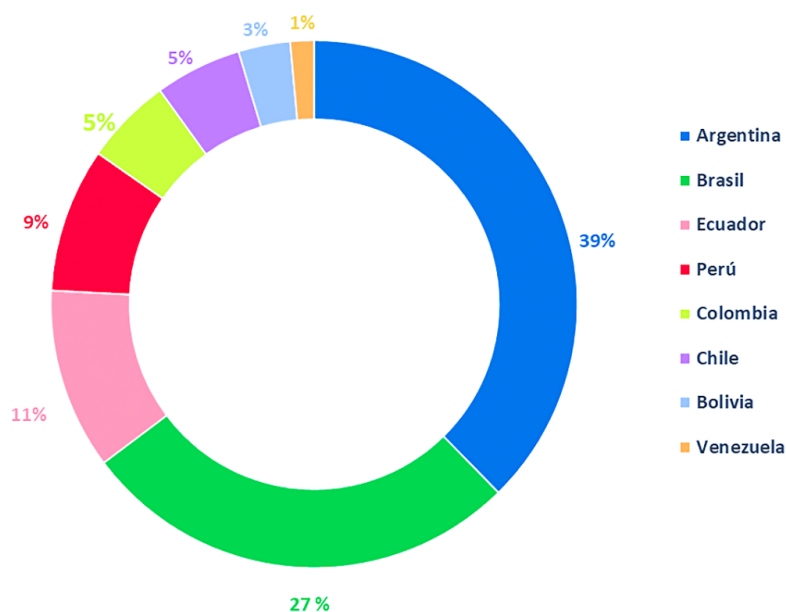


Figura 5. Porcentajes de registros de DNA barcodes generados y depositados en el sistema BOLD para los países de Sudamérica. **Fuente:** The Barcode of Life Database (2022).

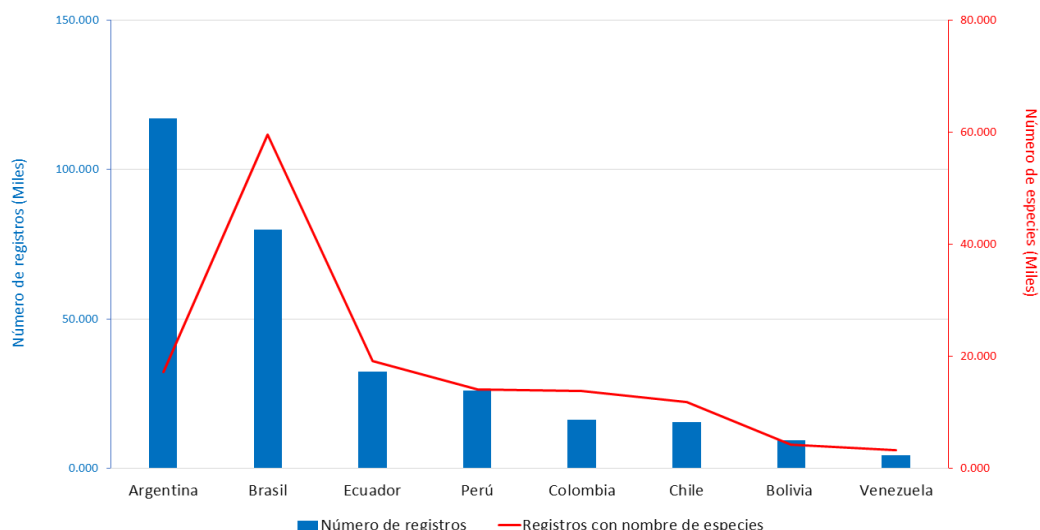


Figura 6. Número de registros de códigos de barras aportados por científicos de países en Sudamérica. Los países se indican en el eje X, mientras que el eje Y indica el número de registros de códigos de barras (izquierda, barra azul) y el número de especies (derecha, línea sólida roja). **Fuente:** The Barcode of Life Database (2022).

a.2) DNA barcodes generados por países megadiversos

Dentro de los países megadiversos, Estados Unidos es el que cuenta con mayor DNA barcodes en BOLD con 500 348 registros generados (22.76%), seguido de Sudáfrica con 464 740 registros (21.14%). Perú se ubica en el décimo cuarto lugar con 26 177 registros (1.19%). Los países con menor número de barcodes son la República Democrática del Congo con 8 830 registros (0.40%) y Venezuela con 4 393 registros (0.20%) (**Tabla 1**).

Tabla 1. Número total de registros de DNA barcodes generados por los científicos de los principales países megadiversos.

País	Número de Barcodes	Porcentaje
Estados Unidos	500 348	22.76
Sudáfrica	464 740	21.14
Australia	365 065	16.61
China	134 970	6.14
Malasia	121 950	5.55
Argentina	117 187	5.33
México	100 923	4.59
Brasil	79 996	3.64
Madagascar	62 288	2.83

Indonesia	55 350	2.52
Papua Nueva Guinea	48 535	2.21
India	44 995	2.05
Ecuador	32 394	1.47
Perú	26 177	1.19
Colombia	16 462	0.75
Filipinas	13 480	0.61
República Democrática del Congo	8 830	0.40
Venezuela	4 393	0.20
Total	2 198 083	100.00

Fuente: The Barcode of Life Data (2022).

a.3) Países con alta actividad de investigación a nivel mundial

Según el ranking de los 10 países con mayor producción científica según Scimago Journal & Country Rank (<https://www.scimagojr.com/>). Canadá se posiciona como el país con mayor registro de barcodes en BOLD con 2 361 428 barcodes (64%), seguido de Estados Unidos con 5 342 registros (14%) y en tercer lugar Australia con 365 065 registros (10%), en la **Figura 7** se muestra en porcentaje los registros de cada país y en **Figura 8** el número de especies que representan los códigos registrados.

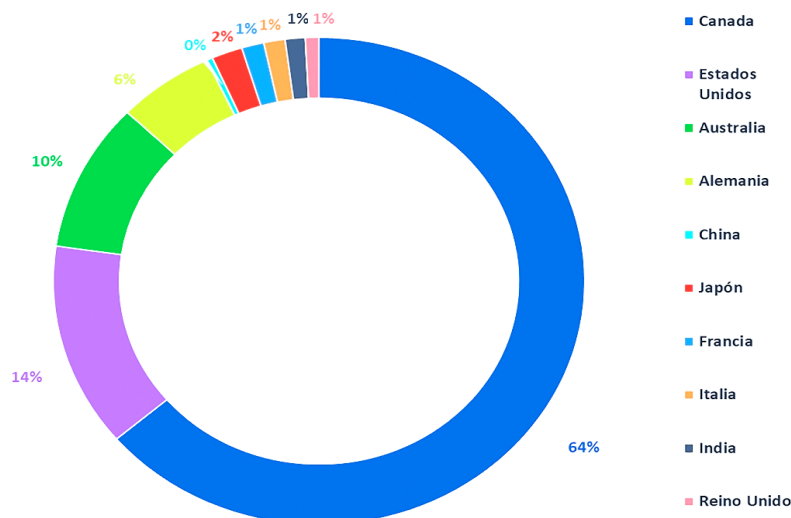


Figura 7. Porcentajes de registros de DNA barcodes generados y depositados en el sistema BOLD para los países con mayor actividad científica registrada en SCIMAGO. **Fuente:** The Barcode of Life Database (2022).

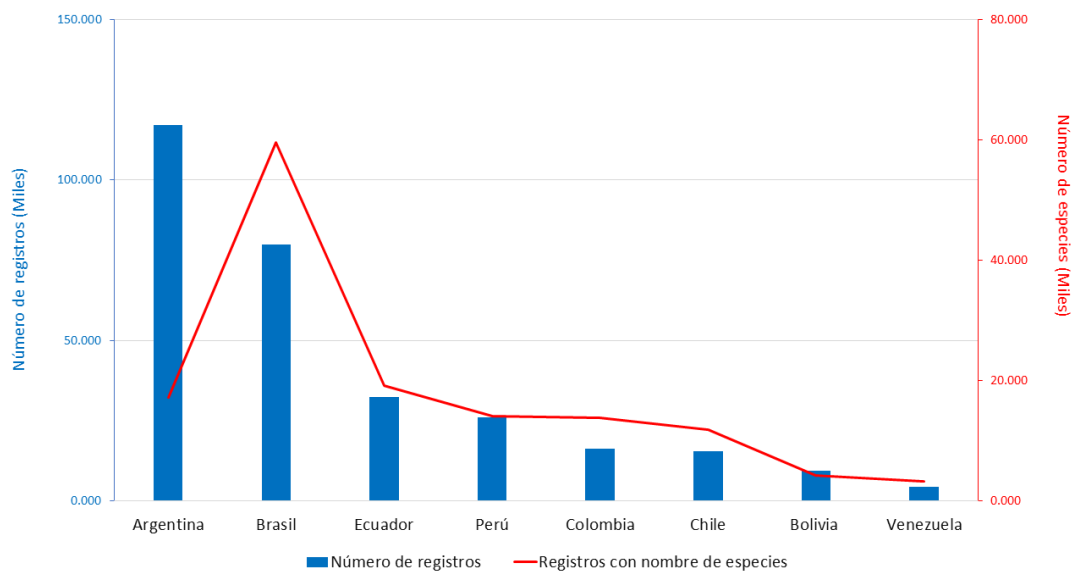


Figura 8. Número de registros de códigos de barras aportados por científicos de países en Alta Actividad Científica. Los países se indican en el eje X, y el eje Y indica el número de registros de códigos de barras (izquierda, barra azul) y el número de especies (derecha, línea sólida roja). **Fuente:** The Barcode of Life Database (2022).

b) Análisis del uso del DNA barcoding en el Perú según grupos taxonómicos y tipo de marcador utilizado

b.1) Análisis del uso del DNA barcoding en el Perú según grupos taxonómicos

Para el Perú, los registros de barcodes en BOLD a nivel de Filo o División (hasta el 2022) comprendieron mayoritariamente las clasificaciones Artrópoda, Chordata y Magnoliophita. Estos grupos representaron el 38%, 16% y 12% de los registros, respectivamente (**Figura 9**). Esto se debe a que los artrópodos son los animales más abundantes y diversos, formados por cuatro grupos: arácnidos, miriápodos, crustáceos e insectos, y se caracterizan por poseer una cubierta exterior o exoesqueleto de quitina (Lamarre et al., 2016). En (**Figura 10**) se representa los códigos registrados a nivel filo a través de los años y en (**Figura 11**) se muestra la representación de los códigos de barras registrados para el mapa de regiones del Perú.

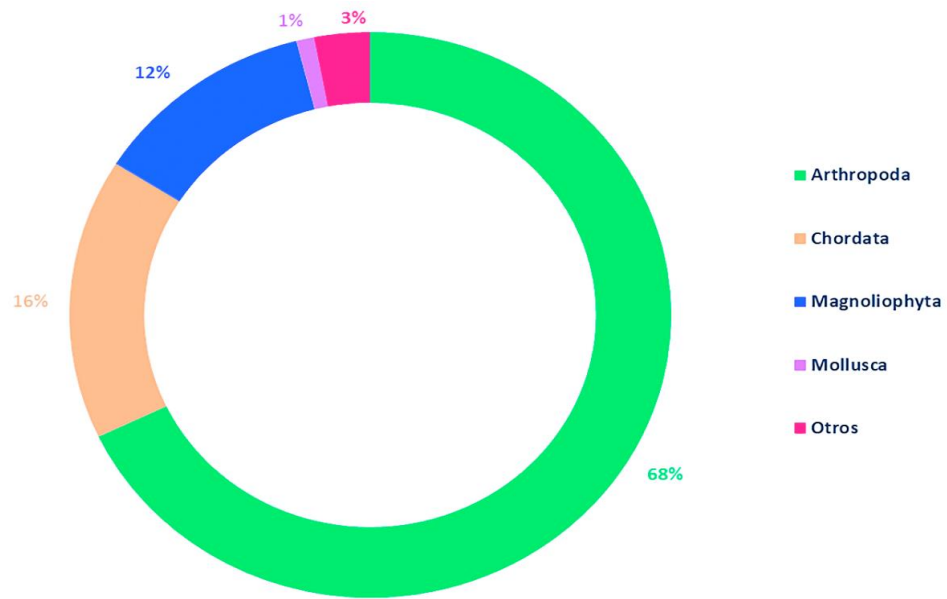


Figura 9. Porcentajes de barcodes generados en Perú según el grupo taxonómico a nivel de filo o división. **Fuente:** The Barcode of Life Database (2022).

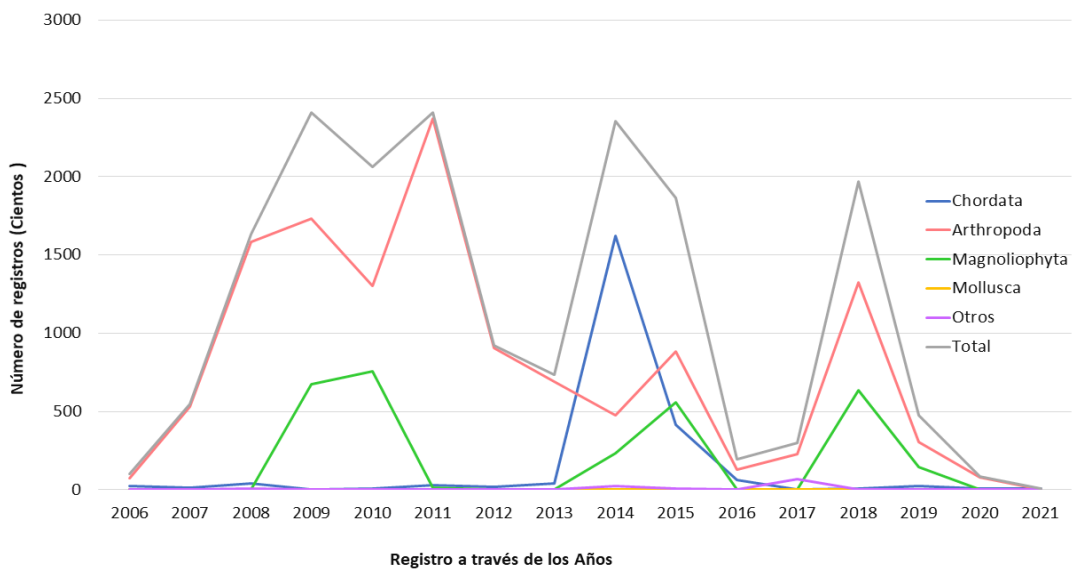


Figura 10. Número de registros para los grupos taxonómicos a nivel filo o división reportados para Perú a través de los años. En el eje Y se considera el número de registros por intervalos (500) y en el eje X la distribución de los años. **Fuente:** The Barcode of Life Database (2022).

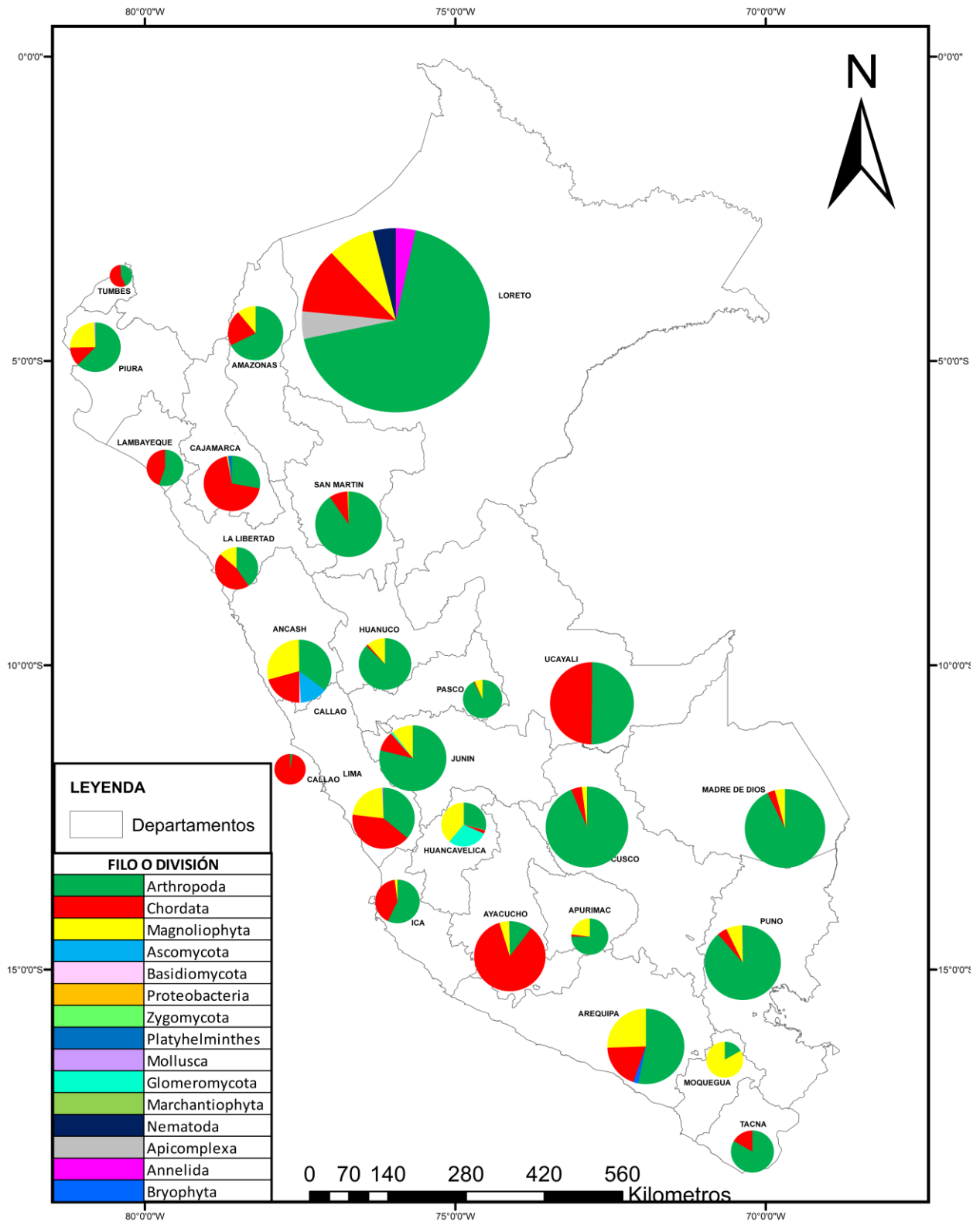


Figura 11. Mapa con los registros a nivel Filo o División para los departamentos del Perú. **Fuente:** The Barcode of Life Database (2022).

A nivel de clase, se obtuvo que Insecta, específicamente el orden Lepidóptera (mariposas), cuenta con los mayores registros de DNA barcodes en 16 departamentos del Perú (Figura 12, Anexo 2).

Teniendo en cuenta las regiones naturales del Perú, la región selva registra en todos sus departamentos mayor número DNA barcodes de la clase Insecta y orden Lepidoptera. Los organismos de la clase Insecta y orden Lepidoptera cuentan con dos pares de alas, como otras partes del cuerpo, están recubiertos por escamas planas (setas modificadas). Además, su distribución geográfica, al igual que su lugar óptimo de desarrollo, abarca las zonas neotropicales, en donde se incluye Perú y otros países de Sudamérica (García Barros et al., 2015).

Para la costa, se puede observar que la clase predominante es la Actinopterygii, y dentro de este grupo, lo son los órdenes Atheriniformes, Carangiformes, Perciformes, conformados por peces plateados de aguas marinas. En la sierra por su parte, los grupos taxonómicos más abundantes corresponden a las Aves (Passeriformes), Insecta (Lepidoptera) y Magnoliopsida (Dipsacales) (**Figura 12, Anexo 3**).

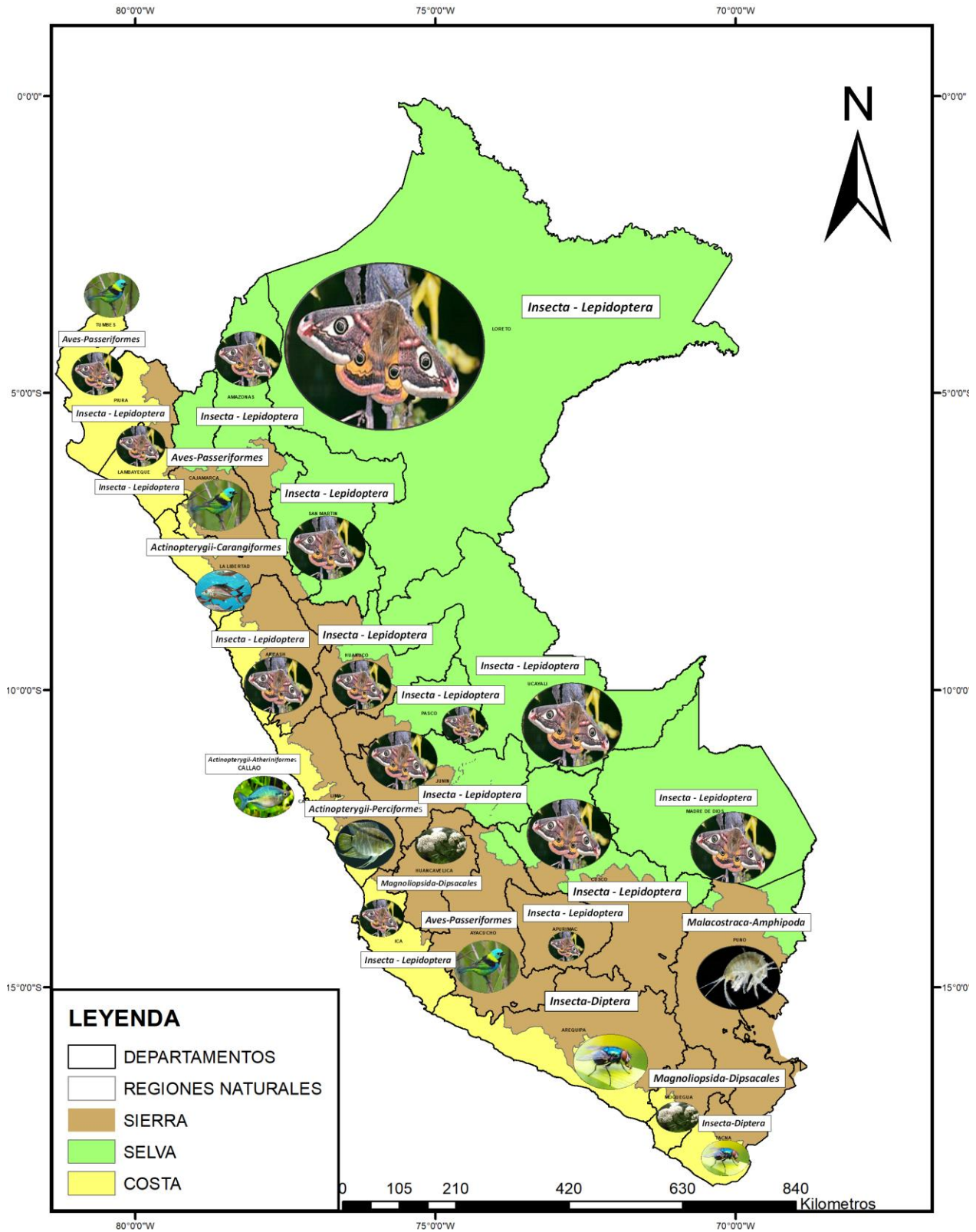


Figura 12. Mapa de clasificación taxonómica, a nivel clase y orden, de los departamentos y regiones naturales del Perú. **Fuente:** The Barcode of Life Database (2022).

b.2) Análisis del uso del DNA barcoding en el Perú según tipo de marcador molecular utilizado

Luego de revisar cada una de las publicaciones registradas con las palabras clave “Dna barcod* Peru” como primer filtro y como segundo “Peru Molecular” en Web of Science y Scopus se obtuvo un total de 143 publicaciones con especímenes de Perú. Según esto, se determinó que:

- a) El marcador plastidial más usado es *rbcL* (gen ribulosa-1,5-bisfosfato carboxilasa), usado en 12 artículos de los 143, seguido de *matK*, (gen Maturasa K). Estos principalmente usados para secuenciar plantas y algas.

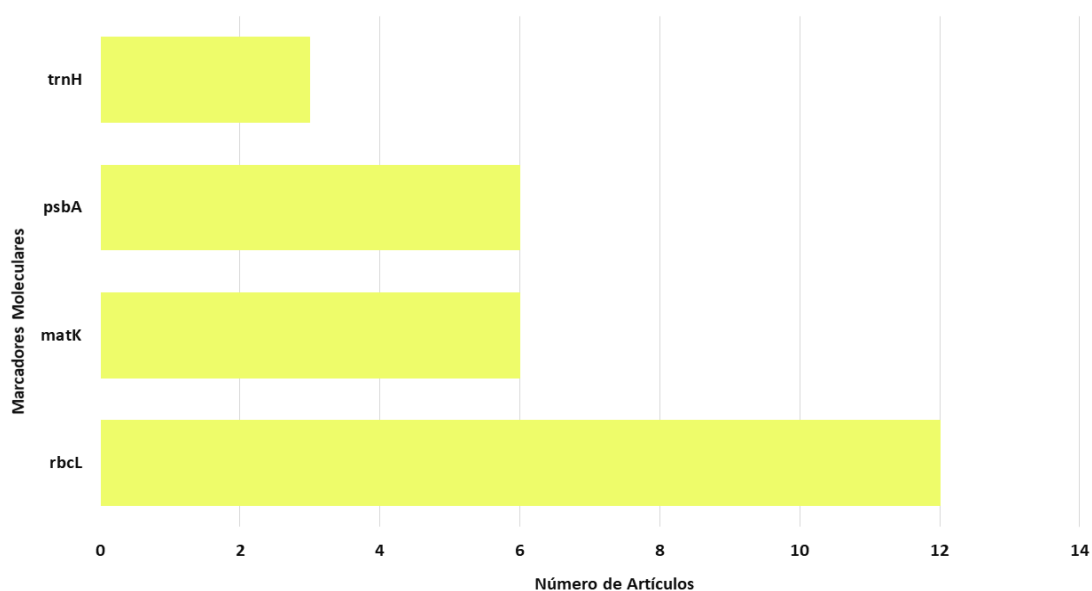


Figura 13. Número de artículos que usaron los marcadores plastidiales como *rbcL* (gen ribulosa-1,5-bisfosfato carboxilasa), *matK*, (gen Maturasa K) y trnH-psbA (gen espaciador intergénico). **Fuente:** Web of Science y Scopus (2022).

- b) Entre los marcadores nucleares de mayor uso se encuentran el marcador ITS (gen espaciador transcrito interno), con presencia en 23 artículos; y los marcadores 18S (18S rRNA), 28S (28S rRNA) y *tef 1* (gen del factor de elongación de la traducción 1α), usados en 13, 5 y 4 artículos, respectivamente.

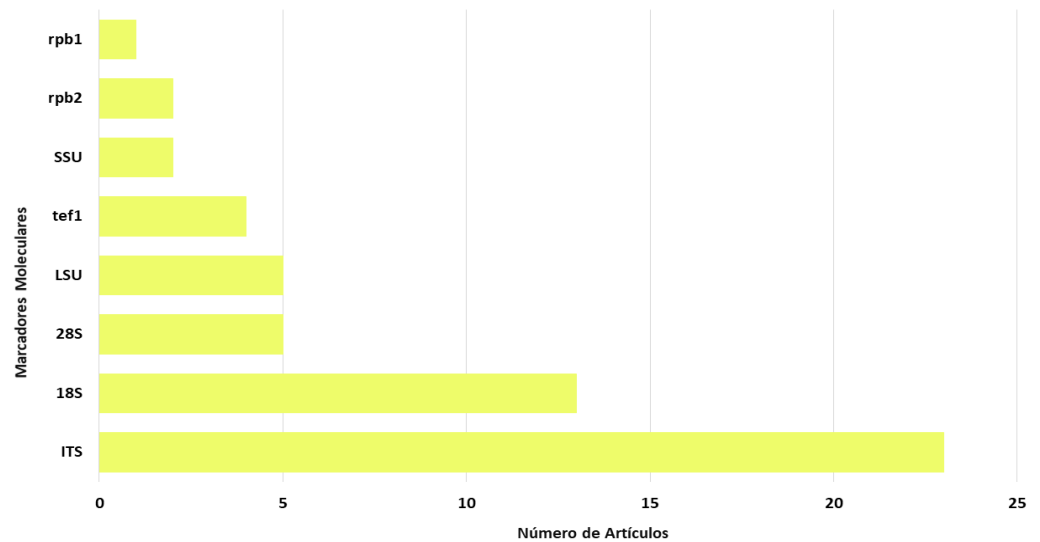


Figura 14. Número de artículos que usaron los marcadores como ITS (gen espaciador transcrito interno), 18s (unidades Svedberg) y tef1. **Fuente:** Web of Science y Scopus (2022).

c) Y los marcadores mitocondriales más usados fueron el gen COI (gen mitocondrial citocromo c oxidasa I) con presencia en 73 artículos, ARNr 16s (gen ARN ribosomal 16S) en 33 publicaciones, y los marcadores 12S (gen ARN ribosomal 12S) y *Cytb* (gen Citocromo b), usados en 15 y 8 artículos, respectivamente.

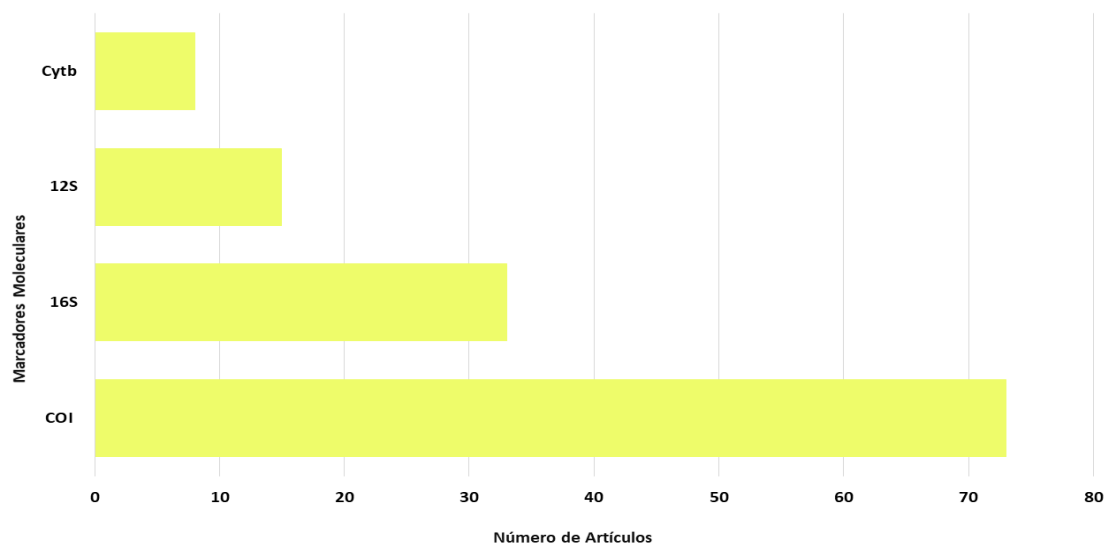


Figura 15. Número de artículos que usaron los marcadores mitocondriales como COI (gen mitocondrial citocromo c oxidasa I), ARNr 16S (gen ARN ribosomal 16S),

12s (gen ARN ribosomal 12S), y Cytb (gen Citocromo b). **Fuente:** Web of Science y Scopus (2022).

b.3) Mapa de ubicación de los registros para Perú en BOLD

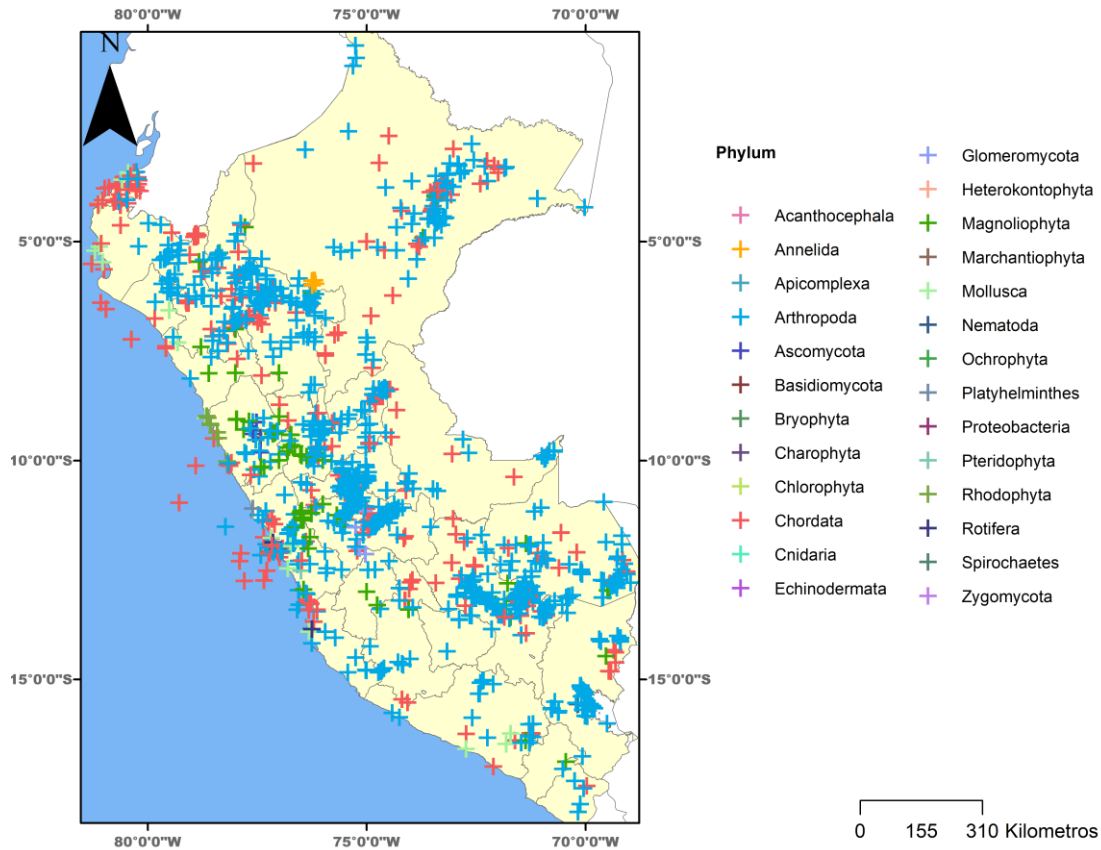


Figura 16. Distribución geográfica de códigos de barras en el sistema BOLD aportados por científicos peruanos, con muestras recolectadas en Perú. Phylum se denotan por diferentes colores. **Fuente:** The Barcode of Life Database (2022).

Además, se encontró que para Perú los mayores registros se encuentran en los departamentos de Huánuco con 2 833 registros, Madre de Dios con 2 093 registros y Cuzco con 1 832. Y los departamentos con menores registros son Tacna con 6 registros, Moquegua con 6 registros, y La Libertad con 37 registros (**Figura 17, Anexo 2**).

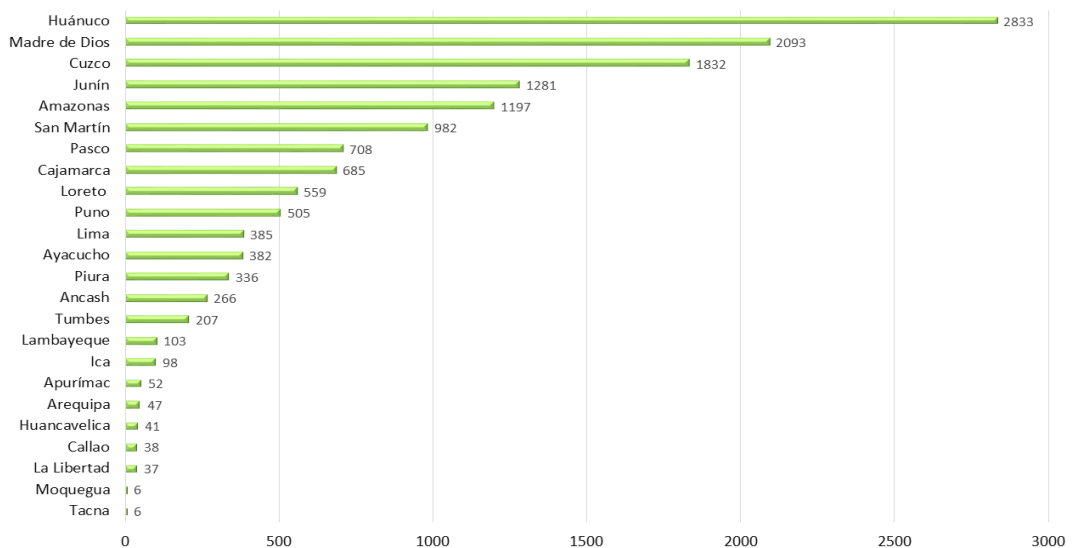


Figura 17. Registros de DNA Barcodes generador en cada uno de los departamentos del Perú. **Fuente:** The Barcode of Life Database (2022).

c) Análisis del tipo de secuenciamiento utilizado en los estudios de diversidad en el Perú

Luego de revisar cada una de las publicaciones registradas en Web of Science y Scopus se determinó que, 115 de 143 de los artículos utilizaron el secuenciamiento Sanger, mientras que solo 10 de ellos usaron algún tipo de secuenciamiento Masivo (NGS). Además, existen 18 publicaciones que no muestran esta información o son artículos de revisión.

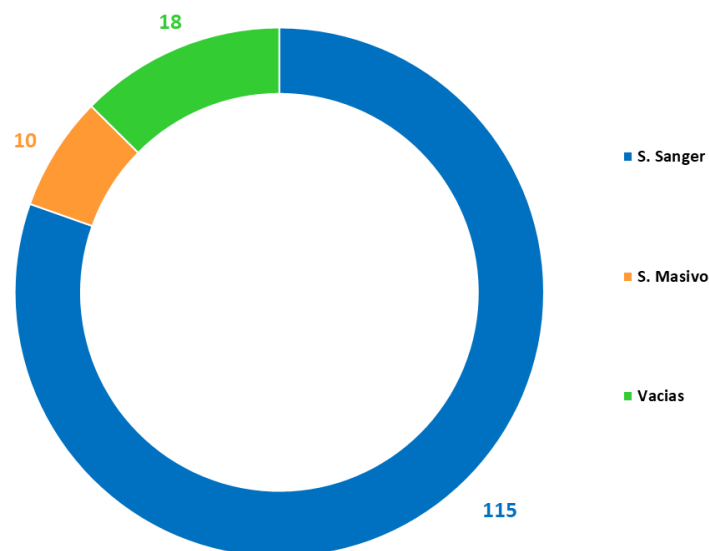


Figura 18. Tipo de Secuenciamiento en artículos registrados en las bases de datos Web of Science y Scopus. **Fuente:** Web of Science y Scopus (2022).

d) Análisis de áreas de investigación en estudios de DNA barcoding

Posterior a la revisión de cada trabajo de investigación publicado en Web of Science y Scopus, se verificó que i) 123 de éstos pertenecieron a la Categoría 1, donde los estudios son de tipo básico y la generación de barcodes se realizó con fines taxonómicos (identificación de especies, descripción de nuevas taxa, caracterización de flora o fauna, genética de poblaciones, etc.); ii) 8 artículos se ubicaron en la Categoría 2, que corresponde a estudios de tipo aplicado, donde se empleó el DNA barcoding para generar conocimiento con fines aplicativos en sector salud, ambiental, industrial, entre otros, y iii) 13 artículos pertenecieron en la Categoría 3, correspondiente a artículos que realizaron revisiones bibliográficas y compilación de información en relación a inventarios de diversidad.

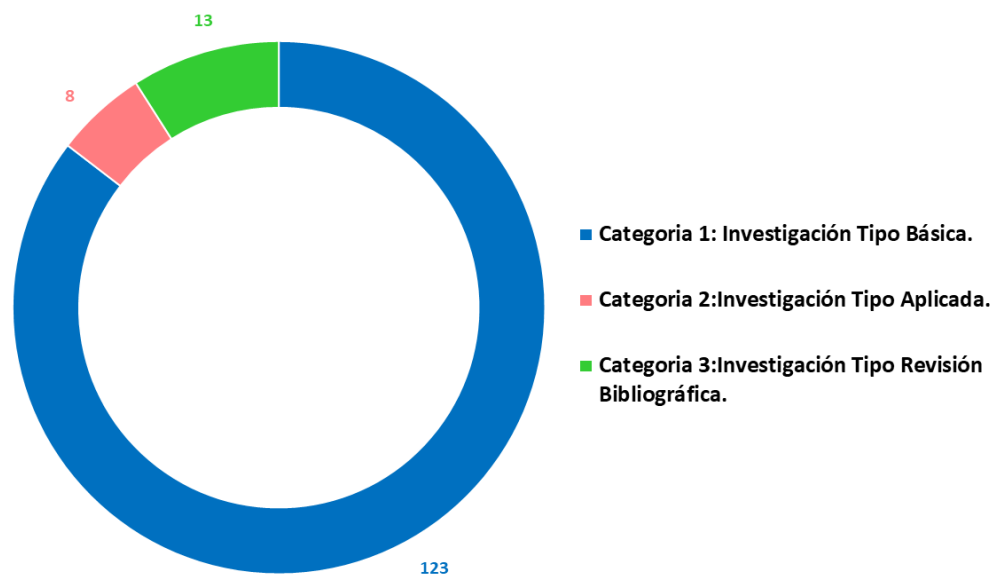


Figura 19. Áreas de investigación de artículos registrados en las bases de datos Web of Science y Scopus. **Fuente:** Web of Science y Scopus (2022).

e) Análisis de instituciones que utilizan el DNA barcoding

Posterior a la revisión de los artículos almacenados en Mendeley (v.1.19.4), estos fueron agrupados bajo las siguientes categorías: i) universidades peruanas, ii) institutos y otras instituciones de investigación peruanas y iii) entidades extranjeras.

Se puede apreciar que existe una mayor participación de instituciones extranjeras en la producción de artículos con la generación de DNA barcodes, donde las universidades actúan como instituciones de apoyo en los trabajos de investigación. Entre las entidades que tuvieron más registros en el año 2022 para Perú se encuentran las Instituciones del Extranjero.

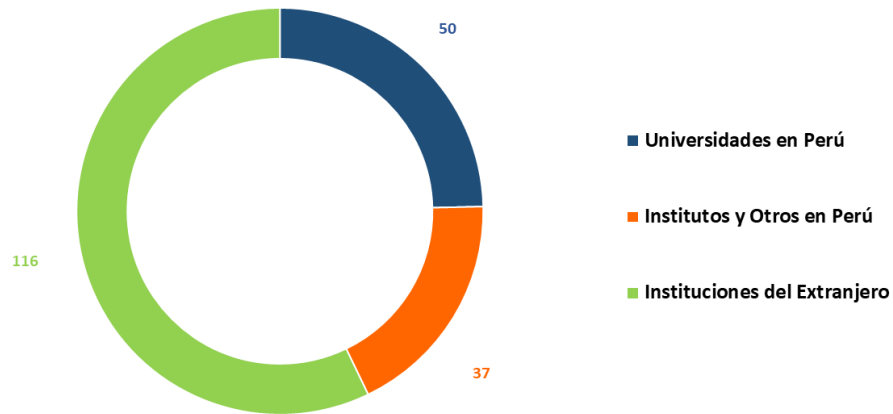


Figura 20. Clasificación de instituciones que utilizan DNA barcoding con material peruano en las bases de datos Web of Science y Scopus. **Fuente:** Web of Science y Scopus (2022).

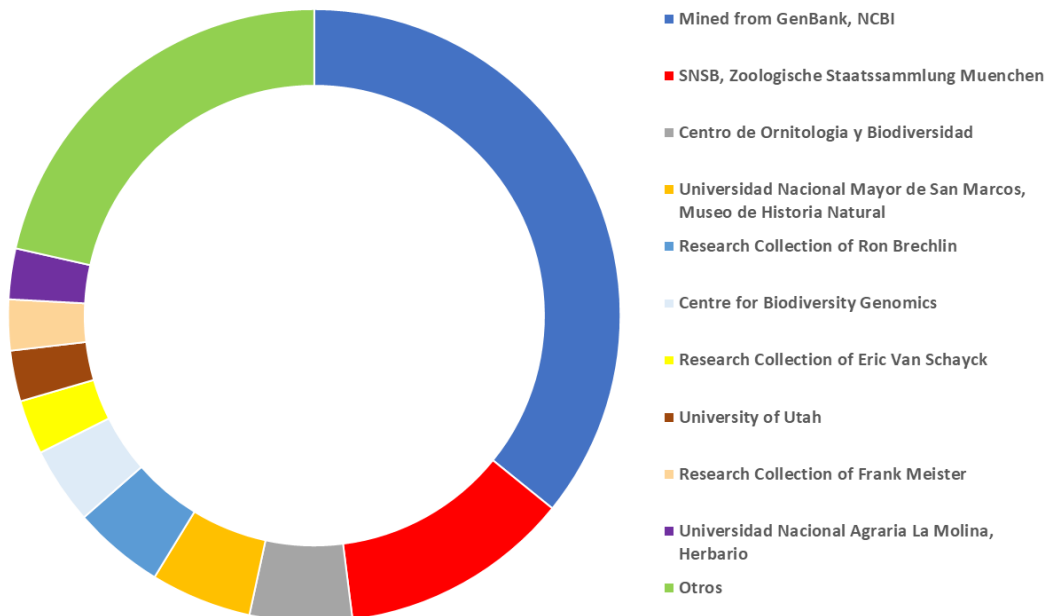


Figura 21. Principales entidades de registros de DNA barcodes en BOLD con muestras tomadas en Perú. **Fuente:** BOLD (2022).

Tabla 2. Número total de registros de DNA barcodes por Instituciones con muestras tomadas en Perú.

Institución	N° de Registros	Porcentaje (%)
Mined from GenBank, NCBI	9858	35.825
SNSB, Zoologische Staatssammlung Muenchen	3352	12.182
Centro de Ornitología y Biodiversidad	1486	5.400
Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Museo de Historia Natural	1467	5.331
Research Collection of Ron Brechlin	1328	4.826
Centre for Biodiversity Genomics	1117	4.059
Research Collection of Eric Van Schayck	789	2.867
University of Utah	738	2.682
Research Collection of Frank Meister	737	2.678
Universidad Nacional Agraria La Molina, Herbario	736	2.675
Otros	5909	21.474
Total	27517	100.000

Fuente: The Barcode of Life Database (2022).

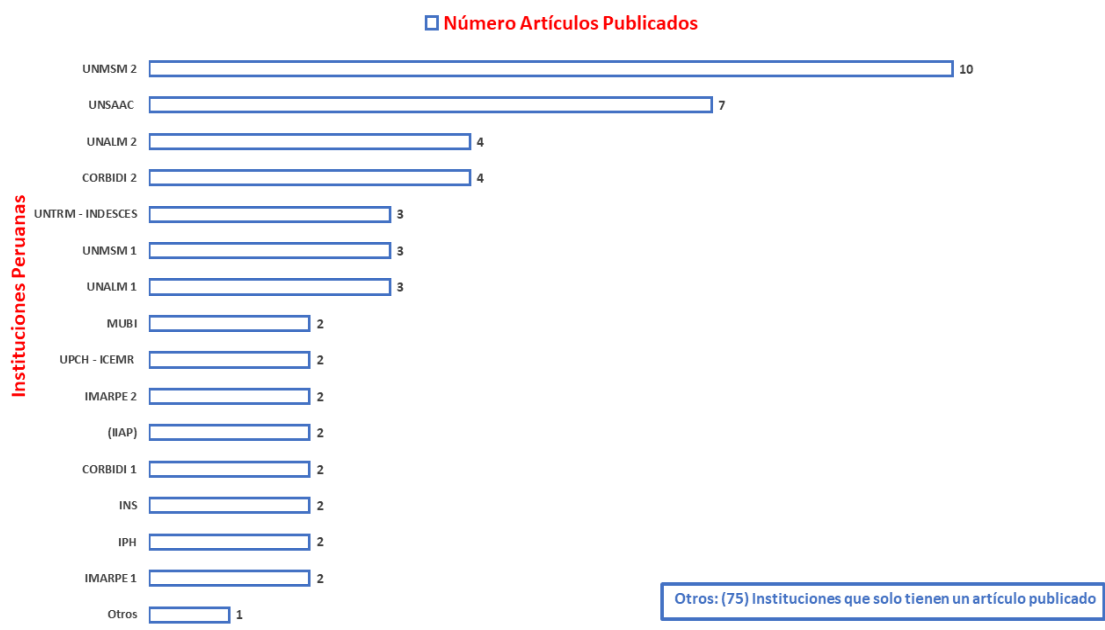


Figura 22. Principales Instituciones del Perú con artículos publicados en SCOPUS, donde se encuentran IMARPE 1 (Instituto del Mar del Perú-IMARPE - Laboratorio Costero de Tumbes), IPH (Instituto Peruano de Herpetología), INS (Laboratorio de Entomología, Instituto Nacional de Salud), CORBIDI 1(División de Herpetología, CORBIDI), IIAP (Instituto de Investigación de la Amazonía Peruana, Laboratorio de Biología y Genética Molecular (LBGM)), IMARPE 2 (Instituto del Mar del Perú - Banco de Germoplasma de Organismos Acuáticos), UPCH - ICEMR (Universidad Peruana Cayetano Heredia - Laboratorio ICEMR - Amazonia, Laboratorios de Investigación y Desarrollo, Facultad de Ciencias y Filosofía), MUBI (Museo de Biodiversidad del Perú), UNALM 1 (Universidad Nacional Agraria La Molina), UNMSM 1 (Universidad Nacional Mayor de San Marcos - Instituto de Ciencias Biológicas “Antonio Raimondi ” Facultad de Ciencias Biológicas), UNTRM – INDESCES (Universidad Nacional Toribio Rodríguez de Mendoza - Instituto de Investigación para el Desarrollo Sustentable de Ceja de Selva), CORBIDI 2 (Centro de Ornitología y Biodiversidad), UNALM 2 (Universidad Nacional Agraria La Molina - Facultad de Pesquería), UNSAAC (Universidad Nacional de San Antonio Abad del Cusco - Museo de Historia Natural) y UNMSM 2 (Universidad Nacional Mayor de San Marcos - Departamento de Herpetología y Museo de Historia Natural). Fuente: The Barcode of Life Database (2022).

f) Análisis del tipo de publicaciones que utilizan el DNA barcoding

Los artículos almacenados en Mendeley (v.1.19.4) fueron agrupados bajo las siguientes categorías: artículo científico, tesis y libro. Encontrando que en su mayoría de las publicaciones realizadas perteneces a artículos, encontrando 142 artículos, 28 tesis y 0 libros.

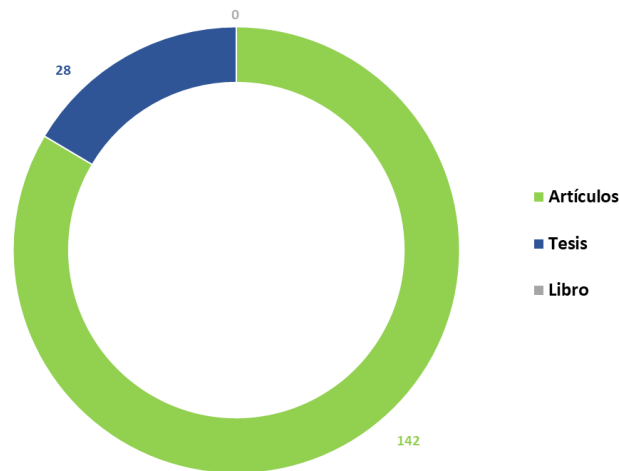


Figura 23. Tipo de publicaciones que utilizan DNA barcoding en Perú. **Fuente:** SUNEDU (2022) Y Web of Science y Scopus (2022).

3.2.-Evaluación de la diversidad de bioindicadores ambientales (Bryophytas y Líquenes) en Chachapoyas empleando el DNA barcoding

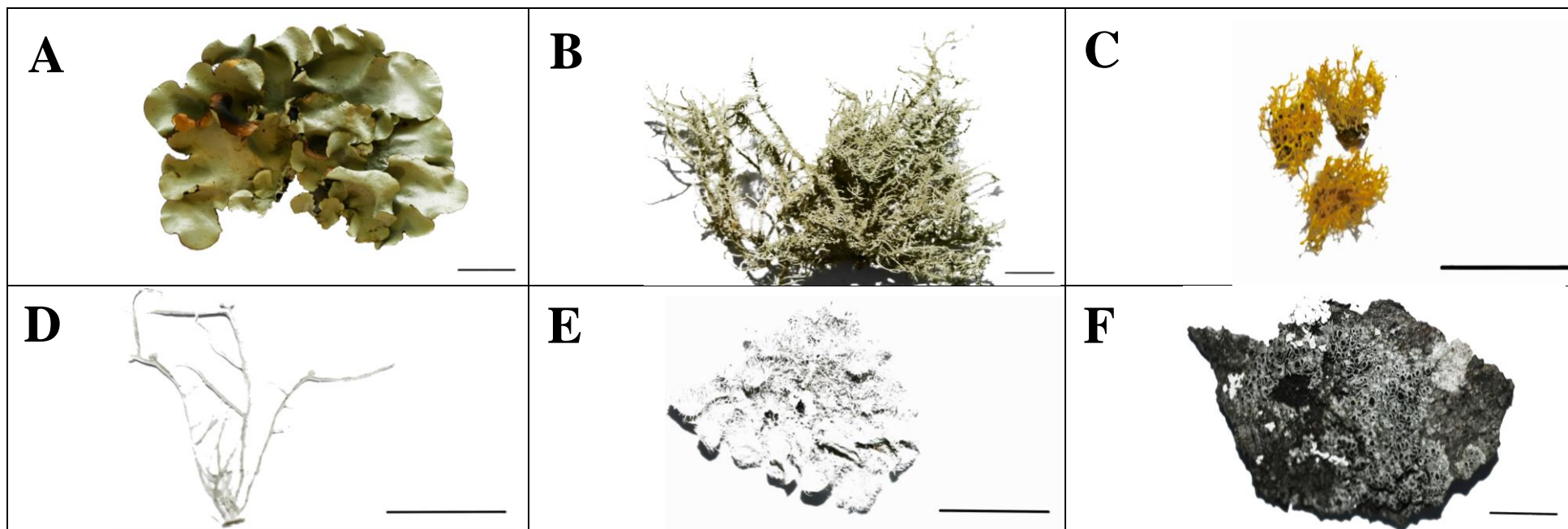
a) Asignación taxonómica

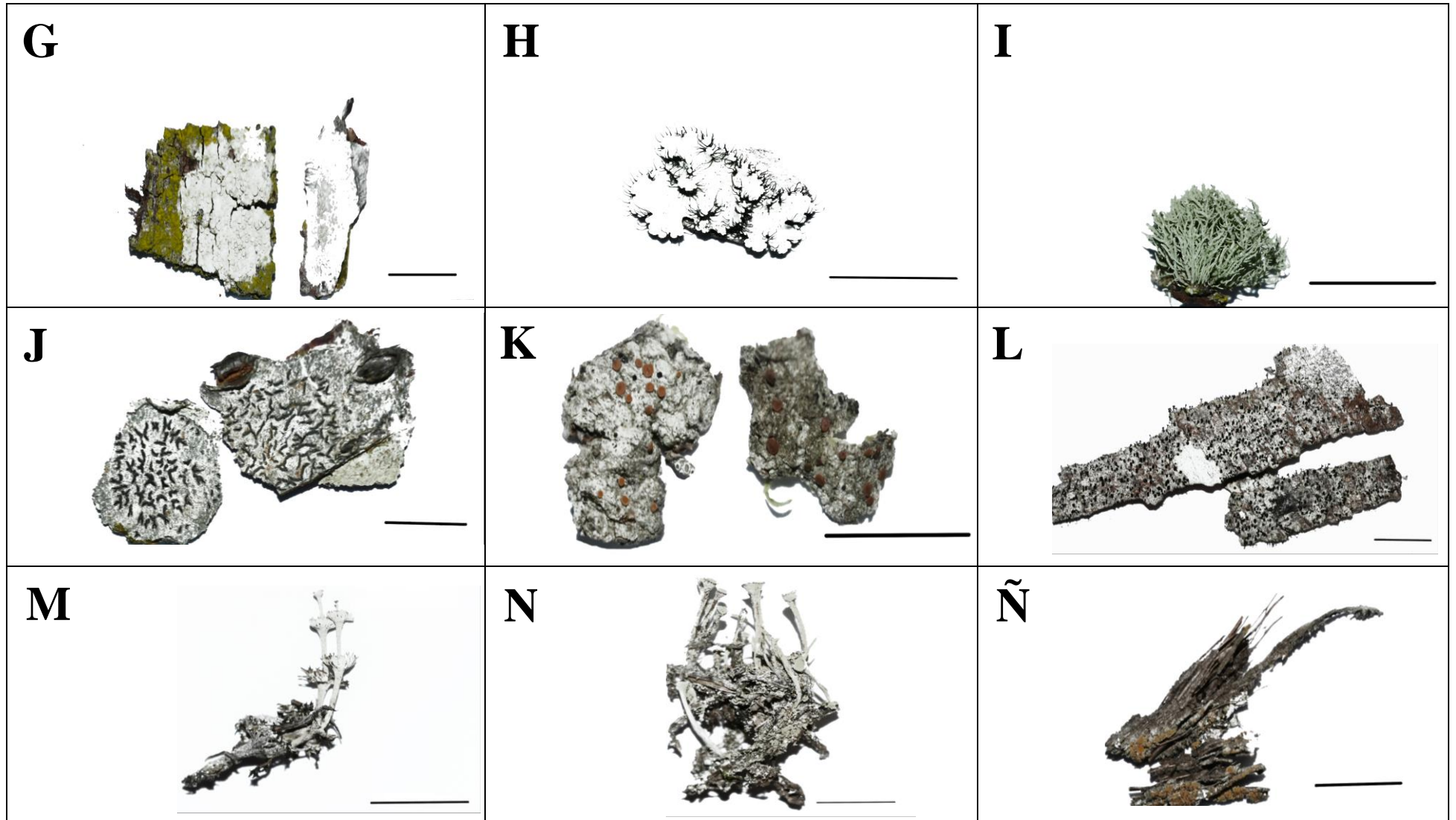
Se obtuvieron un total de 40 secuencias divididas en 16 bryophytas y 24 líquenes. La longitud mínima y máxima para el marcador rbcL fue de 938 y 1102, respectivamente, mientras que para el marcador ITS se encontró una longitud mínima de 569 y máxima de 954 pb. Todas las secuencias fueron sometidas a un análisis de similitud de secuencias BLAST (Herramienta Básica de Alineamiento Local) (<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>), a través de la plataforma del NCBI (Centro Nacional de Información Biotecnológica), para confirmar la amplificación exitosa de la región deseada y determinar su identificación taxonómica. Se tomó en cuenta el porcentaje de similitud y cobertura para asignar la especie referencia, los especímenes con un porcentaje mayor al 99% fueron considerados como la misma especie (Hamdouche et al., 2016).

Tabla 3. Identificación de especímenes de Líquenes usando el marcador molecular ITS1-ITS4.

ID	Código de Recolección	Orden	Familia	Especie	Especie referencia	Código GenBank de especies referencia	% de similitud con especies referencia	% de Cobertura con especie referencia
A	A.1.1	Lecanorales	Parmeliaceae	<i>Parmotrema reticulatum</i>	<i>Parmotrema reticulatum</i>	EU266116	99.30	97
B	A.1.2	Lecanorales	Parmeliaceae	<i>Usnea</i> sp.	<i>Usnea rubrotincta</i>	FJ494951	94.60	97
C	A.1.3	Teloschistales	Teloschistaceae	<i>Teloschistes</i> sp.	<i>Teloschistes flavicans</i>	EU681362	91.75	51
D	A.1.10	Lecanorales	Ramalinaceae	<i>Ramalina</i> sp.	<i>Ramalina celastri</i>	MH714506	93.04	59
E	A.1.20	Lecanorales	Physciaceae	<i>Heterodermia</i> sp.	<i>Heterodermia leucomelaena</i>	MK092093	91.93	63
F	A.1.5	Lecanorales	Physciaceae	<i>Physcia</i> sp.	<i>Physcia vitii</i>	MW433610	93.67	66
G	A.1.9	Lecanorales	Lecanoraceae	<i>Lecanora caesiorubella</i>	<i>Lecanora caesiorubella</i>	OL604000	99.01	85
H	A.1.18	Lecanorales	Parmeliaceae	<i>Parmotrema</i> sp.	<i>Parmotrema cetratum</i>	KY929420	98.79	56
I	A.2.7	Lecanorales	Parmeliaceae	<i>Usnea</i> sp.	<i>Usnea dasaea</i>	JQ837305	98.19	84
J	A.4.2			No indentificado	Uncultured fungus	FJ820800	100	23
K	A.6.3	Teloschistales	Teloschistaceae	<i>Caloplaca</i> sp.	<i>Caloplaca flavorubescens</i>	MT967429	82.58	73
L	B.2.3	Lecanorales	Ramalinaceae	<i>Ramalina</i> sp.	<i>Ramalina conduplicans</i>	DQ394391	94.75	62
M	B.3.4	Lecanorales	Cladoniaceae	<i>Cladonia</i> sp.	<i>Cladonia cf. Subulata</i>	MK508925	96.05	83
N	B.3.7	Lecanorales	Cladoniaceae	<i>Cladonia subsquamosa</i>	<i>Cladonia subsquamosa</i>	AF455225	99.29	86
Ñ	D.6.1			<i>Wetmoreana</i> sp.	<i>Wetmoreana</i> sp.	MT754224	99.32	31
O	E.3.2	Lecanorales	Ramalinaceae	<i>Ramalina conduplicans</i>	<i>Ramalina conduplicans</i>	DQ394391	94.91	62
P	E.6.2	Lecanorales	Parmeliaceae	<i>Punctelia borreri</i>	<i>Punctelia borreri</i>	AY773112	100	85
Q	E.6.10	Teloschistales	Teloschistaceae	<i>Teloschistes</i> sp.	<i>Teloschistes hypoglaucus</i>	KC179319	98.61	85

R	F.6.2	Teloschistales	Teloschistaceae	<i>Vilophora</i> sp.	<i>Vilophora darwiniana</i>	MW397548	95.42	43
S	F.8.2	Lecanorales	Ramalinaceae	<i>Ramalina</i> sp.	<i>Ramalina celastri</i>	KF583528	96.16	81
T	E.6.9	Lecanorales	Physciaceae	<i>Physcia</i> sp.	<i>Physcia vitii</i>	MW433610	91.02	81
U	F.2.1	Lecanorales	Ramalinaceae	<i>Ramalina</i> sp.	<i>Ramalina celastri</i>	KF583528	96.46	51
V	B.2.2	Lecanorales	Ramalinaceae	<i>Ramalina</i> sp.	<i>Ramalina fleigiae</i>	NR_164556	98.54	81
W	B.1.3	Lecanorales	Cladoniaceae	<i>Cladia</i> sp.	<i>Cladia aggregata</i>	KC148377	98.87	100





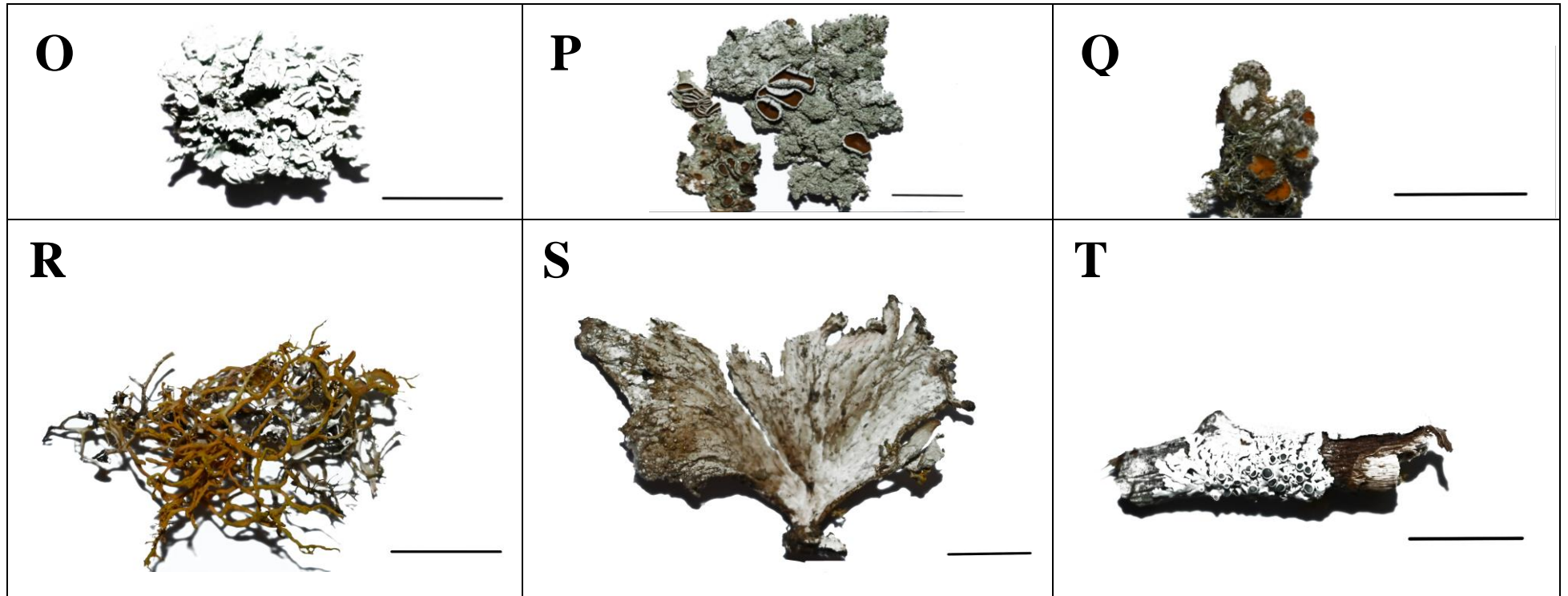
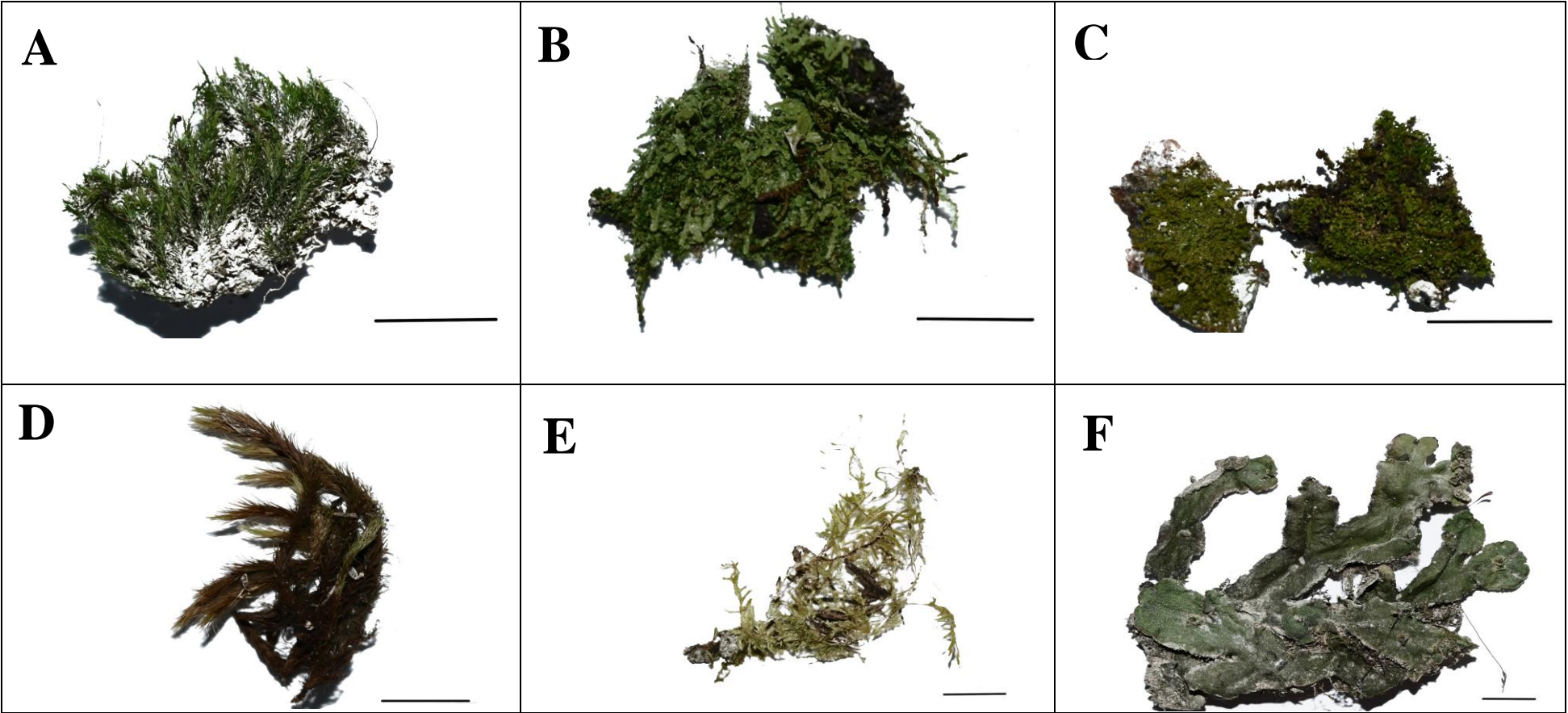




Figura 24. Morfología de bioindicadores ambientales (líquenes) de la ciudad de Chachapoyas: A (*Parmotrema reticulatum*), B (*Usnea* sp.), C (*Teloschistes* sp.), D (*Ramalina* sp.), E (*Heterodermia* sp.), F (*Physcia* sp.), G (*Lecanora caesiorubella*), H (*Parmotrema* sp.), I (*Usnea* sp.), J (*No indentificado*), K (*Caloplaca* sp.), L (*Ramalina* sp.), M (*Cladonia* sp.), N (*Cladonia subsquamosa*), Ñ (*Wetmoreana* sp.), O (*Ramalina conduplicans*), P (*Punctelia borrieri*), Q (*Teloschistes* sp.), R (*Vilophora* sp.), S (*Ramalina* sp.), T (*Physcia* sp.), U (*Ramalina* sp.), V (*Ramalina* sp.) y W (*Cladia* sp.), escala de 1 cm.

Tabla 4. Identificación de especímenes de Bryophytas usando el marcador molecular *rbcL*.

ID	Código de Recolección	Orden	Familia	Especie	Especie Referencia	Clasificación	Código GenBank de Especies Referencia	% de similitud con especies referencia	% de Cobertura con especie referencia
A	A.4.7	Marchantiales	Marchantiaceae	<i>Marchantia polymorpha</i>	<i>Marchantia polymorpha</i>	Hepáticas	MF315040	99.79	100
B	A.1.23	Porellales	Lejeuneaceae	<i>Cololejeunea minutissima</i>	<i>Cololejeunea minutissima</i>	Hepáticas	JQ991200	99.44	99
C	A.1.24	Porellales	Lejeuneaceae	<i>Lindigianthus cipaconeus</i>	<i>Lindigianthus cipaconeus</i>	Hepáticas	DQ983702	99.81	100
D	A.5.4	Bartramiales	Bartramiaceae	<i>Bartramia</i> sp.	<i>Bartramia stricta</i>	Hepáticas	AY312926	98.29	100
E	A.7.4	Hypnales	Brachythecium salebrosum	<i>Brachythecium salebrosum</i>	<i>Brachythecium salebrosum</i>	Musgo	AF158176	99.1	100
F	C.1.5	Hypnales	Cryphaeaceae	<i>Cryphaea patens</i>	<i>Cryphaea patens</i>	Musgo	DQ481541	99.81	100
G	C.3.3	Marchantiales	Marchantiaceae	<i>Marchantia polymorpha</i>	<i>Marchantia polymorpha</i>	Hepáticas	MF315040	99.79	100
H	C.3.5	Metzgeriales	Metzgeriaceae	<i>Metzgeria</i> sp.	<i>Metzgeria liebmanniana</i>	Hepáticas	DQ268976	96.71	99
I	C.4.1	Bryales	Bryaceae	<i>Bryum argenteum</i>	<i>Bryum argenteum</i>	Musgo	LC270450	99.51	100
J	E.6.7	Porellales	Frullaniaceae	<i>Frullania ecklonii</i>	<i>Frullania ecklonii</i>	Hepáticas	FJ380784	100	100
K	E.6.13	Orthotrichales	Orthotrichaceae	<i>Macrocoma tenuis</i>	<i>Macrocoma tenuis</i>	Musgo	AB279619	99.24	100
L	F.1.1	Hypnales	Dicksoniaceae	<i>Dixonia</i> sp.	<i>Dixonia</i> cf. <i>Thamnioides</i>	Helechos	AB100956	97.73	99
M	F.1.6	Pottiales	Pottiaceae	<i>Barbula unguiculata</i>	<i>Barbula unguiculata</i>	Musgo	AB670696	99.21	100
N	F.1.16	Pottiales	Tortula	<i>Tortula ruralis</i>	<i>Tortula ruralis</i>	Musgo	AJ275169	99.51	100
Ñ	F.2.11	Pottiales	Pottiaceae	<i>Streptopogon</i> sp.	<i>Streptopogon calymperes</i>	Musgo	AF478231	97.5	100
O	F.3.2	Hypnodendrales	Racopilaceae	<i>Racopilum cuspidigerum</i>	<i>Racopilum cuspidigerum</i>	Musgo	AY524449	99.11	99



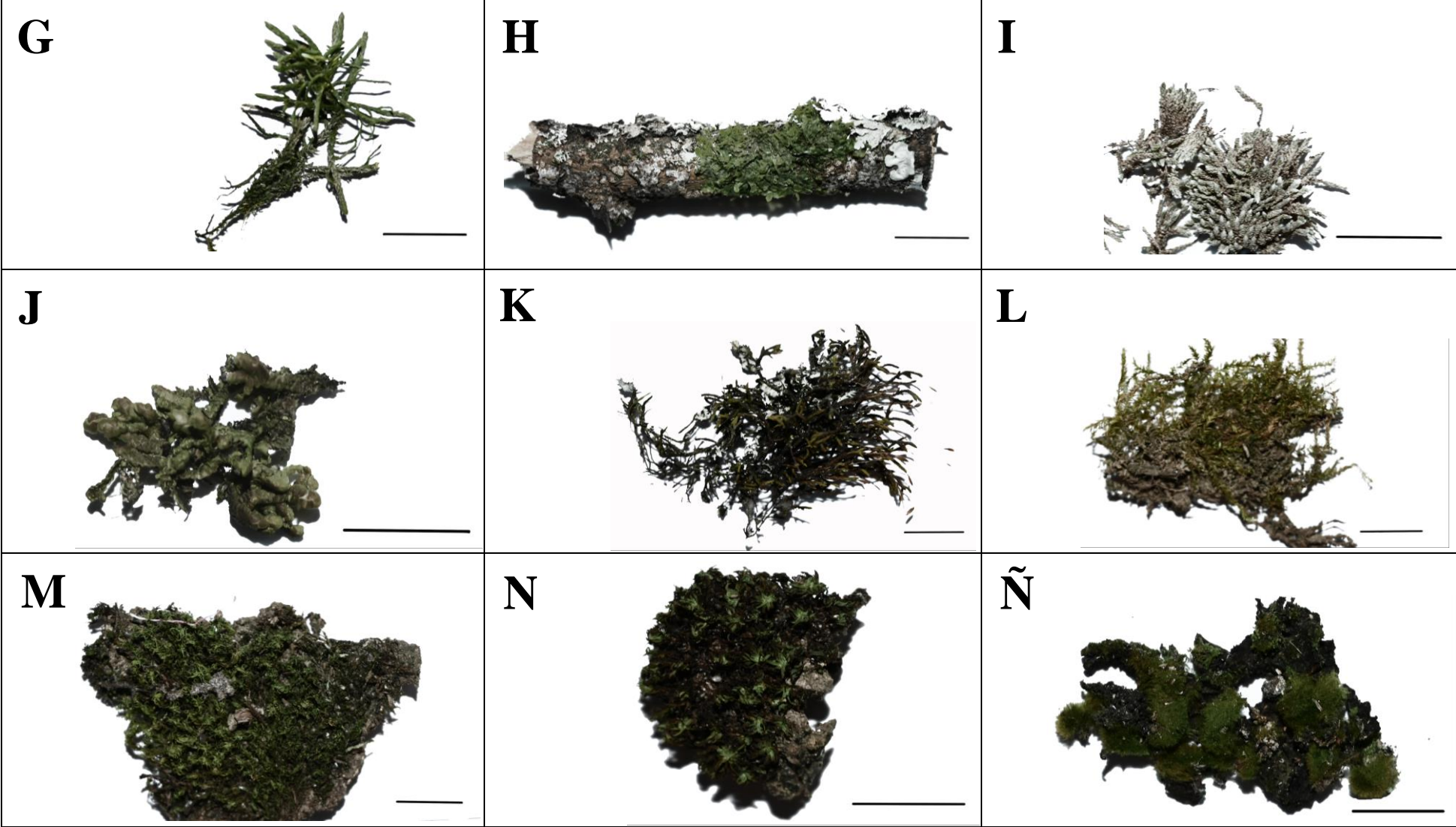




Figura 25. Morfología de bioindicadores ambientales (Bryophytas) en la ciudad de Chachapoyas: A (*Marchantia polymorpha*), B (*Cololejeunea minutissima*), C (*Lindigianthus cipaconeus*), D (*Bartramia* sp.), E (*Brachythecium salebrosum*), F (*Cryphaea patens*), G (*Marchantia polymorpha*), H (*Metzgeria* sp.), I (*Bryum argenteum*), J (*Frullania ecklonii*), K (*Macrocoma tenuis*), L (*Dixonia* sp.), M (*Barbula unguiculata*), N (*Tortula rurales*), Ñ (*Streptopogon* sp.), O (*Racopilum cuspidigerum*), escala de 1 cm.

Tabla 5. Número de individuos encontrados por especies de líquenes para los 6 sectores de la ciudad de Chachapoyas.

Líquenes	Sectores						Total
	Pedro Castro	Señor de los Milagros	Mogrovejo	Chachapoyas Centro	El Molino	Higos Urco - Universidad	
<i>Parmotrema reticulatum</i>	9	6	3	4	8	5	35
<i>Usnea</i> sp.	10	5	3	1	5	6	30
<i>Teloschistes</i> sp.	8	4	4	2	8	8	34
<i>Heterodermia</i> sp.	2	3	1	2	1	3	12
<i>Lecanora caesiorubella</i>	7	1	1	1		1	11
<i>Parmotrema</i> sp.	1						1
<i>Caloplaca</i> sp.	15	8	2	3	1	4	33
<i>Cladonia subsquamosa</i>		1					1
<i>Ramalina conduplicans</i>	1						1
<i>Punctelia borreri</i>		2			2	4	8
<i>Villophora</i> sp.		1				1	2
<i>Physcia</i> sp.	1				2	2	5
<i>Ramalina</i> sp.	2	2			5	7	16
<i>Cladia</i> sp.		2	1	1			4
<i>Cladonia</i> sp.		1					1
Total	56	36	15	14	32	41	
				194			

Tabla 6. Número de individuos encontrados por especies de bryophytas para los 6 sectores de la ciudad de Chachapoyas.

Especies	Sectores						Total
	Pedro Castro	Señor de los Milagros	Mogrovejo	Chachapoyas Centro	El Molino	Higos Urco - Universidad	
<i>Cololejeunea minutissima</i>	1			1			2
<i>Lindigianthus cipaconeus</i>	1						1
<i>Bartramia</i> sp.	2	3	2		2	1	10
<i>Brachythecium salebrosum</i>	1	1	1		1		4
<i>Cryphaea patens</i>			1				1
<i>Marchantia polymorpha</i>	1		1			1	3
<i>Metzgeria</i> sp.			1				1
<i>Bryum argenteum</i>	11	3	8	13	7	5	47
<i>Frullania ecklonii</i>					1		1
<i>Macrocoma tenuis</i>					1		1
<i>Dixonia</i> sp.						1	1
<i>Barbula unguiculata</i>						3	3
<i>Tortula ruralis</i>	2	6		8	6	4	26
<i>Streptopogon</i> sp.	1					1	2
<i>Racopilum cuspidigerum</i>						4	4
Total	20	13	14	22	18	20	
				107			

b) Estimación de los índices de biodiversidad de bioindicadores ambientales (musgos y líquenes)

b.1) Biodiversidad de líquenes

Posterior a la identificación de los especímenes de líquenes se procedió a calcular el Índice de Shannon-Weiner considerando la frecuencia de los especímenes en determinada área. En general, Chachapoyas posee una diversidad de líquenes media, donde el sector con mayor diversidad de líquenes fue Señor de los Milagros, con un valor de 2.23815, mientras que el sector con menor diversidad de líquenes es Mogrovejo, con un valor de 1.80651. Los sectores de Higos Urco - Universidad, Pedro Castro, El Molino y Chachapoyas - Centro tuvieron una diversidad media con valores de 2.13242, 1.94587, 1.83642y 1.80951, respectivamente. Las especies más abundantes fueron *Parmotrema reticulatum* y *Teloschistes* sp. en los sectores de Pedro Castro, El Molino e Higos Urco – Universidad, mientras que las especies menos abundantes fueron *Cladonia* sp. y *Ramalina conduplicans* en los sectores de Señor de los Milagros y Pedro Castro.

Tabla 7. Cuadro resumen de índice de Biodiversidad de Shannon Weiner en líquenes por Sectores en la Ciudad de Chachapoyas.

Ítem	Sectores	Valor de Índice de Shannon – Líquenes
B	Señor de Los Milagros	2.23815
F	Higos Urco - Universidad	2.13242
A	Pedro Castro	1.94587
E	El Molino	1.83642
D	Chachapoyas Centro	1.80951
C	Mogrovejo	1.80651

b.2) Biodiversidad de Bryophytas

Posterior a la identificación de los especímenes de Bryophytas se procedió a calcular el Índice de Shannon-Weiner considerando la frecuencia de los especímenes en determinada área. En general, Chachapoyas posee una diversidad de bryophytas media – baja, donde el sector con mayor diversidad de bryophytas fue Higos Urco – Universidad, con un valor de 1.87406, mientras que el sector con menor diversidad de bryophytas fue Chachapoyas - Centro con un valor de 0.81923. Los sectores de Pedro Castro, El Molino, Mogrovejo y Señor de los Milagros tuvieron una diversidad media-baja con valores de 1.53826, 1.45936, 1.35178 y 1.23093, respectivamente. La especie más abundante fue *Bryum argenteum* encontrándose en todos los sectores, pero con mayor frecuencia en los sectores de Pedro Castro y Chachapoyas, mientras que las especies con menor abundancia fueron *Lindigianthus cipaconeus*, *Cryphaea patens*, *Metzgeria* sp., *Frullania ecklonii*, *Macrocoma tenuis* y *Dixonia* sp.

Tabla 8. Cuadro resumen de índices de Biodiversidad de Shannon Weiner en Bryophytas por Sectores en la Ciudad de Chachapoyas.

Ítem	Sectores	Valor de Índice de Shannon - Bryophytas
F	Higos Urco - Universidad	1.87406
A	Pedro Castro	1.53826
E	El Molino	1.45936
C	Mogrovejo	1.35178
B	Señor De Los Milagros	1.23093
D	Chachapoyas Centro	0.81923

IV. DISCUSIÓN

Al evaluar el uso del DNA barcoding en los diferentes estudios de biodiversidad que se registran para Perú, se encontró que el Perú se ubica en el cuarto lugar en número de registros de códigos de barras de ADN en la base de Datos BOLD para Sudamérica con 26 177 códigos ([BOLD, 2022](#)). Por otro lado, Argentina es el país con mayores registros contando con 117 187 códigos, en el segundo lugar se ubica Brasil con 76 966 registros y en el tercer lugar Ecuador con 31 521 registros.

También, se encontró que los grupos taxonómicos más estudiados para Perú correspondieron a los filos/división Artrophoda y Chordata. Los registros del filo Artrópoda se encuentran en la selva y sierra (Huánuco y Madre de Dios), regiones cuentan con alta biodiversidad gracias a su vegetación y condiciones climáticas (Lamarre *et al.*, 2016; Jochum y Barnes, 2018). Para Chordata, los registros se encuentran en la sierra (Ayacucho y Cajamarca). Las cifras expuestas en este estudio enfatizan que es necesario un mayor incentivo en el estudio e investigación de otros filos/división menos estudiados como Bryophyta (Dantas *et al.*, 2018), Magnoliophyta, Marchantiophyta (Wahrmund *et al.*, 2009), Mollusca (Dai *et al.*, 2012), Platyhelminthes (Locke *et al.*, 2010), entre otros.

El declive de los registros de códigos de barras en Perú pudo haberse debido a las diferentes restricciones establecidas por la pandemia de COVID - 19 (Mojica-Crespo & Morales-Crespo, 2020). Esta situación limitó la colecta de muestras biológicas para el trabajo en laboratorio y posterior análisis en gabinete (Ortega-Rubio *et al.*, 2020; Cisneros *et al.*, 2022).

Este estudio mostró que existen pocos registros para el departamento de Amazonas, ya que representó sólo 8,15% del total de barcodes generados con 1 197 barcodes. Sin embargo, en los últimos años, se han ido generando más barcodes de especies en Amazonas, principalmente en el grupo de hongos de importancia agrícola de los géneros (*Trichoderma* y *Bauveria*) (Bustamante *et al.*, 2019; 2022) y el grupo magnoliófita específicamente del género (*Vasconcellea*) (Tineo *et al.*, 2020a), arándanos (*Vaccinium* sp, *Gaylussacia* sp, *Satyria* sp. y *Gaultheria* sp.) (López Silva, 2019) y el árbol de la quina *Cinchona*, Rubiaceae (Perez, 2021), gracias a los estudios realizados en el Instituto de Investigación para el Desarrollo Sustentable de Ceja de Selva de la Universidad Nacional Toribio Rodríguez de Mendoza. Adicionalmente, esta investigación generó nuevos barcodes (entre *rbcL* e ITS1-

ITS4) de bioindicadores ambientales con 16 secuencias para bryophytas distribuidas en: 2 secuencias del género *Marchantia*, 1 secuencia de los géneros *Cololejeunea*, *Lindigianthus*, *Bartramia*, *Brachythecium*, *Cryphaea*, *Metzgeria*, *Bryum*, *Frullania*, *Macrocoma*, *Dixonia*, *Barbula*, *Tortula*, *Streptopogon* y *Racopilum*; y 22 secuencias de Líquenes distribuidas de la siguiente manera: 2 secuencias de los género *Parmotrema*, *Usnea*, *Teloschistes*, *Physcia* y *Cladonia*; 6 secuencias del género *Ramalina*; y 1 secuencia de los géneros *Heterodermia*, *Cladia*, *Villophora*, *Punctelia*, *Caloplaca* y *Lecanora*.

Este estudio también se centró en evaluar la diversidad de Líquenes y Bryophytas en Chachapoyas, dado que este grupo sólo posee 131 barcodes para el phylum Ascomycota y 25 para Basidiomycota dentro de los líquenes y 20 barcodes de Bryophyta en el Perú, lo que representa el 0.50%, 0.10% y 0.08%, respectivamente ([BOLD, 2022](#)).

Respecto a la diversidad de bioindicadores ambientales en la ciudad de Chachapoyas, se encontró que, los sectores con mayor biodiversidad son el sector de Señor de los Milagros para líquenes e Higos Urco – Universidad para Bryophytas. Estos resultados son comparables con los encontrados en Bolivia y Argentina donde la mayor diversidad coincide con las áreas de baja intensidad de circulación vehicular y zonas de menor concentración de CO, SO₂ y NO_x en zonas suburbanas (Andrés *et al.*, 2000; Canseco *et al.*, 2006).

Para el caso de bryophytas, estas tendencias fueron observadas anteriormente en Colombia por Churchill (1991), mediante un análisis de la distribución altitudinal de los musgos colombianos registrándose un aumento gradual maximizado a 2500-3000 m, siendo el intervalo más alto de diversidad de especies entre 2000-2500 m, que coincide con la ciudad de Chachapoyas (2,483 m), y el tercero a mayor altura, 3500-4000 m (Churchill *et al.*, 2020).

Por otro lado, los sectores con menor diversidad de bioindicadores son: Chachapoyas-Centro para bryophytas y Mogrovejo para líquenes, lo que se relacionó con el aumento de la población en estas áreas, contando con mayor consumo de recursos naturales no renovables, deterioro ambiental y destrucción de la biodiversidad (Abril *et al.*, 2010). A esto, se añade los gases de combustión generados por la industria y las grandes concentraciones humanas en áreas urbanas (Guillen *et al.*, 2015).

Finalmente, la biodiversidad de líquenes y bryophytas en Chachapoyas, calculados mediante

el índice de Shannon-Weiner es de media – baja, como se menciona en Mendoza (2018). Por ejemplo, en el sector Pedro Castro los índices son de 2.25 para el año 2018 y de 1.95 para el año 2022. Esta investigación posibilita realizar nuevos estudios, en las que se realicen más investigaciones, y busquen tecnologías que permitan monitorear la biodiversidad de líquenes y bryophytas en Chachapoyas, lo que se relaciona con la calidad del aire afectada por los contaminantes atmosféricos (Conti & Cecchetti, 2001).

La implementación del DNA barcoding en los estudios de diversidad en el Perú puede ser beneficiosa para el país, ya que es una herramienta confiable, y que, complementada con otras técnicas ayuda a definir límites de distribución y apoyar la conservación y monitoreo de las especies en el tiempo (Manriquez-Morán, 2013). Por este motivo, constituye una herramienta muy importante en el desafío de la caracterización de la biodiversidad mundial y debe ser usada en las políticas peruanas para mejorar la gestión de la biodiversidad. Finalmente, su inclusión permitiría cumplir con los Objetivos de Desarrollo Sostenible elaborados por la ONU, tales como, el objetivo 14 vida submarina y el 15 vida de ecosistemas terrestres y de los cuales, el Perú está comprometido en implementar (ONU, 2021).

V. CONCLUSIONES

- Estados Unidos es el país megadiverso con mayor DNA barcodes en BOLD con 500 348 registros generados, seguido de Sudáfrica con 464 740 registros. Perú se ubica en el décimo cuarto lugar con 26 177 registros. Los países con menor número de barcodes son la República Democrática del Congo con 8 830 registros y Venezuela con 4 393 registros.
- El país con mayores registros de DNA barcodes en Sudamérica es Argentina, con 117 187 barcodes generados, seguido de Brasil con 79 996 registros y Ecuador con 32 394 registros. El Perú se ubica en el cuarto lugar con 26 177 registros. Por otro lado, los países con menor número de barcodes son Venezuela con 4 393 registros, Bolivia con 9 359 registros y Chile con 15 495 registros (5.14%).
- En el Perú, los grupos taxonómicos más estudiados corresponden a los filos/división Artrophoda y Chordata, por lo que ameritaría un mayor incentivo en el estudio e investigación de otros filos/división menos estudiados como Bryophyta, Magnoliophyta, Marchantiophyta, Mollusca, Platyhelminthes, entre otros.
- Se encontró que los mayores registros se encuentran en los departamentos de Huánuco (2 833 registros), Madre de Dios (2 093 registros) y Cuzco (1 832 registros). Amazonas se ubica en el quinto lugar con 1 197 registros. Por otro lado, los departamentos con menores registros son Tacna (6 registros), Moquegua (6 registros) y La Libertad (37 registros).
- Chachapoyas cuenta con una biodiversidad media de Líquenes y de Bryophytas, siendo los sectores con mayor biodiversidad Señor de los Milagros para Líquenes e Higos Urco – Universidad para Bryophytas. Por otro lado, los sectores con menor biodiversidad fueron Mogrovejo para líquenes y Chachapoyas Centro para Bryophytas, lo que podría estar relacionado con el aumento de la población en estas áreas.
- El análisis molecular mostró que las especies de bryophytas más abundantes fueron *Bryum argenteum* y *Tortula rurales*; mientras que, de líquenes, fueron *Parmotrema reticulatum*, *Teloschistes* sp. y *Usnea* sp.

VI. RECOMENDACIONES

- Los diferentes estudios que buscan caracterizar la biodiversidad en Perú deben incluir datos moleculares que, en combinación con datos morfológicos/anatómicos, biogeográficos, entre otros, proporcionarán una mejor base para estudios enfocados a la preservación y conservación de la diversidad biológica a nivel local, regional, nacional y mundial.
- Implementar y fomentar políticas que inciten a la creación de proyectos con un enfoque molecular, que sigan permitiendo conocer las diferentes especies de biodiversidad de bioindicadores.
- Se recomienda ampliar la zona de muestreo para poder tener una representación más clara del estado actual de la diversidad de los bioindicadores en la ciudad de Chachapoyas.
- Registrar en la base de datos BOLD o PEBOLD las secuencias generadas en los estudios de investigación, debido que en algunas ocasiones los registros no se llegan a concretar.

VII.REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Abril, F. G. M., Martin, A. F. M., & Díaz, J. M. O. (2010). Crecimiento poblacional y políticas públicas. *Apuntes Del Cenes*, 27(44).
- Aguiar-Pulido, V., Huang, W., Suarez-Ulloa, V., Cickovski, T., Mathee, K., & Narasimhan, G. (2016). Metagenomics, metatranscriptomics, and metabolomics approaches for microbiome analysis. *Evolutionary Bioinformatics*, 12(May), 5–16. <https://doi.org/10.4137/EBO.S36436>
- Ali, F. S., Ismail, M., & Aly, W. (2020). DNA barcoding to characterize biodiversity of freshwater fishes of Egypt. *Molecular Biology Reports*, 47(8), 5865–5877. <https://doi.org/10.1007/s11033-020-05657-3>
- Bartolini, I., Rivera, J., Nolazco, N., & Oló Rtegui, A. (2020). *Towards the implementation of a DNA barcode library for the identification of Peruvian species of Anastrepha (Diptera: Tephritidae)*. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0228136>
- Ben-Ari, G., Zenvirth, D., Sherman, A., Simchen, G., Lavi, U., & Hillel, J. (2005). Application of SNPs for assessing biodiversity and phylogeny among yeast strains. *Heredity*, 95(6), 493–501. <https://doi.org/10.1038/sj.hdy.6800759>
- Burneo, S. (2009). Megadiversidad (dossier). *Letras Verdes*, 3, 6–7. <https://dialnet.unirioja.es/servlet/articulo?codigo=5444055>
- Bustamante, D. E., Calderon, M. S., Leiva, S., Mendoza, J. E., Arce, M., & Oliva, M. (2021). Three new species of Trichoderma in the Harzianum and Longibrachiatum lineages from Peruvian cacao crop soils based on an integrative approach. *Mycologia*, 113(5), 1056–1072. <https://doi.org/10.1080/00275514.2021.1917243>
- Bustamante, D. E., Oliva, M., Leiva, S., Mendoza, J. E., Bobadilla, L., Angulo, G., & Calderon, M. S. (2019). Phylogeny and species delimitations in the entomopathogenic genus Beauveria (Hypocreales, Ascomycota), including the description of B. Peruviansis sp. Nov. *MycKeys*, 58, 47–68. <https://doi.org/10.3897/mycokeys.58.35764>
- Canseco, A., Anze, R., & Franken, M. (2006). Comunidades de líquenes : indicadores de la calidad del aire en la ciudad de La Paz , Bolivia. *Acta Nova*, 3, 286–307.

<http://www.ucbcba.edu.bo/Publicaciones/revistas/actanova/documentos/v3n2/v3.n2.Canseco.pdf>

- Chapman, A., Belbin, L., Zermoglio, P., Wieczorek, J., Morris, P., Nicholls, M., Rees, E. R., Veiga, A., Thompson, A., Saraiva, A., James, S., Gendreau, C., Benson, A., & Schigel, D. (2020). Developing Standards for Improved Data Quality and for Selecting Fit for Use Biodiversity Data. *Biodiversity Information Science and Standards*, 4. <https://doi.org/10.3897/biss.4.50889>
- Churchill, S. P., Aldana, C. M., Opisso, J., & Morales, T. (2020). *Familias y géneros de los musgos de los Andes tropicales*.
- Cisneros, A., Guevara, A., Urdánigo, J., & Garcés, J. (2022). Techniques and Instruments for Data Collection that Support Scientific Research in Pandemic Times. *Revista Científica Dominio de Las Ciencias*, 8, 1165–1185. <http://dominiodelasciencias.com/ojs/index.php/es/index>
- Colatayud, V., Corrales, J. M., & Hernández, S. (2011). *Guía de los líquenes* (p. 73).
- Conti, M. E., & Cecchetti, G. (2001). Lichen Monitoring of Air Pollution in South Parts of Ilmen. *Environmental Pollution*, 114, 471–492.
- Dai, L., Zheng, X., Kong, L., & Li, Q. (2012). DNA barcoding analysis of Coleoidea (Mollusca: Cephalopoda) from Chinese waters. *Molecular Ecology Resources*, 12(3), 437–447. <https://doi.org/10.1111/j.1755-0998.2012.03118.x>
- Dantas, T. S., Valente, D. V., Carvalho-Silva, M., & Câmara, P. E. A. S. (2018). Bryophyte phylogeny and DNA barcoding: tools for assessing Brazilian diversity. *Revista Brasileira de Botânica*, 41(2), 497–505. <https://doi.org/10.1007/s40415-018-0473-9>
- De Lorenzis, G., Mercati, F., Bergamini, C., Cardone, M. F., Lupini, A., Mauceri, A., Caputo, A. R., Abbate, L., Barbagallo, M. G., Antonacci, D., Sunseri, F., & Brancadoro, L. (2019). SNP genotyping elucidates the genetic diversity of Magna Graecia grapevine germplasm and its historical origin and dissemination. *BMC Plant Biology*. <https://doi.org/10.1186/s12870-018-1576-y>
- DeSalle, R., & Goldstein, P. (2019). Review and Interpretation of Trends in DNA Barcoding.

- Frontiers in Ecology and Evolution*, 7, 302. <https://doi.org/10.3389/fevo.2019.00302>
- Díaz-Ferguson, E. E., & Moyer, G. R. (2014). History, applications, methodological issues and perspectives for the use of environmental DNA (eDNA) in marine and freshwater environments. *Revista de Biología Tropical*, 62(4), 1273–1284. <https://doi.org/10.15517/rbt.v62i4.13231>
- Dormontt, E. E., van Dijk, K. J., Bell, K. L., Biffin, E., Breed, M. F., Byrne, M., Caddy-Retalic, S., Encinas-Viso, F., Nevill, P. G., Shapcott, A., Young, J. M., Waycott, M., & Lowe, A. J. (2018). Advancing DNA barcoding and metabarcoding applications for plants requires systematic analysis of herbarium collections-an Australian perspective. *Frontiers in Ecology and Evolution*, 6(SEP), 134. <https://doi.org/10.3389/fevo.2018.00134>
- Dutta, S., Lanvin, B., León, R., & Wunsch, S. (2021). Índice Mundial de Innovación /. *Indice Mundial de Innovacion*, 1–28. <https://tind.wipo.int/record/44367>
- Elbogen, E. (2012). Identification of Burseraceae trees from Peru: a comparison of the nuclear DNA marker ITS and the plastid DNA marker rbcL for DNA barcoding. *Berkeley Scientific Journal*, 16(2), 1–19. <https://escholarship.org/uc/item/2g9393hq>
- Galen, S. C., Borner, J., Williamson, J. L., Witt, C. C., & Perkins, S. L. (2019). Metatranscriptomics yields new genomic resources and sensitive detection of infections for diverse blood parasites. *Molecular Ecology Resources*, 20(1), 14–28. <https://doi.org/10.1111/1755-0998.13091>
- García Barros, E., Romo, H., Sarto Monteys, V., Munguira L., M., Baixeras, J., Vives Moreno, A., & Yela García, J. L. (2015). Orden Lepidóptero. *Revista IDE@-SEA*, 65, 1–21. www.sea-entomologia.org/IDE@
- Guillen, A., Rodríguez, C., Lugo, O., Aguilar, J., & Acuña, M. (2015). Pérdida de Biodiversidad: Causas y Efectos Biodiversity Loss: Causes and Factors. *International Journal of Good Conscience*. Agosto, 10(2), 156–174.
- Guimarães-Costa, A., Machado, F. S., Reis-Filho, J. A., Andrade, M., Araújo, R. G., Corrêa, E. M. R., Sampaio, I., & Giarrizzo, T. (2020). DNA Barcoding for the Assessment of

the Taxonomy and Conservation Status of the Fish Bycatch of the Northern Brazilian Shrimp Trawl Fishery. In *Frontiers in Marine Science* (Vol. 7). <https://doi.org/10.3389/fmars.2020.566021>

- Hageskal, G., Vrålstad, T., Knutsen, A. K., & Skaar, I. (2008). Exploring the species diversity of Trichoderma in Norwegian drinking water systems by DNA barcoding. *Molecular Ecology Resources*, 8(6), 1178–1188. <https://doi.org/10.1111/j.1755-0998.2008.02280.x>
- Hamdouche, Y., Meile, J. C., Nganou, D. N., Durand, N., Teyssier, C., & Montet, D. (2016). Discrimination of post-harvest coffee processing methods by microbial ecology analyses. *Food Control*, 65, 112–120. <https://doi.org/10.1016/j.foodcont.2016.01.022>
- Hawksworth, D. L., Iturriaga, T., & Crespo, A. (2005). Lichens as rapid bioindicators of pollution and habit disturbance in the tropics. *Revista Iberoamericana de Micología*, 22(2), 71–82. [https://doi.org/10.1016/s1130-1406\(05\)70013-9](https://doi.org/10.1016/s1130-1406(05)70013-9)
- Hebert, P. D., Cywinska, A., Ball, S. L., Hebert, P. D., Ball, S. L., & DeWaard, J. R. (2003). *Identificaciones biológicas mediante códigos de barras de ADN*. 270, 313–321. <https://doi.org/DOI 10.1098 / rspb.2002.2218>
- Hubert, N., & Hanner, R. (2016). DNA Barcoding, species delineation and taxonomy: a historical perspective. *DNA Barcodes*, 3(1), 44–58. <https://doi.org/10.1515/dna-2015-0006>
- Jiang, L., Li, M., Zhao, F., Chu, S., Zha, L., Xu, T., Peng, H., & Zhang, W. (2018). Molecular identification and taxonomic implication of herbal species in genus corydalis (papaveraceae). *Molecules*, 23(6), 1–10. <https://doi.org/10.3390/molecules23061393>
- Jochum, M., & Barnes, A. D. (2018). Is Arthropod Biodiversity on the Rainforest Floor Threatened by Rubber and Palm-Oil Plantations? *Frontiers for Young Minds*, 6(December), 1–10. <https://doi.org/10.3389/frym.2018.00072>
- Kahraman, A., Onder, M., & Ceyhan, E. (2012). The Importance of Bioconservation and Biodiversity in Turkey Abiotic stress drought stress View project Quality in legumes View project. *Article in International Journal of Bioscience Biochemistry and*

Bioinformatics. <https://doi.org/10.7763/IJBBB.2012.V2.79>

- Koroiva, R., Rodrigues, L. R. R., & Santana, D. J. (2020). DNA barcoding for identification of anuran species in the central region of South America. *PeerJ*, 8(October). <https://doi.org/10.7717/peerj.10189>
- Kress, W. J. (2017). Plant DNA barcodes: Applications today and in the future. *Journal of Systematics and Evolution*, 55(4), 291–307. <https://doi.org/10.1111/jse.12254>
- Kress, W. J., García-Robledo, C., Uriarte, M., & Erickson, D. L. (2014). DNA barcodes for ecology, evolution, and conservation. <https://doi.org/10.1016/j.tree.2014.10.008>
- Kumar, P., Khare, M., Harrison, R. M., Bloss, W. J., Lewis, A. C., Coe, H., & Morawska, L. (2015). New directions: Air pollution challenges for developing megacities like Delhi. *Atmospheric Environment*, 122, 657–661. <https://doi.org/10.1016/j.atmosenv.2015.10.032>
- Kumar, S., Stecher, G., Li, M., Knyaz, C., & Tamura, K. (2018). MEGA X: Molecular evolutionary genetics analysis across computing platforms. *Molecular Biology and Evolution*, 35(6), 1547–1549. <https://doi.org/10.1093/molbev/msy096>
- Lamarre, G. P. A., Héroult, B., Fine, P. V. A., Vedel, V., Lupoli, R., Mesones, I., & Baraloto, C. (2016). Taxonomic and functional composition of arthropod assemblages across contrasting Amazonian forests. *Journal of Animal Ecology*, 85(1), 227–239. <https://doi.org/10.1111/1365-2656.12445>
- Locke, S. A., Daniel McLaughlin, J., & Marcogliese, D. J. (2010). DNA barcodes show cryptic diversity and a potential physiological basis for host specificity among Diplostomoidea (Platyhelminthes: Digenea) parasitizing freshwater fishes in the St. Lawrence River, Canada. *Molecular Ecology*, 19(13), 2813–2827. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2010.04713.x>
- Longya, A., Talumphai, S., & Jantasuriyarat, C. (2020). Morphological characterization and genetic diversity of rice blast fungus, *pyricularia oryzae*, from thailand using ISSR and SRAP markers. *Journal of Fungi*, 6(1). <https://doi.org/10.3390/jof6010038>
- López Silva, J. O. (2019). CARACTERIZACIÓN DE LA DIVERSIDAD GENÉTICA DEL

ARÁNDANO E IDENTIFICACIÓN DE ZONAS POTENCIALES PARA SU CULTIVO EN LA PROVINCIA DE CHACHAPOYAS, AMAZONAS. In *UNIVERSIDAD NACIONAL TORIBIO RODRÍGUEZ DE MENDOZA DE AMAZONAS FACULTAD* (p. 124). [http://repositorio.untrm.edu.pe/bitstream/handle/UNTRM/1482/CHAPA GRANDEZ SALLY PATRICIA.pdf?sequence=1&isAllowed=y](http://repositorio.untrm.edu.pe/bitstream/handle/UNTRM/1482/CHAPA_GRANDEZ_SALLY_PATRICIA.pdf?sequence=1&isAllowed=y)

Manriquez-Morán, N. L. (2013). Uso de técnicas moleculares como herramienta para conservar la diversidad biológica. *Uso de Biología Molecular En Producción Animal y Conservación de Especies Silvestres, February 2013*, 313–387.

Mendoza, J. E. (2018). *EVALUACIÓN DE LA CALIDAD DEL AIRE EMPLEANDO LÍQUENES COMO INDICADORES EN LA CIUDAD DE CHACHAPOYAS, AMAZONAS, 2017* (p. 124). [http://repositorio.untrm.edu.pe/bitstream/handle/UNTRM/1482/CHAPA GRANDEZ SALLY PATRICIA.pdf?sequence=1&isAllowed=y](http://repositorio.untrm.edu.pe/bitstream/handle/UNTRM/1482/CHAPA_GRANDEZ_SALLY_PATRICIA.pdf?sequence=1&isAllowed=y)

MINAM. (2012). *Informe Nacional del Estado del Ambiente 2009-2011*.

MINAM. (2015). *Resolución Ministerial N°295 - 2015*.

Mojica-Crespo, R., & Morales-Crespo, M. M. (2020). Pandemia COVID-19, la nueva emergencia sanitaria de preocupación internacional: una revisión. *Medicina de Familia. SEMERGEN*, 46, 65–77. <https://doi.org/10.1016/j.semerg.2020.05.010>

Moreno, C. E. (2001). Métodos para medir la biodiversidad. *Métodos Para Medir La Biodiversidad.*, 1(2), 84. <http://repositorio.unan.edu.ni/2986/1/5624.pdf>

Motito, A., & Rivera, Y. (2017). Briofitas. *Diversidad Biológica de Cuba: Métodos de Inventario, Monitoreo y Colecciones Biológicas (C. A. Mancina y D. D. Cruz, Eds.)*. Editorial AMA, La Habana, 502 Pp., 118–133.

Muhammad Tahir, H., & Akhtar, S. (2016). Services of DNA barcoding in different fields. *Mitochondrial DNA Part A: DNA Mapping, Sequencing, and Analysis*, 27(6), 4463–4474. <https://doi.org/10.3109/19401736.2015.1089572>

Mukherjee, A., & Reddy, M. S. (2020). Metatranscriptomics: an approach for retrieving

- novel eukaryotic genes from polluted and related environments. *3 Biotech*, *10*(2). <https://doi.org/10.1007/s13205-020-2057-1>
- Oishi, Y., & Hiura, T. (2017). Bryophytes as bioindicators of the atmospheric environment in urban-forest landscapes. *Landscape and Urban Planning*, *167*(November 2016), 348–355. <https://doi.org/10.1016/j.landurbplan.2017.07.010>
- Ortega-Rubio, A., Murillo-Amador, B., Díaz-Castro, S., Beltrán-Morales, L. F., Gómez-Anduro, G., Castro-Iglesias, C., & Blázquez, M. C. (2020). COVID-19: Adjustments for in the scientific research work in Mexico. *Terra Latinoamericana*, *38*(4), 917–930. <https://doi.org/10.28940/terra.v38i4.864>
- Packer, L., Gibbs, J., Sheffield, C., & Hanner, R. (2009). DNA barcoding and the mediocrity of morphology. *Molecular Ecology Resources*, *9*(SUPPL. 1), 42–50. <https://doi.org/10.1111/j.1755-0998.2009.02631.x>
- Perez, J. (2021). *Diversidad y distribución de las Quinas (Cinchona , Rubiaceae) usando DNA Barcoding para su conservación en Amazonas*. 1–77.
- Proyecto PeBOL – Pebol*. (n.d.). Retrieved October 4, 2020, from <https://pebol.org/proyecto/proyecto-pebol/>
- Quijano Abril, M. A., Ramírez Ospina, D. M., Domínguez Rave, M. I., & Londoño Valencia, J. (2021). Líquenes como biosensores para la evaluación de contaminación atmosférica urbana y sub urbana en un valle de montaña tropical, Rionegro, Antioquia. *Bionatura*, *6*(1), 1501–1509. <https://doi.org/10.21931/rb/2021.06.01.10>
- Ramírez, K., Florida, N., & Escobar, F. (2019). Indicadores Químicos y Microbiológicos del Suelo Bajo Aplicación de Microorganismos Eficientes en Plantación de Cacao (*Theobroma cacao L.*). *Revista de Investigación e Innovación Agropecuaria y de Recursos Naturales*, *La Paz*, *6*(2), 21–28. http://www.scielo.org.bo/pdf/riiarn/v6n2/v6n2_a04.pdf
- Ratnasingham, S., & Hebert, P. D. N. (2007). BOLD: The Barcode of Life Data System: Barcoding. *Molecular Ecology Notes*, *7*(3), 355–364. <https://doi.org/10.1111/j.1471-8286.2007.01678.x>

- Rehman, A., Jafar, S., Ashraf Raja, N., & Mahar, J. (2015). Use of DNA Barcoding to Control the Illegal Wildlife Trade: A CITES Case Report from Pakistan. *Journal of Bioresource Management*, 2(2), 17–22. <https://doi.org/10.35691/jbm.5102.0017>
- Rueda, I. M. (2017). Líquenes como bioindicadores de la calidad del aire. *Universidad Complutense*, 21. http://147.96.70.122/Web/TFG/TFG/Memoria/IRENE_MARES_RUEDA.pdf
- Saini, K. C., Bast, F., Nayaka, S., & Gautam, A. K. (2021). Morpho-molecular characterization of rock-inhabiting lichen *Dermatocarpon miniatum* (Verrucariaceae, Ascomycota) and its symbiont in Indian Himalayas. In *Nucleus (India)* (Vol. 64, Issue 2, pp. 193–202). <https://doi.org/10.1007/s13237-021-00349-0>
- Santos-Ordóñez, E., Soledispa, P., Miranda, M., Pacheco, R., Gaiten, I. G., & Scull, R. (2021). Molecular barcode and morphological analysis of *Smilax purhampuy* Ruiz, Ecuador. *PeerJ*, 9. <https://doi.org/http://doi.org/10.7717/peerj.11028>
- Sinniger, F., Chevaldonné, P., & Pawlowski, J. (2007). Mitochondrial genome of *Savalia savaglia* (Cnidaria, Hexacorallia) and early metazoan phylogeny. *Journal of Molecular Evolution*, 64(2), 196–203. <https://doi.org/10.1007/s00239-006-0015-0>
- Szczepaniak, K., & Biziuk, M. (2003). Aspects of the biomonitoring studies using mosses and lichens as indicators of metal pollution. *Environmental Research*, 93(3), 221–230. [https://doi.org/10.1016/S0013-9351\(03\)00141-5](https://doi.org/10.1016/S0013-9351(03)00141-5)
- Tafur-Culqui, J., Calderon, M. S., & Bustamante, D. E. (2020). Identification of commercial meats from Amazonas, Peru using PCR-RFLP of mitochondrial 12S rRNA gene. *Brazilian Journal of Food Technology*, 23, 1–7. <https://doi.org/10.1590/1981-6723.27419>
- Thomsen, P. F., & Willerslev, E. (2015). Environmental DNA - An emerging tool in conservation for monitoring past and present biodiversity. *Biological Conservation*, 183, 4–18. <https://doi.org/10.1016/j.biocon.2014.11.019>
- Tineo, D., Bustamante, D. E., Calderon, M. S., & Huaman, E. (2022). Heliyon Exploring the diversity of andean berries from northern Peru based on molecular analyses. *Heliyon*,

8(January), e08839. <https://doi.org/10.1016/j.heliyon.2022.e08839>

- Tineo, D., Bustamante, D. E., Calderon, M. S., Mendoza, J. E., Huaman, E., & Oliva, M. (2020a). An integrative approach reveals five new species of highland papayas (Caricaceae, Vasconcellea) from northern Peru. In *PLoS ONE* (Vol. 15, Issue 12 December). <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0242469>
- Tineo, D., Bustamante, D. E., Calderon, M. S., Mendoza, J. E., Huaman, E., & Oliva, M. (2020b). An integrative approach reveals five new species of highland papayas (Caricaceae, Vasconcellea) from northern Peru. *PLoS ONE*, 15(12 December). <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0242469>
- Tineo, D., Bustamante, D. E., Calderon, M. S., Mendoza, J. E., Huaman, E., & Oliva, M. (2020c). An integrative approach reveals five new species of highland papayas (Caricaceae, Vasconcellea) from northern Peru. *PLOS ONE*, 15(12), e0242469. <https://doi.org/10.1371/JOURNAL.PONE.0242469>
- Tiwary, A., & Colls, J. (2017). Air Pollution - Measurement, modelling and mitigation. *Angewandte Chemie International Edition*, 6(11), 951–952.
- Vera, S. P., Jiménez, P., & Franco Lara, L. (2012). Uso de herramientas bioinformáticas en la evaluación a nivel de especie. *Revista Facultad de Ciencias Básicas*, 8(2), 196–209. <https://revistas.unimilitar.edu.co/index.php/rfcb/article/view/2035%0Ahttp://www.barcoding.si.edu>
- Vezy, R., le Maire, G., Christina, M., Georgiou, S., Imbach, P., Hidalgo, H. G., Alfaro, E. J., Blitz-Frayret, C., Charbonnier, F., Lehner, P., Loustau, D., & Roupsard, O. (2020). DynACof: A process-based model to study growth, yield and ecosystem services of coffee agroforestry systems. *Environmental Modelling and Software*, 124(June 2019). <https://doi.org/10.1016/j.envsoft.2019.104609>
- Villano, C., Esposito, S., Carucci, F., Iorizzo, M., Frusciante, L., Carputo, D., & Aversano, R. (2018). High-throughput genotyping in onion reveals structure of genetic diversity and informative SNPs useful for molecular breeding. *Molecular Breeding*, 39(1). <https://doi.org/10.1007/s11032-018-0912-0>

- Vivanco, R. V., & Durán, H. B. (2020). *PLAN DE DESARROLLO URBANO DE LA CIUDAD DE CHACHAPOYAS*. 21(1), 1–9. <http://journal.um-surabaya.ac.id/index.php/JKM/article/view/2203>
- von Thaden, A., Nowak, C., Tiesmeyer, A., Reiners, T. E., Alves, P. C., Lyons, L. A., Mattucci, F., Randi, E., Cragolini, M., Galián, J., Hegyeli, Z., Kitchener, A. C., Lambinet, C., Lucas, J. M., Mölich, T., Ramos, L., Schockert, V., & Cocchiararo, B. (2020). Applying genomic data in wildlife monitoring: Development guidelines for genotyping degraded samples with reduced single nucleotide polymorphism panels. *Molecular Ecology Resources*, 20(3), 662–680. <https://doi.org/10.1111/1755-0998.13136>
- Wahrmund, U., Rein, T., Müller, K. F., Groth-Malonek, M., & Knoop, V. (2009). Fifty mosses on five trees: Comparing phylogenetic information in three types of non-coding mitochondrial DNA and two chloroplast loci. *Plant Systematics and Evolution*, 282(3–4), 241–255. <https://doi.org/10.1007/s00606-008-0043-x>
- Wahrmund, U., Rein, T., Muller, K., Groth-Malonek, M., & Knoop, V. (2009). Fifty mosses on five trees: comparing phylogenetic information in three types of non-coding mitochondrial DNA and two. *Plant Systematics and Evolution*, 282, 241–255. <https://doi.org/10.1007/s00606-008-0043-x>
- Will-Wolf, S., Jovan, S., & Amacher, M. C. (2017). Lichen elemental content bioindicators for air quality in upper Midwest, USA: A model for large-scale monitoring. *Ecological Indicators*, 78, 253–263. <https://doi.org/10.1016/j.ecolind.2017.03.017>
- Wust, W. H. (2010). País Megadiverso. *País Megadiverso*, 2–8.
- Yang, C., Lv, Q., & Zhang, A. (2020). Sixteen Years of DNA Barcoding in China: What Has Been Done? What Can Be Done? *Frontiers in Ecology and Evolution*, 8, 57. <https://doi.org/10.3389/fevo.2020.00057>
- Yodphaka, S., Boonpragob, K., Lumbsch, H. T., & Kraichak, E. (2018). Evaluation of six regions for their potential as DNA barcodes in epiphyllous liverworts from Thailand. *Applications in Plant Sciences*, 6(8), 1–10. <https://doi.org/10.1002/aps3.1174>

Zaghloul, A., Saber, M., Gadow, S., & Awad, F. (2020). Biological indicators for pollution detection in terrestrial and aquatic ecosystems. In *Bulletin of the National Research Centre* (Vol. 44, Issue 1). <https://doi.org/10.1186/s42269-020-00385-x>

Zhang, Y., & Grassle, J. F. (2002). A portal for the Ocean Biogeographic Information System. *Oceanologica Acta*, 25(5), 193–197. [https://doi.org/10.1016/S0399-1784\(02\)01204-5](https://doi.org/10.1016/S0399-1784(02)01204-5)

VIII. ANEXOS

Anexo 1. Tabla del número total de registros de DNA barcodes generados por los principales países de Sudamérica.

Países de Sudamérica	Número de registros	Porcentaje %
Argentina	107.061	38
Brasil	76.966	27
Ecuador	31.521	11
Perú	25.208	9
Colombia	15.202	5
Chile	15.14	5
Bolivia	9.023	3
Venezuela	4.157	1
Total	284.278	100.00

Fuente: The Barcode of Life Data (2022).

Anexo 2. Registro de Barcodes en el nivel clase para los departamentos de Perú.

Departamentos	Filo o División	N° de registros	Porcentaje %
Amazonas	Arthropoda	810	67.67
	Chordata	256	21.39
	Magnoliophyta	131	10.94
Ancash	Arthropoda	94	35.34
	Ascomycota	37	13.91
	Basidiomycota	2	0.75
	Chordata	55	20.68
	Magnoliophyta	76	28.57
	Proteobacteria	1	0.38

	Zygomycota	1	0.38
Apurímac	Arthropoda	39	75.00
	Chordata	1	1.92
	Magnoliophyta	12	23.08
Arequipa	Arthropoda	25	53.19
	Bryophyta	1	2.13
	Chordata	9	19.15
	Magnoliophyta	12	25.53
Ayacucho	Arthropoda	39	10.21
	Chordata	325	85.08
	Magnoliophyta	17	4.45
	Platyhelminthes	1	0.26
Cajamarca	Arthropoda	191	27.88
	Chordata	474	69.20
	Magnoliophyta	4	0.58
	Mollusca	1	0.15
	Platyhelminthes	15	2.19
Callao	Arthropoda	1	2.63
	Chordata	37	97.37
Cuzco	Arthropoda	1718	93.78
	chordata	77	4.20
	Magnoliophyta	37	2.02
Huancavelica	Arthropoda	12	29.27
	Chordata	1	2.44
	Glomeromycota	12	29.27
	Magnoliophyta	16	39.02
Huánuco	Arthropoda	2476	87.40
	Chordata	33	1.16
	Magnoliophyta	324	11.44
Ica	Arthropoda	56	57.14
	Chordata	40	40.82
	Platyhelminthes	2	2.04
Junín	Arthropoda	1010	78.84

	Bryophyta	1	0.08
	Chordata	124	9.68
	Glomeromycota	13	1.01
	Magnoliophyta	133	10.38
La Libertad	Arthropoda	15	40.54
	Chordata	17	45.95
	Magnoliophyta	5	13.51
Lambayeque	Arthropoda	57	55.34
	Chordata	46	44.66
Lima	Arthropoda	139	36.10
	Chordata	157	40.78
	Magnoliophyta	86	22.34
	Mollusca	2	0.52
	Platyhelminthes	1	0.26
Loreto	Annelida	19	3.40
	Arthropoda	382	68.34
	Apicomplexa	27	4.83
	Chordata	64	11.45
	Magnoliophyta	45	8.05
	Nematoda	22	3.94
Madre de Dios	Arthropoda	1943	92.83
	Chordata	64	3.06
	Magnoliophyta	86	4.11
Moquegua	Arthropoda	1	16.67
	Magnoliophyta	5	83.33
Pasco	Arthropoda	656	92.66
	Chordata	5	0.71
	Magnoliophyta	47	6.64
Piura	Arthropoda	210	62.50
	Chordata	41	12.20
	Magnoliophyta	82	24.40
	Mollusca	3	0.89
Puno	Arthropoda	448	88.71

	Chordata	21	4.16
	Magnoliophyta	35	6.93
	Platyhelminthes	1	0.20
San Martín	Arthropoda	889	90.53
	Chordata	88	8.96
	Magnoliophyta	4	0.41
	Marchantiophyta	1	0.10
Tacna	Arthropoda	5	83.33
	Chordata	1	16.67
Tumbes	Arthropoda	89	43.00
	Chordata	117	56.52
	Mollusca	1	0.48
Ucayali	Arthropoda	113	50.22
	Chordata	112	49.78

Fuente: The Barcode of Life Data (2022).

Anexo 3. Registro de Barcodes en el nivel de orden para los departamentos de Perú.

Departamentos	Orden	Registros	Porcentaje %
Amazonas	Diptera	9	1.11
	Lepidoptera	801	98.89
Ancash	Diptera	1	1.08
	Hemiptera	8	8.60
	Lepidoptera	80	86.02
	Orthoptera	4	4.30
Apurímac	Diptera	8	20.51
	Lepidoptera	31	79.49
Arequipa	Diptera	14	58.33
	Hymenoptera	1	4.17
	Lepidoptera	9	37.50
Ayacucho	Accipitriformes	1	0.31
	Anseriformes	1	0.31
	Apodiformes	39	12.00
	Charadriiformes	3	0.92
	Columbiformes	2	0.62
	Coraciiformes	1	0.31
	Cuculiformes	1	0.31
	Falconiformes	1	0.31
	Galliformes	3	0.92
	Gruiformes	2	0.62
	Passeriformes	249	76.62
	Pelecaniformes	2	0.62
	Piciformes	9	2.77
	Podicipediformes	1	0.31
	Psittaciformes	3	0.92
	Tinamiformes	2	0.62
Trogoniformes	5	1.54	
Cajamarca	Accipitriformes	1	0.21
	Apodiformes	56	11.89

	Caprimulgiformes	8	1.70
	Charadriiformes	3	0.64
	Columbiformes	16	3.40
	Cuculiformes	9	1.91
	Falconiformes	3	0.64
	Gruiformes	2	0.42
	Passeriformes	350	74.31
	Piciformes	6	1.27
	Psittaciformes	8	1.70
	Strigiformes	5	1.06
	Tinamiformes	2	0.42
	Trogoniformes	2	0.42
Callao	Acanthuriformes	6	16.22
	Atheriniformes	9	24.32
	Carangiformes	4	10.81
	Clupeiformes	4	10.81
	Perciformes	5	13.51
	Pleuronectiformes	1	2.70
	Scombriformes	8	21.62
Cusco	Diptera	80	5.49
	Coleoptera	2	0.14
	Hemiptera	43	2.95
	Lepidoptera	1310	89.91
	Odonata	2	0.14
	Orthoptera	2	0.14
	Trichoptera	18	1.24
Huancavelica	Dipsacales	14	100.00
Huánuco	Diptera	10	0.41
	Hemiptera	7	0.28
	Hymenoptera	273	11.10
	Lepidoptera	2169	88.21
Ica	Diptera	9	16.07
	Hemiptera	6	10.71

	Hymenoptera	7	12.50
	Lepidoptera	34	60.71
Junín	Diptera	31	3.10
	Coleoptera	3	0.30
	Hemiptera	9	0.90
	Hymenoptera	1	0.10
	Lepidoptera	955	95.50
	Odonata	1	0.10
La Libertad	Anguilliformes	1	5.88
	Carangiformes	10	58.82
	Scorpaeniformes	6	35.29
Lambayeque	Lepidoptera	57	100.00
Lima	Acanthuriformes	39	29.32
	Atheriniformes	2	1.50
	Beloniformes	1	0.75
	Blenniiformes	9	6.77
	Carangiformes	2	1.50
	Clupeiformes	14	10.53
	Mugiliformes	3	2.26
	Ovalentaria	4	3.01
	Perciformes	32	24.06
	Pleuronectiformes	6	4.51
	Siluriformes	1	0.75
	Scombriformes	18	13.53
	Scorpaeniformes	1	0.75
	Syngnathiformes	1	0.75
Loreto	Coleoptera	30	8.04
	Diptera	4	1.07
	Hemiptera	12	3.22
	Hymenoptera	5	1.34
	Lepidoptera	316	84.72
	Neuroptera	2	0.54
	Odonata	3	0.80

	Trichoptera	1	0.27
Madre de Dios	Coleoptera	13	0.67
	Diptera	19	0.98
	Hemiptera	7	0.36
	Hymenoptera	408	21.02
	Lepidoptera	1459	75.17
	Neuroptera	3	0.15
	Odonata	3	0.15
	Trichoptera	29	1.49
Moquegua	Dipsacales	5	100.00
Pasco	Diptera	4	0.61
	Hemiptera	3	0.46
	Lepidoptera	648	98.93
Piura	Diptera	3	1.43
	Hemiptera	1	0.48
	Lepidoptera	206	98.10
Puno	Amphipoda	256	100.00
San Martín	Diptera	5	0.57
	Hemiptera	6	0.69
	Hymenoptera	1	0.11
	Lepidoptera	862	98.63
Tacna	Diptera	5	100.00
Tumbes	Accipitriformes	1	0.90
	Anseriformes	2	1.80
	Apodiformes	13	11.71
	Charadriiformes	1	0.90
	Columbiformes	3	2.70
	Passeriformes	77	69.37
	Piciformes	5	4.50
	Psittaciformes	2	1.80
	Strigiformes	4	3.60
	Suliformes	1	0.90
	Tinamiformes	1	0.90

	Trogoniformes	1	0.90
Ucayali	Diptera	1	0.88
	Hemiptera	5	4.42
	Odonata	7	6.19
	Lepidoptera	100	88.50

Fuente: The Barcode of Life Database (2022)

Anexo 4. Fotos de Recolección de Muestras en los Sectores de Chachapoyas.

Recolección de Especímenes en el Sector (A) Pedro Castro



Recolección de Líquenes

Recolección de Bryophytas

Recolección de Especímenes en el Sector (B) Señor de Los Milagros



Recolección de Líquenes

Recolección de Bryophytas

Recolección de Especímenes en el Sector (C) Mogrovejo



Recolección de Líquenes

Recolección de Bryophytas

Anexo 5. Tabla de datos de recolección para muestras de bioindicadores (líquenes y bryophytas) en la ciudad de Chachapoyas.

Tabla de toma de muestras en la ciudad de Chachapoyas											
Sector	Punto	Coordenadas		Código de colecta	Especie Asignada	Fecha	Altura (m.s.n.m)				
		Lat	Long								
A Pedro Castro	A1	182637	9312245	A.1.1	<i>Parmotrema reticulatum</i>	13/07/2021	2295				
				A.1.2	<i>Usnea</i> sp.	13/07/2021					
				A.1.3	<i>Teloschistes</i> sp.	13/07/2021					
				A.1.4	<i>Parmotrema reticulatum</i>	13/07/2021					
				A.1.5	<i>Physcia</i> sp.	13/07/2021					
				A.1.6	<i>Teloschistes</i> sp.	13/07/2021					
				A.1.7	<i>Caloplaca</i> sp.	13/07/2021					
				A.1.8	<i>Ramalina</i> sp.	13/07/2021					
				A.1.9	<i>Lecanora caesiorubella</i>	13/07/2021					
				A.1.10	<i>Ramalina</i> sp.	13/07/2021					
				A.1.11	<i>Usnea</i> sp.	13/07/2021					
				A.1.12	<i>Usnea</i> sp.	13/07/2021					
				A.1.13	<i>Parmotrema reticulatum</i>	13/07/2021					
				A.1.17	<i>Parmotrema reticulatum</i>	13/07/2021					
				A.1.18	<i>Parmotrema</i> sp.	13/07/2021					
				A.1.19	<i>Parmotrema reticulatum</i>	13/07/2021					
				A.1.20	<i>Heterodermia</i> sp.	13/07/2021					
				A.1.21	<i>Parmotrema reticulatum</i>	13/07/2021					
				A.1.22	<i>Caloplaca</i> sp.	13/07/2021					
				A.1.23	<i>Cololejeunea minutissima</i>	13/07/2021					
				A.1.24	<i>Lindigianthus cipaconeus</i>	13/07/2021					
				A2	A2	182465	9311990	A.2.1	<i>Bryum argenteum</i>	15/07/2021	2295
								A.2.2	<i>Bryum argenteum</i>	15/07/2021	
								A.2.3	<i>Heterodermia</i> sp.	15/07/2021	
A.2.4	<i>Lecanora caesiorubella</i>	15/07/2021									
A.2.5	<i>Caloplaca</i> sp.	15/07/2021									
A.2.7	<i>Usnea</i> sp.	15/07/2021									
A.2.8	<i>Usnea</i> sp.	15/07/2021									
A.2.9	<i>Teloschistes</i> sp.	15/07/2021									
A.2.10	<i>Parmotrema reticulatum</i>	15/07/2021									
A.2.11	<i>Caloplaca</i> sp.	15/07/2021									

			A.2.12	<i>Lecanora caesiorubella</i>	15/07/2021	
A3	182465	9311990	A.3.1	<i>Bryum argenteum</i>	15/07/2021	2295
			A.3.3	<i>Bryum argenteum</i>	15/07/2021	
			A.3.6	<i>Usnea</i> sp.	15/07/2021	
			A.3.7	<i>Bryum argenteum</i>	15/07/2021	
			A.3.8	<i>Parmotrema reticulatum</i>	15/07/2021	
			A.3.9	<i>Teloschistes</i> sp.	15/07/2021	
			A.3.10	<i>Teloschistes</i> sp.	15/07/2021	
A4	182733	9312014	A.4.3	<i>Caloplaca</i> sp.	15/07/2021	2367
			A.4.4	<i>Caloplaca</i> sp.	15/07/2021	
			A.4.7	<i>Marchantia polymorpha</i>	15/07/2021	
			A.4.8	<i>Streptopogon</i> sp.	15/07/2021	
			A.4.9	<i>Usnea</i> sp.	15/07/2021	
			A.4.13	<i>Lecanora caesiorubella</i>	15/07/2021	
			A.4.14	<i>Caloplaca</i> sp.	15/07/2021	
			A.4.15	<i>Bryum argenteum</i>	15/07/2021	
A5	183099	9311667	A.5.4	<i>Bartramia</i> sp.	15/07/2021	2352
			A.5.5	<i>Caloplaca</i> sp.	15/07/2021	
			A.5.7	<i>Parmotrema reticulatum</i>	15/07/2021	
			A.5.8	<i>Bryum argenteum</i>	15/07/2021	
			A.5.9	<i>Teloschistes</i> sp.	15/07/2021	
A6	182478	9311687	A.6.3	<i>Caloplaca</i> sp.	17/07/2021	2352
			A.6.4	<i>Lecanora caesiorubella</i>	17/07/2021	
			A.6.5	<i>Caloplaca</i> sp.	17/07/2021	
			A.6.6	<i>Caloplaca</i> sp.	17/07/2021	
			A.6.7	<i>Lecanora caesiorubella</i>	17/07/2021	
			A.6.8	<i>Caloplaca</i> sp.	17/07/2021	
			A.6.9	<i>Ramalina conduplicans</i>	17/07/2021	
			A.6.10	<i>Tortula ruralis</i>	17/07/2021	
			A.6.12	<i>Usnea</i> sp.	17/07/2021	
			A.6.13	<i>Teloschistes</i> sp.	17/07/2021	
			A.6.14	<i>Usnea</i> sp.	17/07/2021	
			A.6.16	<i>Teloschistes</i> sp.	17/07/2021	
			A.6.17	<i>Caloplaca</i> sp.	17/07/2021	
A7	182476	9311688	A.7.1	<i>Bryum argenteum</i>	17/07/2021	2352
			A.7.2	<i>Tortula ruralis</i>	17/07/2021	
			A.7.4	<i>Brachythecium salebrosum</i>	17/07/2021	
			A.7.6	<i>Bartramia</i> sp.	17/07/2021	
			A.7.7	<i>Bryum argenteum</i>	17/07/2021	
			A.7.8	<i>Usnea</i> sp.	17/07/2021	

			A.7.9	<i>Bryum argenteum</i>	17/07/2021		
			A.7.11	<i>Caloplaca</i> sp.	17/07/2021		
			A.7.13	<i>Lecanora caesiorubella</i>	17/07/2021		
			A.7.14	<i>Caloplaca</i> sp.	17/07/2021		
			A.7.15	<i>Parmotrema reticulatum</i>	17/07/2021		
	A8	182776 9311347	A.8.1	<i>Bryum argenteum</i>	17/07/2021	2352	
B Señor de los Milagros	B1	181894 9311699	B.1.1	<i>Caloplaca</i> sp.	17/07/2021	2419	
			B.1.2	<i>Punctelia borrieri</i>	17/07/2021		
			B.1.3	<i>Cladia</i> sp.	17/07/2021		
			B.1.4	<i>Heterodermia</i> sp.	17/07/2021		
			B.1.6	<i>Teloschistes</i> sp.	17/07/2021		
			B.1.8	<i>Tortula ruralis</i>	17/07/2021		
			B.1.9	<i>Parmotrema reticulatum</i>	17/07/2021		
			B.1.11	<i>Parmotrema reticulatum</i>	17/07/2021		
			B.1.12	<i>Usnea</i> sp.	17/07/2021		
			B.1.13	<i>Teloschistes</i> sp.	17/07/2021		
		B2	181856 9311827	B.2.2	<i>Ramalina</i> sp.	17/07/2021	2419
				B.2.3	<i>Ramalina</i> sp.	17/07/2021	
				B.2.5	<i>Parmotrema reticulatum</i>	17/07/2021	
				B.2.6	<i>Bartramia</i> sp.	17/07/2021	
				B.2.8	<i>Usnea</i> sp.	17/07/2021	
		B3	181666 9312151	B.3.2	<i>Bartramia</i> sp.	17/07/2021	2419
				B.3.3	<i>Caloplaca</i> sp.	17/07/2021	
				B.3.4	<i>Cladonia</i> sp.	17/07/2021	
				B.3.5	<i>Vilophora</i> sp.	17/07/2021	
				B.3.6	<i>Caloplaca</i> sp.	17/07/2021	
			B.3.7	<i>Cladonia subsquamosa</i>	17/07/2021		
			B.3.9	<i>Usnea</i> sp.	17/07/2021		
			B.3.10	<i>Caloplaca</i> sp.	17/07/2021		
			B.3.11	<i>Parmotrema reticulatum</i>	17/07/2021		
			B.3.12	<i>Usnea</i> sp.	17/07/2021		
			B.3.14	<i>Lecanora caesiorubella</i>	17/07/2021		
			B.3.15	<i>Cladia</i> sp.	17/07/2021		
			B.3.16	<i>Heterodermia</i> sp.	17/07/2021		
			B.3.17	<i>Heterodermia</i> sp.	17/07/2021		
			B.3.18	<i>Teloschistes</i> sp.	17/07/2021		
			B.3.19	<i>Brachythecium salebrosum</i>	17/07/2021		
			B.3.20	<i>Teloschistes</i> sp.	17/07/2021		
			B.3.21	<i>Caloplaca</i> sp.	17/07/2021		
			B.3.24	<i>Tortula ruralis</i>	17/07/2021		
			B.3.25	<i>Bartramia</i> sp.	17/07/2021		

	B4	181860	9311301	B.4.1	<i>Tortula ruralis</i>	17/07/2021	2368	
	B5	182136	931136	B.5.1	<i>Tortula ruralis</i>	17/07/2021	2385	
				B.5.2	<i>Bryum argenteum</i>	17/07/2021		
				B.5.3	<i>Bryum argenteum</i>	17/07/2021		
				B.5.4	<i>Punctelia borreri</i>	17/07/2021		
				B.5.5	<i>Parmotrema reticulatum</i>	17/07/2021		
				B.5.6	<i>Caloplaca</i> sp.	17/07/2021		
				B.5.7	<i>Caloplaca</i> sp.	17/07/2021		
				B.5.8	<i>Tortula ruralis</i>	17/07/2021		
				B.5.10	<i>Usnea</i> sp.	17/07/2021		
	B6	182056	9310982	B.6.1	<i>Tortula ruralis</i>	17/07/2021	2333	
				B.6.2	<i>Caloplaca</i> sp.	17/07/2021		
				B.6.3	<i>Parmotrema reticulatum</i>	17/07/2021		
				B.6.4	<i>Bryum argenteum</i>	17/07/2021		
C Mogrovejo	C1	181859	9311089	C.1.3	<i>Bryum argenteum</i>	05/08/2021	2233	
				C.1.4	<i>Tortula ruralis</i>	05/08/2021		
				C.1.5	<i>Cryphaea patens</i>	05/08/2021		
				C.1.7	<i>Teloschistes</i> sp.	05/08/2021		
				C.1.8	<i>Parmotrema reticulatum</i>	05/08/2021		
				C.1.9	<i>Heterodermia</i> sp.	05/08/2021		
				C.1.10	<i>Bryum argenteum</i>	05/08/2021		
				C.1.11	<i>Usnea</i> sp.	05/08/2021		
		C.2	181564	9310996	C.2.5	<i>Brachythecium salebrosum</i>	05/08/2021	2393
					C.2.6	<i>Usnea</i> sp.	05/08/2021	
					C.2.8	<i>Tortula ruralis</i>	05/08/2021	
					C.2.9	<i>Bryum argenteum</i>	05/08/2021	
					C.2.10	<i>Teloschistes</i> sp.	05/08/2021	
					C.2.11	<i>Teloschistes</i> sp.	05/08/2021	
		C3	181569	9310799	C.3.3	<i>Marchantia polymorpha</i>	05/08/2021	2382
					C.3.5	<i>Metzgeria</i> sp.	05/08/2021	
					C.3.8	<i>Bartramia</i> sp.	05/08/2021	
					C.3.9	<i>Tortula ruralis</i>	05/08/2021	
		C4	181883	9310766	C.4.1	<i>Bryum argenteum</i>	05/08/2021	2344
					C.4.6	<i>Tortula ruralis</i>	05/08/2021	
					C.4.7	<i>Bryum argenteum</i>	05/08/2021	
		C5	181569	9310798	C.5.1	<i>Cladia</i> sp.	05/08/2021	2393
				C.5.3	<i>Bryum argenteum</i>	05/08/2021		
	C6	181843	9310509	C.6.1	<i>Tortula ruralis</i>	05/08/2021	2349	
				C.6.2	<i>Tortula ruralis</i>	05/08/2021		
				C.6.4	<i>Bryum argenteum</i>	05/08/2021		
				C.6.5	<i>Bartramia</i> sp.	05/08/2021		
				C.6.6	<i>Bryum argenteum</i>	05/08/2021		
				C.6.7	<i>Parmotrema reticulatum</i>	05/08/2021		

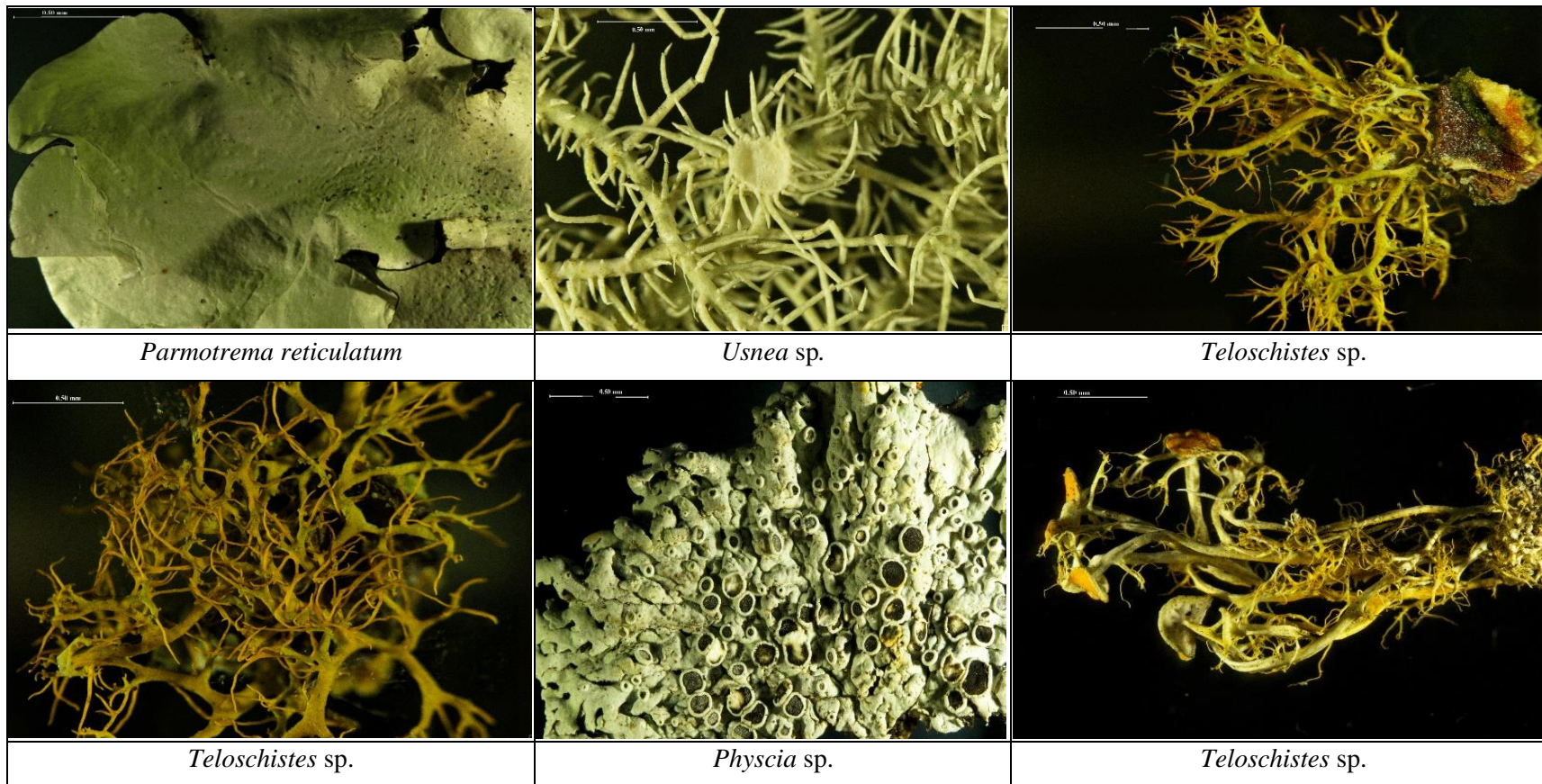
	C7	181523	9310145	C.7.1	<i>Caloplaca</i> sp.	05/08/2021	2371
				C.7.4	<i>Teloschistes</i> sp.	05/08/2021	
				C.7.5	<i>Parmotrema</i> <i>reticulatum</i>	05/08/2021	
				C.7.6	<i>Usnea</i> sp.	05/08/2021	
				C.7.7	<i>Caloplaca</i> sp.	05/08/2021	
				C.7.8	<i>Lecanora</i> <i>caesiorubella</i>	05/08/2021	
D Chachapo yas centro	D1	182160	9310755	D.1.4	<i>Tortula ruralis</i>	12/08/2021	2192
				D.1.5	<i>Bryum argenteum</i>	12/08/2021	
	D2	182747	9310754	D.2.3	<i>Tortula ruralis</i>	12/08/2021	2339
				D.2.4	<i>Bryum argenteum</i>	12/08/2021	
				D.2.5	<i>Tortula ruralis</i>	12/08/2021	
				D.2.7	<i>Parmotrema</i> <i>reticulatum</i>	12/08/2021	
				D.2.10	<i>Bryum argenteum</i>	12/08/2021	
	D3	182769	9311064	D.3.1	<i>Cololejeunea</i> <i>minutissima</i>	12/08/2021	2309
				D.3.2	<i>Bryum argenteum</i>	12/08/2021	
				D.3.3	<i>Tortula ruralis</i>	12/08/2021	
				D.3.4	<i>Bryum argenteum</i>	12/08/2021	
	D4	183055	9310757	D.4.1	<i>Heterodermia</i> sp.	12/08/2021	2351
				D.4.2	<i>Heterodermia</i> sp.	12/08/2021	
				D.4.3	<i>Caloplaca</i> sp.	12/08/2021	
				D.4.4	<i>Teloschistes</i> sp.	12/08/2021	
				D.4.5	<i>Bryum argenteum</i>	12/08/2021	
				D.4.6	<i>Tortula ruralis</i>	12/08/2021	
				D.4.7	<i>Parmotrema</i> <i>reticulatum</i>	12/08/2021	
				D.4.8	<i>Teloschistes</i> sp.	12/08/2021	
				D.4.9	<i>Usnea</i> sp.	12/08/2021	
D5	183113	9310400	D.5.2	<i>Bryum argenteum</i>	12/08/2021	2370	
			D.5.3	<i>Bryum argenteum</i>	12/08/2021		
			D.5.4	<i>Parmotrema</i> <i>reticulatum</i>	12/08/2021		
			D.5.5	<i>Tortula ruralis</i>	12/08/2021		
D6	182486	9310442	D.6.5	<i>Caloplaca</i> sp.	12/08/2021	2370	
			D.6.6	<i>Cladia</i> sp.	12/08/2021		
			D.6.7	<i>Lecanora</i> <i>caesiorubella</i>	12/08/2021		
			D.6.9	<i>Bryum argenteum</i>	12/08/2021		
			D.6.11	<i>Parmotrema</i> <i>reticulatum</i>	12/08/2021		
			D.6.13	<i>Caloplaca</i> sp.	12/08/2021		
			D.6.16	<i>Bryum argenteum</i>	12/08/2021		
D7	182183	9310420	D.7.1	<i>Tortula ruralis</i>	12/08/2021	2345	
			D.7.4	<i>Bryum argenteum</i>	12/08/2021		
D8	182483	9310125	D.8.1	<i>Tortula ruralis</i>	12/08/2021	2368	
			D.8.2	<i>Bryum argenteum</i>	12/08/2021		

				D.8.3	<i>Bryum argenteum</i>	12/08/2021	
E El Molino	E10	182727	9310855	E.1.1	<i>Ramalina</i> sp.	18/08/2021	2199
				E.1.2	<i>Caloplaca</i> sp.	18/08/2021	
				E.1.3	<i>Teloschistes</i> sp.	18/08/2021	
				E.1.4	<i>Bryum argenteum</i>	18/08/2021	
				E.1.5	<i>Parmotrema reticulatum</i>	18/08/2021	
	E2	182430	9309846	E.2.1	<i>Usnea</i> sp.	18/08/2021	2321
				E.2.2	<i>Tortula ruralis</i>	18/08/2021	
				E.2.3	<i>Bryum argenteum</i>	18/08/2021	
				E.2.4	<i>Bryum argenteum</i>	18/08/2021	
				E.2.6	<i>Physcia</i> sp.	18/08/2021	
	E3	182067	9309418	E.3.2	<i>Ramalina</i> sp.	18/08/2021	2301
				E.3.4	<i>Tortula ruralis</i>	18/08/2021	
				E.3.5	<i>Tortula ruralis</i>	18/08/2021	
				E.3.6	<i>Teloschistes</i> sp.	18/08/2021	
				E.3.7	<i>Usnea</i> sp.	18/08/2021	
	E4	182125	9309259	E.4.1	<i>Tortula ruralis</i>	18/08/2021	2307
	E5	180554	9308798	E.5.1	<i>Brachythecium salebrosum</i>	18/08/2021	2152
E.5.3				<i>Bartramia</i> sp.	18/08/2021		
E.5.4				<i>Bryum argenteum</i>	18/08/2021		
E6	180590	9308532	E.6.1	<i>Parmotrema reticulatum</i>	18/08/2021	2140	
			E.6.2	<i>Punctelia borrieri</i>	18/08/2021		
			E.6.4	<i>Parmotrema reticulatum</i>	18/08/2021		
			E.6.6	<i>Parmotrema reticulatum</i>	18/08/2021		
			E.6.7	<i>Frullania ecklonii</i>	18/08/2021		
			E.6.9	<i>Physcia</i> sp.	18/08/2021		
			E.6.10	<i>Teloschistes</i> sp.	18/08/2021		
			E.6.11	<i>Usnea</i> sp.	18/08/2021		
			E.6.12	<i>Usnea</i> sp.	18/08/2021		
			E.6.13	<i>Macrocoma tenuis</i>	18/08/2021		
			E.6.14	<i>Parmotrema reticulatum</i>	18/08/2021		
			E.6.15	<i>Ramalina</i> sp.	18/08/2021		
			E.6.16	<i>Tortula ruralis</i>	18/08/2021		
			E.6.17	<i>Teloschistes</i> sp.	18/08/2021		
E7	180427	9308583	E.7.1	<i>Punctelia borrieri</i>	18/08/2021	2142	
			E.7.2	<i>Parmotrema reticulatum</i>	18/08/2021		
			E.7.3	<i>Tortula ruralis</i>	18/08/2021		
			E.7.4	<i>Bryum argenteum</i>	18/08/2021		
			E.7.5	<i>Parmotrema reticulatum</i>	18/08/2021		
E8	180287	9308805	E.8.2	<i>Parmotrema reticulatum</i>	18/08/2021	2123	

			E.8.5	<i>Usnea</i> sp.	18/08/2021					
			E.8.6	<i>Teloschistes</i> sp.	18/08/2021					
			E.8.7	<i>Heterodermia</i> sp.	18/08/2021					
			E.8.8	<i>Ramalina</i> sp.	18/08/2021					
			E.8.9	<i>Teloschistes</i> sp.	18/08/2021					
			E.8.10	<i>Teloschistes</i> sp.	18/08/2021					
E9	181861	9309816	E.9.1	<i>Bartramia</i> sp.	18/08/2021	2272				
			E.9.3	<i>Bryum argenteum</i>	18/08/2021					
E10	181865	9309535	E.10.1	<i>Ramalina</i> sp.	18/08/2021	2268				
			E.10.2	<i>Bryum argenteum</i>	18/08/2021					
			E.10.3	<i>Teloschistes</i> sp.	18/08/2021					
F Higos Urco - Universida d	F1	182726	9310862	F.1.1	<i>Dixonia</i> sp.	31/08/2021	2196			
				F.1.2	<i>Barbula unguiculata</i>	31/08/2021				
				F.1.3	<i>Marchantia polymorpha</i>	31/08/2021				
				F.1.6	<i>Barbula unguiculata</i>	31/08/2021				
				F.1.7	<i>Usnea</i> sp.	31/08/2021				
				F.1.9	<i>Teloschistes</i> sp.	31/08/2021				
				F.1.10	<i>Ramalina</i> sp.	31/08/2021				
				F.1.11	<i>Physcia</i> sp.	31/08/2021				
				F.1.14	<i>Tortula ruralis</i>	31/08/2021				
				F.1.15	<i>Bryum argenteum</i>	31/08/2021				
				F.1.16	<i>Tortula ruralis</i>	31/08/2021				
				F2	1834491	9310312	F.2.1	<i>Ramalina</i> sp.	31/08/2021	2335
							F.2.2	<i>Ramalina</i> sp.	31/08/2021	
							F.2.4	<i>Parmotrema reticulatum</i>	31/08/2021	
							F.2.7	<i>Barbula unguiculata</i>	31/08/2021	
							F.2.9	<i>Physcia</i> sp.	31/08/2021	
			F.2.10	<i>Heterodermia</i> sp.	31/08/2021					
			F.2.11	<i>Streptopogon</i> sp.	31/08/2021					
			F.2.12	<i>Punctelia borreri</i>	31/08/2021					
			F.2.13	<i>Usnea</i> sp.	31/08/2021					
			F.2.14	<i>Parmotrema reticulatum</i>	31/08/2021					
F3	193947	9310466	F.3.1	<i>Bartramia</i> sp.	31/08/2021	2345				
			F.3.2	<i>Racopilum cuspidigerum</i>	31/08/2021					
			F.3.3	<i>Punctelia borreri</i>	31/08/2021					
			F.3.4	<i>Bryum argenteum</i>	31/08/2021					
			F.3.5	<i>Tortula ruralis</i>	31/08/2021					
			F.3.6	<i>Teloschistes</i> sp.	31/08/2021					
			F.3.7	<i>Usnea</i> sp.	31/08/2021					
F4	184285	9310248	F.4.1	<i>Caloplaca</i> sp.	31/08/2021	2345				
			F.4.2	<i>Caloplaca</i> sp.	31/08/2021					
			F.4.4	<i>Caloplaca</i> sp.	31/08/2021					
			F.4.5	<i>Punctelia borreri</i>	31/08/2021					
			F.4.6	<i>Caloplaca</i> sp.	31/08/2021					

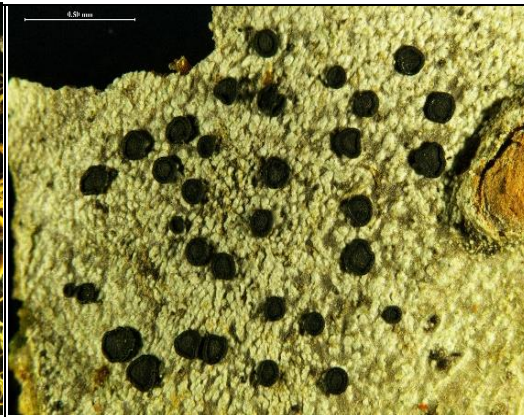
			F.4.7	<i>Lecanora caesiorubella</i>	31/08/2021	
F5	183979	9310133	F.5.1	<i>Bryum argenteum</i>	31/08/2021	2406
			F.5.3	<i>Heterodermia sp.</i>	31/08/2021	
			F.5.5	<i>Teloschistes sp.</i>	31/08/2021	
			F.5.6	<i>Teloschistes sp.</i>	31/08/2021	
			F.5.8	<i>Bryum argenteum</i>	31/08/2021	
			F.5.9	<i>Tortula ruralis</i>	31/08/2021	
F6	184154	9309587	F.6.1	<i>Usnea sp.</i>	31/08/2021	2406
			F.6.2	<i>Vilophora sp.</i>	31/08/2021	
			F.6.5	<i>Heterodermia sp.</i>	31/08/2021	
			F.6.6	<i>Teloschistes sp.</i>	31/08/2021	
			F.6.8	<i>Punctelia borreri</i>	31/08/2021	
			F.6.9	<i>Usnea sp.</i>	31/08/2021	
F7	183604	9310011	F.7.1	<i>Parmotrema reticulatum</i>	31/08/2021	2363
			F.7.2	<i>Parmotrema reticulatum</i>	31/08/2021	
			F.7.4	<i>Usnea sp.</i>	31/08/2021	
			F.7.5	<i>Ramalina sp.</i>	31/08/2021	
			F.7.6	<i>Teloschistes sp.</i>	31/08/2021	
			F.7.7	<i>Bryum argenteum</i>	31/08/2021	
F8	183250	930942	F.8.1	<i>Ramalina sp.</i>	31/08/2021	2391
			F.8.2	<i>Ramalina sp.</i>	31/08/2021	
			F.8.3	<i>Teloschistes sp.</i>	31/08/2021	
			F.8.4	<i>Teloschistes sp.</i>	31/08/2021	
			F.8.5	<i>Ramalina sp.</i>	31/08/2021	

Anexo 6. Fotografías a nivel microscópico de bioindicadores (líquenes y bryophytas) recolectados en la ciudad de Chachapoyas.





Teloschistes sp.



Caloplaca sp.



Ramalina sp.



Lecanora caesiorubella



Caloplaca sp.



Bryum argenteum



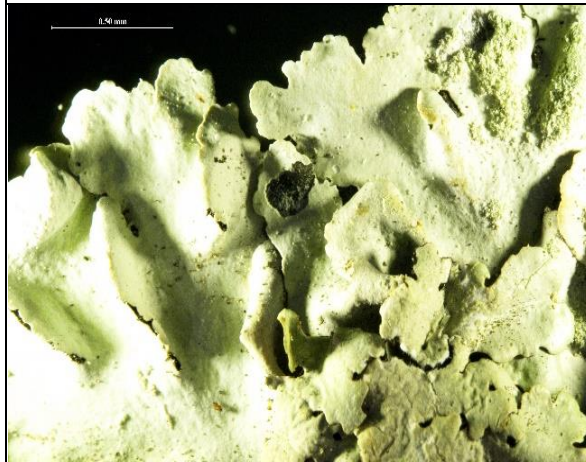
Ramalina sp.



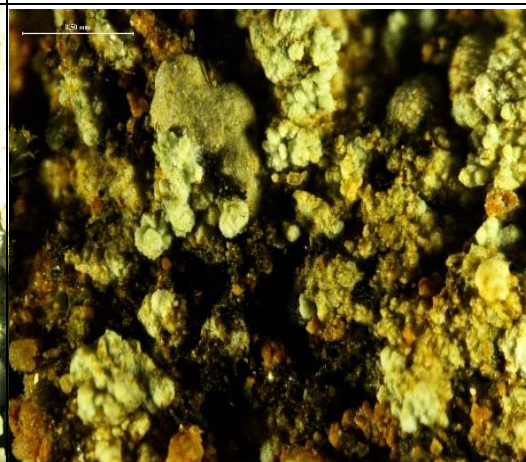
Usnea sp.



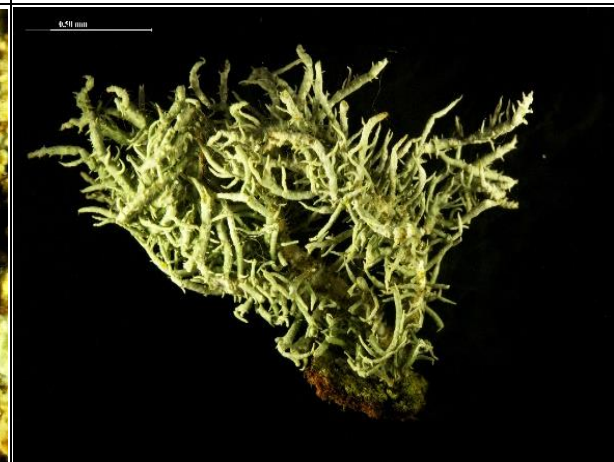
Usnea sp.



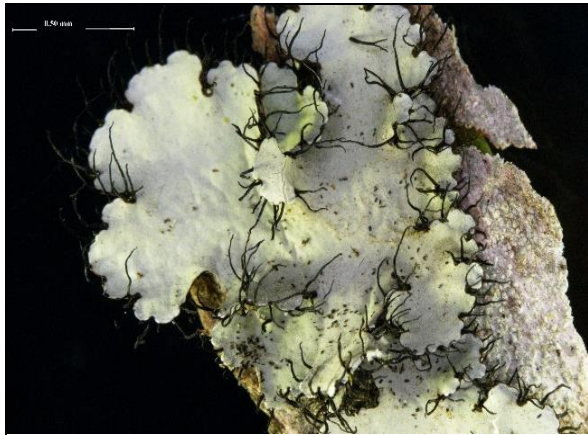
Parmotrema reticulatum



Caloplaca sp.



Usnea sp.



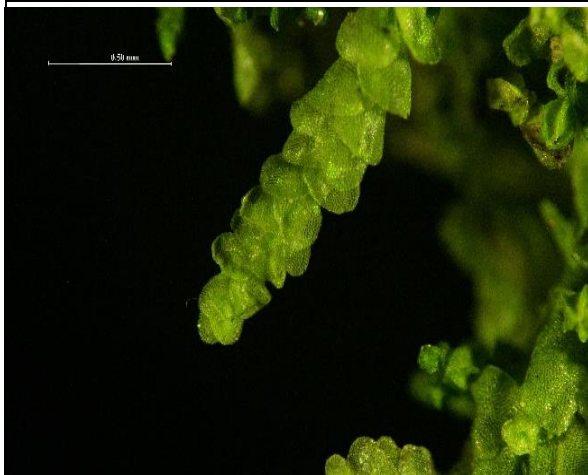
Parmotrema sp.



Heterodermia sp.



Parmotrema reticulatum



Cololejeunea minutissima



Lindigianthus cipaconeus

