Universidad Nacional Mayor de San Marcos
Universidad del Perú. Decana de América

Dirección General de Estudios de Posgrado
Facultad de Medicina Veterinaria
Unidad de Posgrado

Identificación de haplotipos mitocondriales en condor andino (*Vultur gryphus*) mantenidos en cautiverio en el Perú

TESIS

Para optar el Grado Académico de Magíster en Ciencias Veterinarias con mención en Salud Animal

AUTOR

Pedro Antonio OSPINA SALINAS

ASESOR

Dr. Abelardo Lenin MATURRANO HERNÁNDEZ

Lima, Perú

2025



Reconocimiento - No Comercial - Compartir Igual - Sin restricciones adicionales

https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/

Usted puede distribuir, remezclar, retocar, y crear a partir del documento original de modo no comercial, siempre y cuando se dé crédito al autor del documento y se licencien las nuevas creaciones bajo las mismas condiciones. No se permite aplicar términos legales o medidas tecnológicas que restrinjan legalmente a otros a hacer cualquier cosa que permita esta licencia.

Referencia bibliográfica

Ospina P. Identificación de haplotipos mitocondriales en condor andino (*Vultur gryphus*) mantenidos en cautiverio en el Perú [Tesis de maestría]. Lima: Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Facultad de Medicina Veterinaria, Unidad de Posgrado; 2025.

Metadatos complementarios

Datos de autor	
Nombres y apellidos	Pedro Antonio Ospina Salinas
Tipo de documento de identidad	DNI
Número de documento de identidad	09629794
URL de ORCID	http://orcid.org/0000-0002-5545-446X
Datos de asesor	
Nombres y apellidos	Abelardo Lenin Maturrano Hernández
Tipo de documento de identidad	DNI
Número de documento de identidad	15725076
URL de ORCID	https://orcid.org/0000-0001-8819-7335
Datos del jurado	
Presidente del jurado	
Nombres y apellidos	Mariella Ramos Gonzalez
Tipo de documento	DNI
Número de documento de identidad	43068125
Miembro del jurado 1	
Nombres y apellidos	Nofre Sanchez Perea
Tipo de documento	DNI
Número de documento de identidad	06772234
Miembro del jurado 2	
Nombres y apellidos	Walter Hugo Silva Suárez
Tipo de documento	DNI
Número de documento de identidad	07521115
Miembro del jurado 3	
Nombres y apellidos	Rosa Isabel González Veliz
Tipo de documento	DNI

Número de documento de identidad	10300467
Datos de investigación	
Línea de investigación	A.1.1.3 Diversidad Genética
Grupo de investigación	Biotecnología aplicada a la conservación, Sanidad y Producción Animal (SANIGEN)
Agencia de financiamiento	Perú. Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM). Unidad de Postgrado FMV.UNMSM. Financiamiento concursable. de tesis de Posgrado RD. N°0362-D-FMV-19. .
Ubicación geográfica de la investigación	Edificio: Laboratorio de Biología y Genética Molecular de la Facultad de Medicina Veterinaria de UNMSM País: Perú Departamento: Lima Provincia: Lima Distrito: San Borja Avenida: Circunvalación 2800 Latitud: -12.081461896047118 Longitud: -76.9877184315136
Año o rango de años en que se realizó la investigación	2019- 2025
URL de disciplinas OCDE	Biología, genética, herencia**.** **https://purl.org/pe-repo/ocde/ford#1.06.07** Ciencia Veterinaria. **https://purl.org/pe-repo/ocde/ford#4.03.01** Biología, otros temas de biología **https://purl.org/pe-repo/ocde/ford#1.06.16**

UNIVERSIDAD NACIONAL MAYOR DE SAN MARCOS
Universidad del Perú. Decana de América
Facultad de Medicina Veterinaria
UNIDAD DE POSGRADO

ACTA DE SUSTENTACIÓN DE TESIS PARA OPTAR EL GRADO ACADÉMICO DE MAGÍSTER EN CIENCIAS VETERINARIAS CON MENCIÓN EN SALUD ANIMAL

En la Sala de Posgrado de la Facultad de Medicina Veterinaria de la Universidad Nacional Mayor de San Marcos, siendo las 12:00 horas del día lunes 22 de diciembre del 2025, el Jurado Examinador de Tesis de Grado de Magíster, presidido por la Dra. Mariella Ramos Gonzalez y conformado por los siguientes miembros docentes: Mg. Nofre Sánchez Perea, Mg. Walter Hugo Silva Suárez, Mg. Rosa Isabel González Veliz y Dr. Abelardo Lenin Maturrano Hernández (asesor), se dio inicio a la sustentación oral y pública de la Tesis titulada:

"IDENTIFICACIÓN DE HAPLOTIPOS MITOCONDRIALES EN CONDOR ANDINO (*Vultur gryphus*) MANTENIDOS EN CAUTIVERIO EN EL PERÚ", presentado por el Bachiller en Medicina Veterinaria:

PEDRO ANTONIO OSPINA SALINAS

Quien sustentó la Tesis para obtener el Grado Académico de Magíster en Ciencias Veterinarias con mención en Salud Animal y absolvió satisfactoriamente las preguntas y objeciones formuladas por el Jurado y practicada la votación obtuvo la calificación de:

_____MUY BUENO, (18) DIECICOHO _____

A continuación, el Jurado por intermedio de su Presidente recomendó a la Unidad de Posgrado de la Facultad de Medicina Veterinaria, proponga el otorgamiento del Grado Académico de Magíster en Ciencias Veterinarias con mención en Salud Animal, al Bachiller en Medicina Veterinaria Pedro Antonio Ospina Salinas.

Siendo las 13:15 horas del día lunes 22 de diciembre de 2025, se dio por concluido el acto académico, suscribiéndose la presente Acta.

……..……..... Dra. Mariella Ramos Gonzalez (P.A.T.C.) **Presidente**	…..... Mg. Nofre Sánchez Perea (P.P.T.C) **Miembro**
..... Mg. Walter Hugo Silva Suárez **Miembro**	……..……..... Mg. Rosa Isabel González Veliz (P.A.D.E.) **Miembro**
…….. Dr. Abelardo Lenin Maturrano Hernández (P.P.D.E.) **Miembro (asesor)**	……..……..... Dr. César Miguel Gavidia Chucán (P.P.D.E.) **Director de la Unidad de Posgrado**

UNIVERSIDAD NACIONAL MAYOR DE
SAN MARCOS
Universidad del Perú, Decana de América

CERTIFICADO DE SIMILITUD

Yo, Abelardo Lenin Maturrano Hernández en mi condición de asesor acreditado con el Dictamen N°0039-UPG-FMV-2025 de la tesis, cuyo título es "**IDENTIFICACIÓN DE HAPLOTIPOS MITOCONDRIALES EN CONDOR ANDINO (*Vultur gryphus*) MANTENIDOS EN CAUTIVERIO EN EL PERÚ**", presentado por el Bachiller Pedro Antonio Ospina Salinas para optar el Grado Académico de Magister en Ciencias Veterinarias con mención en Salud Animal.

CERTIFICO que se ha cumplido con lo establecido en la Directiva de Originalidad y de Similitud de Trabajos Académicos, de Investigación y Producción Intelectual. Según la revisión, análisis y evaluación mediante la plataforma PIDS, el documento evaluado cuenta con el 4% de similitud, nivel **PERMITIDO** para continuar con los trámites correspondientes y para su **publicación en el repositorio institucional.**

Se emite el presente certificado en cumplimiento de lo establecido en las normas vigentes, como uno de los requisitos para la obtención del Grado Académico de magíster en Ciencias Veterinarias con mención en Salud Animal.

Lima, 08 de abril de 2026

Firma del Asesor: UNMSM Firmado digitalmente por MATURRANO HERNANDEZ Abelardo Lenin FAU 20148092282 soft
Motivo: Soy el autor del documento
Fecha: 08.04.2026 16:09:04 -05:00

Nombres y Apellidos del asesor: Abelardo Lenin Maturrano Hernández

DNI: 15725076

La vigencia del presente certificado corresponde a un periodo de noventa (90) días desde la fecha de su emisión; siempre que no haya observaciones en el texto durante el proceso de revisión por el jurado informante o surja alguna contingencia.

DEDICATORIAS

A mi amada mamá, Olguita, quien ahora desde el cielo me seguirá guiando y protegiendo, gracias por todo, te debo todo lo que soy. Un beso hasta el cielo.

A mi amado papá, Artemon, sé que siempre has estado conmigo desde tu temprana partida, segurísimo que me ayudaste a ingresar a la U, gracias por ser mi ejemplo y un excelente maestro. Un beso hasta el cielo.

Ya ahora están juntos bailando mucho y disfrutando de los paseos entre arboles de eucalipto, los extraño mucho, tratare de ser tan bueno como ustedes lo eran. Los amo.

A mis hermosos y amados hijos, Leonardo, Pedro y Nicolas, son siempre fuente de inspiración y superación, espero enseñarles que todo se puede con paciencia y perseverancia, y por supuesto con mucha fé.

A mi amada esposa Mercy, pilar en la consecución de esta meta, sin ti, no hubiera podido, gracias mil por tu apoyo infinito, paciencia y tolerancia. Te amo mi vida.

AGRADECIMIENTOS

A la unidad de Posgrado de la Facultad de Medicina Veterinaria de UNMSM, en la persona del Dr. Cesar Gavidia y personal administrativo por las facilidades y apoyo brindado durante todo el proceso de esta tesis.

Al Doctor Lenin Maturrano por su paciencia, enseñanzas y total apoyo durante todo este largo proceso, si no fuera por su soporte y amistad no hubiera podido seguir, asimismo a su grupo de Investigación en Biología y Genética Molecular UBIGEM, muchas gracias por su apoyo.

Al Zoológico el Huayco, en la persona de José Otero, quien nos apoyó desde el inicio del proyecto y nos dio todas las facilidades para el muestreo de sus aves, muchas gracias.

Al Patronato del Parque de las Leyendas, por su respaldo en nuestro trabajo y colaboración para la toma de muestras; gracias a los Drs. David, Fico y Karina, así como otros colegas, trabajadores y practicantes que también apoyaron durante el manejo, muchas gracias.

Al Zoológico de Huancayo, en Junín, por su colaboración para este trabajo, al Dr. a cargo, así como al personal y representante de SERFOR, por brindar las facilidades para el manejo y toma de muestras, muchas gracias.

Al Zoológico de La Totorilla en Ayacucho, a todo el personal por su gran apoyo durante el manejo y toma de muestras de sus cóndores, al Dr. R. Huamán por su amabilidad y sincera ayuda en el muestreo, muchas gracias.

Al Zoológico Municipal de Ica, en Ica, gracias a todo el personal, administrativo, doctores y trabajadores que colaboraron en las coordinaciones, el manejo y la toma de las muestras, muchas gracias.

Al Zoológico Mundo Andino Tipón, en Cusco, gracias a un buen amigo Teo, por ayudarnos y permitirnos muestrear su ave, alojada en su genial zoológico.

Al mini zoológico de la Universidad Nacional San Antonio Abad del Cusco, UNSAAC, de cusco, a todo el personal que labora y voluntarios presentes, en especial a la encargada, Maritza Jiménez muchas gracias por su siempre buena disposición y apoyo en las coordinaciones y el trabajo realizado para la toma de las muestras, muchas gracias.

Al Santuario Animal de Ccochahuasi en Cusco, muchas gracias por su colaboración y apoyo desde muy temprano para la toma de muestras de sus 10 cóndores. A Daniel, los demás biólogos, colegas y personal que nos apoyaron, muchas gracias.

Al Parque Ecológico Taraccasa en Apurímac, luego de un largo viaje fue muy grato tener una cálida bienvenida y gran apoyo de parte de un excelente anfitrión y colega Cristian Morales, muchas gracias por todo.

Agradecer a una persona especial en mi vida, alguien con quien quieres pasar todas las horas del día, alguien que te apoya siempre, que está conmigo en las buenas y en las malas, que no se rinde ante las adversidades, me alienta y apoya, es una persona fuerte e inteligente, además de tener una gran belleza interior, un corazón tierno y amoroso, tiene un bello rostro y una sonrisa angelical, eres mi amada Mercy, mi estrella, la luz en el camino, el abrigo que me cobija, los brazos que me sujetan, el hombro que me apoya…. Eres mi ángel…..Te Amo.

Agradezco a la colega y amiga Valery Farfán por su apoyo desinteresado durante todas las tomas de muestras en cusco, muchas gracias; Agradecido con todo el personal de SERFOR de las diferentes ATFFS que nos dieron las facilidades para las tomas de muestras, gracias por su excelente trabajo y profesionalismo y agradecer a todas las personas que me ayudaron y alentaron en las distintas etapas de este largo proceso para la realización de este proyecto, a todos, gracias totales.

ÍNDICE

DEDICATORIA i
AGRADECIMIENTOS ii
RESUMEN viii
ABSTRACT ix
LISTA DE CUADROS x
LISTA DE FIGURAS xi
LISTA DE ANEXOS xii
I. INTRODUCCIÓN 13
II. REVISIÓN BIBLIOGRÁFICA 16
2.1 Generalidades 16
2.1.1 Orden Falconiformes 16
2.1.2 Familia Cathartidae 17
2.1.3 Genero Vultur 19
2.1.4 Taxonomía 19
2.1.5 Distribución 22
2.1.6 Población 22
2.1.7 Comportamiento y características 24
2.1.7.1 Características físicas 24
2.1.7.2 Actividad y desplazamiento 26
2.1.7.3 Comportamiento 27
2.1.7.4 Habitad 29
2.1.8 Alimentación 30
2.1.9 Reproducción 30
2.1.10 Sanidad 31
2.1.10.1 Contención física 31
2.1.10.2 Enfermedades 33
2.1.10.3 Valores hematológicos y bioquímicos 34
2.1.11 Situación actual e importancia 40
2.1.11.1 Normativa Internacional 40
2.1.11.2 Normativa Nacional 41
2.1.11.3 Situación en América Latina 41

2.1.11.3.1 Amenazas 43
2.1.11.3.1.1 Yawar fiesta 43
2.1.11.3.1.2 Caza furtiva 44
2.1.11.3.1.3 Envenenamiento 44
2.1.11.3.1.4 Chamanismo 46
2.1.11.3.1.5 Comercio ilegal 47
2.1.11.3.1.6 Electrocución 47
2.1.11.3.1.7 Otras causas 47
2.1.11.3.2 Importancia 48
2.1.12 Experiencias en cautiverio 48
2.1.12.1 Centros de rescate 48
2.1.12.2 Zoocriaderos 49
2.1.12.3 Reproducción asistida 49
2.1.12.3.1 Ausencia del contacto humano 49
2.1.12.3.2 Reintroducción 50
2.2 Aspectos en genética poblacional 51
2.2.1 Estructura poblacional 51
2.2.2 Evolución 51
2.2.2.1 Selección natural 51
2.2.2.2 Migración 51
2.2.2.3 Deriva génica 52
2.2.2.4 Variación genética 52
2.2.2.5 Mutación 52
2.2.2.6 Aislamiento genético 53
2.2.3 Variación entre las poblaciones 53
2.2.3.1 Equilibrio Hardy-Weinberg 53
2.2.3.2 Sistemas de apareamiento y reproducción 54
2.2.3.2.1 Apareamiento al azar 54
2.2.3.2.1.1 Apareamiento clasificado 54
2.2.3.2.1.2 Endogamia 54
2.2.3.3 Poblaciones decrecientes 55
2.2.3.3.1 Efecto cuello de botella 55
2.3 Estimaciones genéticas en aves 55

2.3.1 Cóndor de california 55
2.3.1.1 Estudios moleculares 55
2.3.1.2 Reproducción y reintroducción 56
2.3.2 Quebranta huesos 56
2.3.2.1 Estudios moleculares 57
2.3.2.2 Reproducción y reintroducción 58
2.4 Técnicas moleculares en poblaciones 58
2.4.1 Complejo Mayor de Histocompatibilidad (MHC) 58
2.4.2 Microsatélites 59
2.4.3 Gen 12S ribosomal 60
2.5 Estudios genéticos en Perú 61
2.5.1 Vicuña 61
2.5.2 Suri 61
2.5.3 Llama 62
2.5.4 Nutria marina 62
2.5.5 Oso Andino 62
2.6 Reacción en cadena de la polimerasa (PCR) 63

III. MATERIALES Y MÉTODOS 66
3.3. Materiales 66
3.3.1. Lugar de ejecución 66
3.3.2. Material biológico 67
3.3.2.1. Animales 67
3.3.2.2. Muestras biológicas 68
3.3.3. Especímenes y distribución 69
3.3.4. Materiales para las tomas de muestra de sangre y pluma 70
3.3.5. Equipo y Materiales para PCR 70
3.4. Metodología 71
3.4.1. Obtención de muestras de sangre 71
3.4.1.1. Sujeción 71
3.4.1.2. Toma de muestras 72
3.4.2. Procesamiento de las muestras 73
3.4.3. Prueba de PCR 74
3.4.4. Secuenciamiento 76

3.5. Análisis de Datos 78
3.5.1. Análisis de secuencias 78

IV. RESULTADOS 80
4.1. Reacción en cadena de la polimerasa (PCR)..... 80
4.2. Secuenciación. 83
V. DISCUSIÓN 90
VI. CONCLUSIONES 95
VII. RECOMENDACIONES 96
VIII. LITERATURA CITADA 97
IX. APÉNDICES 114

RESUMEN

El cóndor andino (*Vultur gryphus*) es el ave más grande que habita el continente americano, símbolo importante hasta hoy en varios países y diversas culturas. Lamentablemente la población de esta ave, está siendo diezmada por diversos efectos antrópicos, por su lenta tasa de reproducción y recientemente se está dando importancia a la genética poblacional de esta especie. En el presente estudio se colectó sangre de 40 cóndores mantenidos en cautiverio a nivel nacional, procedentes de seis regiones: Cusco (n=12), Apurímac (n=5), Ayacucho (n=4), Puno (n=3), Piura (n=3) y Arequipa (n=2) para determinar los haplotipos mitocondriales presentes en la especie. Para esto, se extrajo el ADN total de muestras sanguíneas de cada ave y se amplificó la región control *D-loop* de 460 pb del ADN mitocondrial. Los productos obtenidos (n=32) fueron secuenciados y analizados mediante programas bioinformáticos. De las 32 muestras, se observaron dos variaciones en un solo nucleótido, en las posiciones 184 (C/T) y 220 (C/T), evidenciando tres haplotipos diferentes en las combinaciones CC (23/32), CT (5/32) y TT (4/32). De los haplotipos hallados, CC con el mayor porcentaje, 71.9% se presentó en todas las regiones muestreadas, mientras que el haplotipo CT estuvo presente en las regiones de Piura (n=1), Cusco (n=1) y Puno (n=1). Finalmente, el haplotipo TT solo se halló en aves pertenecientes a las regiones de Cusco (n=3) y Ayacucho (n=1). La región Cusco fue la única que presentó los tres haplotipos descritos anteriormente. Finalmente, el estudio muestra la baja variabilidad genética de los Cóndores andinos (*Vultur gryphus*) muestreados, los haplotipos hallados tienen un solo nucleótido de variación, correspondiendo a un solo grupo filogenético o haplogrupo. La presente investigación constituye el primer estudio de variabilidad genética del cóndor andino a partir de muestras sanguíneas de 6 regiones del Perú.

Palabras clave: Cóndor andino, *Vultur gryphus*, haplotipos, Perú.

ABSTRACT

The Andean condor (*Vultur gryphus*) is the largest bird that inhabits the American continent, an important symbol to this day in several countries and diverse cultures. Unfortunately, the population of this bird is being decimated by various anthropogenic effects, due to its slow reproduction rate and recently importance is being given to the population genetics of this species. That is why in the present study, blood was collected from 40 condors kept in captivity nationwide, from six regions: Cusco (n=11), Apurímac (n=6), Ayacucho (n=4), Puno (n =3), Piura (n=3) and Arequipa (n=2) to determine the haplotypes present in the species. For this, total DNA was extracted from blood samples from each bird and the extracted DNA was used in a PCR with primers: P4 VgF (Forward) and R1VgR (Reverse) that amplify a conserved gene of 460 bp of mitochondrial DNA. 32 PCR products were sequenced by Sanger and the chromatograms were trimmed and edited with Bioedit and Mega. Of the 32 samples, two single nucleotide variations were observed, at positions 184 (C/T) and 220 (C/T). Evidence of three different haplotypes in the combinations CC (23/32), CT (5/32) and TT (4/32). Of the haplotypes found, CC with the highest percentage, 71.9%, was present in all the sampled regions, while the CT haplotype was present in the regions of Piura (n=1), Cusco (n=1) and Puno (n= 1). Finally, the TT haplotype was only found in birds belonging to the regions of Cusco (n=3) and Ayacucho (n=1). The Cusco region was the only one that presented the three haplotypes described above. Finally, the study shows the low genetic variability of the Andean Condors (*Vultur gryphus*) sampled, the haplotypes found have a single nucleotide of variation, corresponding to a single phylogenetic group or haplogroup. The present research constitutes the first study of genetic variability of the Andean condor based on blood samples from 6 regions of Peru.

Key words: Andean condor, *Vultur gryphus*, haplotypes, Perú.

LISTA DE CUADROS

Cuadros Titulo Pág.

Cuadro 1. Valores hematológicos y bioquímicos, rapaces y buitres mantenidos en cautiverio 35

Cuadro 2. Valores de bioquímica y hematología de diversas aves en cautiverio 36

Cuadro 3. Valores de bioquímica sanguínea en cóndores de vida libre y cautiverio .. 37

Cuadro 4. Valores hematológicos, bioquímicos, morfología y morfometría de cóndores andinos mantenidos en cautiverio 38

Cuadro 5. Valores hematológicos y bioquímicos de cóndores andinos mantenidos en cautiverio ……39

Cuadro 6. Mix utilizado para la gradiente de concentración 75

Cuadro 7. Condiciones de la PCR 76

Cuadro 8. Donde se muestran lugar de colección, procedencia, sexo, edad e identificación de los 40 cóndores muestreados 67

Cuadro 9. Productos de la PCR: Se detallan los 33 productos de PCR, indicando Nº de muestra, identificación y el volumen 83

Cuadro 10. Árbol filogenético mostrando las 32 secuencias obtenidas del cóndor andino 89

LISTA DE FIGURAS

Figuras Título Pág.

Figura 1. Se muestran las 16 especies de buitres del viejo mundo ……18
Figura 2. Se muestra las siete especies de buitres del nuevo mundo …..……20
Figura 3. Ejemplar macho de Cóndor andino, *Vultur gryphus*..……21
Figura 4. Distribución del cóndor andino, *Vultur gryphus*, en Perú 23
Figura 5. Muerte por envenenamiento de 34 cóndores andinos 45
Figura 6. Muerte por envenenamiento de 30 cóndores andinos..... 46
Figura 7. Se muestran las seis regiones de colección de muestras 69
Figura 8. Bandas de amplificación del ADN mitocondrial de la región control o D-Loop del Cóndor andino **(*Vultur gryphus*),** en gel de agarosa al 2%. 74
Figura 9. Gel de agarosa al 2% con las muestras 6 al 14 y 40.….....81
Figura 10. Gel de agarosa al 2% con las muestras 15 al 38. 82
Figura 11. Se muestra la alineación de todas las secuencias (32) con el programa ClustalX ……. 85
Figura 12. Se observan aves por región y sus haplotipos..... 86
Figura 13. Distribución de los haplotipos encontrados en las muestras de Cóndor andino *V gryphus*..... 87
Figura 14. Se muestra las variaciones haplotipicas..... 88

LISTA DE ANEXOS

Toma de muestras en las regiones 118
Toma de muestras en Lima 121
Procesamiento de las muestras, Extracción de ADN 123
Proteinasa K, RNasa 124
Centrifuga, Accublock 125
Procesamiento de las muestras 126
Gel de Agarosa al 2% 127
Preparación del gel de agarosa 128
Colocación de las muestras 130
Procesamiento de las muestras, PCR 131
Colocación de las muestras 132

I. INTRODUCCIÓN

El cóndor andino (*Vultur gryphus*) es un ave imponente que forma parte de la cultura peruana desde tiempos preincas, reverenciada y representada en diversas culturas prehispánicas, cuenta con una distribución a lo largo de la cordillera de los andes, siendo Perú un lugar privilegiado por contar con estas aves tanto, a todo lo largo de nuestra cordillera como también en zonas costeras como Illescas, Paracas, entre otras. Contamos con una población a nivel nacional cercana a 2,500 individuos, pero esta ave que puede alcanzar los 15 kilos y medir 3.30 m de envergadura, está siendo diezmada, y son múltiples los factores que están favoreciendo su disminución en zonas donde habitualmente eran vistas en gran cantidad, como la intoxicación por plomo, envenenamiento deliberado y/o accidental, la pérdida de su habitad y el efecto antrópico que son factores que determinan en muchos casos mortalidades altas de estas aves, que además tienen una reproducción muy lenta, solo una cría cada 2 o 3 años y también su periodo de madurez sexual prolongado, tarda entre 6 a 8 años en llegar a la etapa sexualmente reproductiva. Estos y otros factores se vienen estudiando, asimismo su comportamiento, distribución, capacidad de vuelo entre otros son motivo de estudios en otros países, lamentablemente en Perú son pocos los trabajos que se realizan para conservar esta ave. Dentro de los problemas que afectan a los cóndores están también algunas enfermedades, su nutrición y su genética.

El estudio genético de los animales en general nos permite conocer el estado de una población, conocer si existe variabilidad genética, lo que nos permitiría saber la viabilidad de la especie a lo largo del tiempo; en el caso del cóndor andino la diversidad haplotipica es un tema poco estudiado, son pocos los trabajos a nivel latinoamericano que analizan su variabilidad genética, lamentablemente la mayoría de ellos mencionan que el cóndor andino tiene una baja variabilidad genética, a pesar de su gran distribución y mantener un numero aceptable de individuos. El cóndor andino está considerado en Sudamérica con diferentes grados de amenaza, en Perú se clasifica como Casi amenazado (SERFOR, 2015), se cuenta también con la Ley N°30203, Ley que declara de interés nacional y necesidad pública la protección y conservación del cóndor andino. El análisis genético de esta especie es importante porque nos brindaría la necesaria información para protegerla y conservarla. El estudio de Hendrickson *et al*., 2003 menciona una baja variabilidad para la especie a pesar de su amplia distribución, en su estudio 5 muestras provenientes de museos de Estados Unidos correspondían a cóndores de Perú, cuyo grupo tuvo una baja variabilidad, sin embargo, mencionan también que es necesario un mayor muestreo. Para evaluar la diversidad haplotipica del cóndor andino peruano, se realizó el muestreo a nivel nacional de los cóndores mantenidos en cautiverio, con ello se espera tener un mapa de la ocurrencia y distribución de los haplotipos presentes en estas aves en todas las regiones donde habita, información necesaria para conocer su estado de conservación y generar información con fines de manejo y conservación.

II. REVISIÓN BIBLIOGRÁFICA

2.1 Generalidades

2.1.1 Orden Falconiformes

Las aves del Orden Falconiformes se organizan en cinco Familias diferentes, los llamados buitres del viejo mundo pertenecen a la Familia Accipitridae y denominados buitres del nuevo mundo, los encontramos en la Familia Cathartidae. Los buitres son aves que se alimentan principalmente de animales muertos, son las aves carroñeras más exitosas de la naturaleza y nos ofrecen una amplia gama de servicios ecológicos, económicos y culturales. Los buitres se distribuyen en casi todos los continentes, son la excepción Oceanía y Antártida. Las semejanzas entre los buitres del nuevo y viejo mundo se deben a que están habituados a un mismo habitad o área ecológica, no comparten un antepasado común, esta adaptación se conoce como evolución convergente (Ogada *et al*., 2012; Margalida, 2016; IUCN Bangladesh, 2016; O´Neal, 2016).

Los buitres del viejo mundo se distribuyen en África, Europa y Asia, y son dieciséis especies que descienden de las aves rapaces, pero que en su evolución han perdido la habilidad de cazar. Los buitres del viejo y nuevo mundo tienen comportamientos similares, como orientar sus propias deyecciones sobre sus patas, mecanismo para refrescarse denominado urohidrosis (Brown y Amidon, 1989; Markle, 2007; Rebman, 2012; Vargas *et al*., 2016; O´Neal, 2016).

2.1.2 Familia Cathartidae

Las aves de esta Familia son denominadas como buitres del nuevo mundo, este grupo de buitres está compuesto por siete especies muy similares entre ellas, y agrupadas en cinco géneros. Así tenemos, el cóndor andino (*Vultur gryphus*), el denominado cóndor de California (*Gymnogyps californianus*), el zamuro grande o aura selvática *(Cathartes melambrotus),* el gallinazo o jote cabeza amarilla (*Cathartes burrovianus),* el gallinazo o jote cabeza roja (*Cathartes aura*), el buitre de la selva o real (*Sarcoramphus papa*) y el gallinazo cabeza negra (*Coragyps atratus*) (Markle, 2007; Schulenberg *et al*., 2010; Rebman, 2012; O´Neal, 2016; Johnson *et al.,* 2016; Alarcón *et al*., 2017) (Figura 1).

Las características que comparten estas especies de buitres entre sí, son la ausencia de garras prensiles, presentan narinas sin alguna división interna (lo que permite ver a través del pico de un lado al otro), presentan alas anchas y bastante largas, sus cabezas y mayoría del cuello no tienen plumas, alimentándose principalmente de cadáveres. Si bien presentan similitudes entre los buitres del nuevo y viejo mundo, sus orígenes evolutivos son distintos, así como su comportamiento y características anatómicas de cada especie, por lo que se considera al desarrollo de los buitres como una convergencia evolutiva (del Hoyo *et al*., 1994; Márquez *et al*., 2005; Ogada *et al*., 2012; Ospina, 2013; Margalida, 2016; O´Neal, 2016).

Frecuentemente los buitres denominados del nuevo mundo han sido colocados taxonómicamente en el Orden Falconiformes. Huxley (1876), estableció que estos buitres

eran bastante diferentes a las aves rapaces y observó que, por sus particularidades anatómicas, estos buitres estaban más relacionados con el grupo de las garzas y cigüeñas (Orden Ciconiiformes) con quienes comparten varios caracteres similares, como son el cráneo, la estructura ósea del esqueleto, estructuras musculares similares y el aplicarse sus propias deyecciones sobre las patas (Brown y Amidon 1968).



Figura 1: En la imagen se muestran las 16 especies de buitres del viejo mundo y las 7 especies del nuevo mundo. Tomado de EducaRapaz.com En: https://www.facebook.com/EducaRapaz/photos/pb.100051374665434.-2207520000./598147194025810/?type=3

Existen actualmente estudios e investigaciones sobre la biología molecular de estas aves, el estudio de sus secuencias de ADN, cuyos análisis apuntan a que los denominados buitres del nuevo mundo se encuentran más cercanos y emparentados con las aves del Orden Ciconiiformes, que con las demás aves rapaces conocidas, no obstante, la discusión entre los investigadores continua (Avise *et al.*, 1994; del Hoyo *et al*., 1994; Márquez *et al*., 2005; Ospina 2013; Vargas *et al*., 2016; Ospina *et al*., 2021) (Figura 2).

2.1.3 Género Vultur

Vultur del latín *Vultur*: significa buitre, el cóndor andino considerado como una especie biocultural, por ser una especie clave, tanto ecológicamente como culturalmente, admirado por muchas culturas prehispánicas y recurrente en la cosmovisión Inca y hasta la fecha denominado Kuntur o Mallku, sigue siendo un animal sagrado por muchos pobladores (Ibarra *et al.,* 2012). Son aves enormes, donde los machos adultos son más grandes y fuertes que las hembras. Presentan alas considerablemente largas y bastante anchas. Presentan la cola relativamente larga. Ostentan patas y dedos fuertes, que tienen uñas romas igualmente fuertes. Presentan la cabeza y parte del cuello sin plumas. Solo el macho exhibe una carnosidad o carúncula alargada encima de la cabeza, la cual está presente desde el nacimiento, además ambos, macho y hembra presentan un collar de finas y pequeñas plumas de color blanco en la base del cuello, cuando son adultos. El plumaje de estas aves al llegar a la adultez es negro con zonas o parches alares blancos en ambas alas. El género Vultur es considerado como muy emparentado al género Gymnogyps y se considera al cóndor andino como al ave voladora más grande del mundo (Brown y Amidon 1968; Márquez *et al.* 2005; Ospina, 2013) (Figura 3).

2.1.4 Taxonomía

El Cóndor Andino (*Vultur gryphus)* descrito en 1758, por Linnaeus. Clasificación:

Reino: Animalia
Phylum: Chordata
Clase: Aves
Orden: Falconiformes

Suborden: Cathartiae

Familia: Cathartidae



Figura 2: La imagen muestra las siete especies de buitres del nuevo mundo y un mapa de su distribución. Tomado de EducaRapaz.com en:

https://www.facebook.com/EducaRapaz/photos/pb.100051374665434.-2207520000./814956935678167/?type=3



Figura 3: Ejemplar macho de Cóndor andino *Vultur gryphus*. Zoológico de Tipon Cusco, Perú. Fotografía: P. Ospina S.

2.1.5 Distribución

La especie de cóndores andinos tienen un amplio rango de distribución geográfica, que va a todo lo largo de nuestra Cordillera de los Andes, en sus vertientes occidental y oriental, entre los paralelos 11º N y 55º Sur, comprendiendo desde el norte de Colombia y oeste de Venezuela hasta la Tierra del Fuego en Argentina y Chile, presente también en Bolivia, Ecuador y Perú, observándose a nivel del mar en Perú y Chile. Siendo nuestro país el lugar donde encontramos la mayor proporción de avistamientos de estas aves, principalmente en el cañón del Colca en Arequipa (Peters, 1979; Wallace y Temple, 1987; Sarno *et al.,* 2000; Lambertucci, 2007; Schulenberg *et al.,* 2010; Naveda- Rodríguez *et al.*, 2015; BirdLife International, 2017).

En nuestro territorio se observa a lo largo de la cordillera de los andes, principalmente en las regiones de Ancash, Junín, Lima, Arequipa, Apurímac, Cusco, Ayacucho y Puno, también ha sido observado con menor frecuencia en las regiones de Piura, Lambayeque, Ica y Tacna y a lo largo de toda la costa peruana, realizándose estas observaciones cada vez con menor frecuencia (Schulenberg *et al.,* 2010, More 2010; Stucchi 2012; Piana y Angulo, 2015) (Figura 4).

2.1.6 Población

El estado de la población mundial del *Vultur gryphus* es poco conocida, pero se calcula un registro poblacional de 6,700 individuos adultos, entre machos y hembras en 2´540, 000 km^2 de extensión total, principalmente distribuidos a lo largo de la cordillera de los andes. Sin embargo, las estimaciones de las poblaciones en diferentes países donde reside, son bastante diferentes a la estimación global mencionada, así tenemos:

En Colombia se han estimado menos de 60 individuos, asimismo para Venezuela se estiman menos de 10 individuos, los cuales no serían población residente (Cailly *et al*., 2013; Sharpe 2015).

En Ecuador se tiene entre 94 a 102 aves adultas. Para Bolivia, en el 2005 en las montañas de Apolobamba se identificaron al menos 78 individuos, posteriormente se estimó una población de 253 individuos, principalmente en los andes central y austral del vecino país. Asimismo, en Bolivia se realizó un estudio fotográfico, aprovechando las características únicas individuales del plumaje y piel para reconocerlos, se establecieron 28 áreas de alimentación y se pudieron diferenciar 456 aves de diferentes edades, con las estimaciones realizadas consideran que Bolivia tendría un aproximado de 1,388 +/- 413



Figura 4: Distribución del cóndor andino, *Vultur gryphus*, en Perú. Tomado del plan nacional para la conservación de cóndor andino. SERFOR, 2015.

aves, que sería alrededor del 20% de la población total estimada para el cóndor andino. En Argentina y Chile se albergan las poblaciones más grandes, con más de 3,000 individuos para cada país. Mientras que en Perú se han estimado menos de 2500 individuos (Ríos y Wallace, 2007; Cailly *et al.,* 2013; Méndez *et al.,* 2015; Naveda-Rodríguez *et al.*, 2015; SERFOR, 2015; Naveda-Rodríguez *et al.,* 2016; Méndez *et al.,* 2018).

2.1.7 Comportamiento y características

2.1.7.1 Características físicas

Los Cóndores andinos tienen dimorfismo sexual, siendo los únicos buitres del nuevo mundo que lo presentan, los machos adultos son 30% más grandes que las hembras, solo el macho cuenta con una carnosidad alargada o carúncula de forma similar a una cresta que inicia en la cera hasta aproximadamente el centro de la cabeza, la piel sin plumas es de color rosado a rosado oscuro y su iris es de color marrón claro a amarillento. Las hembras adultas suelen ser más pequeñas y presentan el iris rojo a rojizo. Los machos pueden pesar entre 11 y 15 Kg; mientras que las hembras pueden llegar a pesar entre 8 y 11 Kg. La envergadura de sus alas puede llegar a medir hasta 330 cm; de pie pueden alcanzar una altura desde 100 a 120 cm. El plumaje en ambos sexos es similar, en los juveniles es de un color marrón a marrón oscuro, luego de varias mudas las plumas toman el característico color negro azabache de los adultos con el distintivo collar de finas plumas blancas en el cuello, presenta zonas de parches de un color blanco plateado en las plumas secundarias y terciarias de las alas, que son observables durante el vuelo o cuando se posan en tierra; presentan la cabeza y cuello desnudos, poseen el pico de color marrón a marrón negruzco, hacia el final y la punta es blanco (Bercovitz y Sarver, 1988; Del Hoyo *et al*., 1994; Márquez *et al*., 2005; Schulenberg *et al.,* 2010; Lambertucci *et al*., 2012; Blanco *et al*., 2013; Molina *et al*., 2013; Ospina, 2013; Alarcón *et al.* 2015; Ospina *et al.,* 2021).

Padró *et al.,* en el 2019, realizó una clasificación de edad por la coloración de las plumas, mencionando para adultos las plumas negras con cubiertas blancas, para inmaduros y juveniles hasta 3 años plumas de color marrón y para sub adultos el color gris hasta los 6 años.

Solo se tiene un reporte sobre la variación de la coloración de las plumas de cóndor andino, se observó en un macho adulto un diseño anormal en la pigmentación negro y blanco, muy probable a considerarse leucismo, mientras que normalmente las plumas secundarias, terciarias y coberteras presentan la superficie inferior negra y superior con proporciones de blanco y negro, se observó en este espécimen una proporción de blanco exagerado extendiéndose simétricamente en toda la superficie dorsal de ambas alas y afectando incluso plumas normalmente negras (Pavez, 2008).

Al igual que el cóndor de California, los cóndores andinos efectúan la urohidrosis, que es orientar sus deyecciones sobre sus patas, con ello se ayudan a regular la temperatura corporal (Vargas *et al.;* 2016).

Similar a otros buitres, los cóndores no elaboran nidos, debido a que sus patas son no prensiles. Busca lugares para anidar principalmente en oquedades o cavidades en las paredes altas de piedra o rocosas, donde deposita el único huevo sobre el sustrato del lugar elegido para el nido (Vargas *et al.,* 2016).

El cóndor andino presenta adaptaciones únicas, las cuales incluyen el vuelo alto, visión aguda y niveles extremadamente bajos de pH en su estómago. Fisiológicamente, los buitres tienen bajos niveles de pH en su tracto digestivo (pH 1–2); esto elimina la mayoría de los agentes microscópicos y reduce en gran medida la probabilidad que los buitres actúen como fuentes de infección para otros animales. También tienen un sentido del olfato bien desarrollado que se utiliza para localizar alimentos en áreas forestales donde la vegetación no permite visualizar directamente la comida (Ogada *et al*., 2012).

Las investigaciones se refieren al cóndor andino como un ave que se alienta de carroña, presenta un pico grueso y curvado, bueno para cortar y desgarrar la carne y el cuero, tiene garras no prensiles pero muy fuertes, que utiliza para desplazarse. (Grossman y Hamlet 1964, De Vault *et al.,* 2003, Márquez *et al.,* 2005; Lambertucci, 2007; Gargiulo, 2012; Manzano *et al*., 2017).

2.1.7.2 Actividad y desplazamiento

Se sabe que el aleteo en las aves causa un gran gasto de energía y más aún en aves grandes, un estudio sobre el aleteo en el cóndor andino, considerado el ave voladora más pesada del mundo, dio como resultado que su aleteo representa solo el 1% de todo el tiempo de su vuelo, correspondiente al momento del despegue del suelo y cuando esta por aterrizar cerca al suelo, se estima que estas aves pueden mantener el vuelo aprovechando una amplia escala de condiciones térmicas y de viento (Williams *et al.,* 2020).

Se realizó el seguimiento a un cóndor con un transmisor satelital y se pudo observar que conseguía desplazarse alrededor de 200 km lineales entre dos dormideros (Lambertucci, 2007). En Perú, Wallace y Temple, 1987, estimaron que estas aves podrían llegar a volar 200 km en busca de su alimento (Ospina, 2013). También en Perú, en el 2013 se realizó el seguimiento satelital a dos cóndores liberados y se determinó que en su primera semana luego de su liberación uno de ellos llamado Atahualpa, recorrió 330 km desde la cabecera del rio Rímac hasta la cuenca de Cañete (Salinas, *et al.*, 2018).

Asimismo, al sur de Argentina se pudo registrar vuelos con un promedio de 150 km diarios y en algunos casos superaban los 350 km diarios, cuando regresaban al nido luego de la búsqueda de comida el mismo día (Alarcón *et al*., 2013).

Posteriormente el rastreo satelital reveló que su radio de movimientos, en caso de aves inmaduras es > 290,000 km^2, lo cual es más del doble de los adultos, que tienen un

desplazamiento de 125,000 km^2, según el rastreo satelital realizado en el norte de la Patagonia (Alarcón *et al.,* 2017; Guido *et al.,* 2017; Padró *et al*., 2019).

Asimismo, se menciona en la investigación de Padró *et al.,*2019, que se observó a algunos cóndores cuyo vuelo fue entre 4 a 261 km., en un día.

Los cóndores viven en lugares amplios donde alzan vuelo y pueden planear; utilizan zonas específicas para descansar o dormir conocidos como condoreras o dormideros, por lo general son de difícil ingreso, se encuentran ubicados en altos acantilados, zonas rocosas altas y roquedales a lo largo de la cordillera de los andes. Las zonas donde se eligen los lugares para los nidos, son diferentes a las condoreras, el cóndor andino no construye sus nidos. Como la mayoría de los buitres, los cóndores se alimentan socialmente y se posan comunalmente teniendo una estructura social jerárquica. El aumento de los desplazamientos durante la etapa inmadura, podría deberse al comportamiento de exploración temprana dirigido a desarrollar un sistema cognitivo (Márquez *et al*., 2005; Schulenberg *et al*., 2010; Ospina, 2013; Lambertucci y Ruggiero, 2013; Padró *et al.*, 2019).

2.1.7.3 Comportamiento

Los cóndores andinos suelen ser vistos alimentándose o descansando en grupos, en ocasiones grupos grandes en su medio ambiente. Investigaciones registran alrededor de 30 individuos reposando en una zona en especial (Ozier, 1986).

Una investigación realizada en Perú, por Wallace al norte de Perú, en la región de Piura, en la península de Illescas, informó sobre la observación de 120 individuos; en Bolivia se reporta el avistamiento de por lo menos 78 aves alimentándose (Cuesta, 2000; Ospina, 2013). En Argentina se tienen informes de avistamientos de más de 40 cóndores alimentándose y en una zona de dormideros alrededor de 130 individuos, en la zona de Bariloche (Lambertucci, 2007). Sin embargo, la observación con mayor número de

individuos se reportó al noroeste de la Patagonia Argentina y se estimó en al menos 300 aves, de ellas 100 eran juveniles y 200 adultos (Lambertucci, 2010; Ospina 2013).

Esta ave tiene uno de los períodos de dependencia de los padres más largos posteriores al emplumamiento en aves, puede llegar hasta 1 año con los padres luego del emplume, asimismo tiene un retraso en llegar a la madurez sexual, llegando a madurar sexualmente a los 6 años o 8 años, edad donde puede formar pareja (Del Hoyo *et al.,* 1994; Lambertucci y Mastrantuoni, 2008; Ospina, 2013; Padró *et al.,* 2019).

La influencia de las diferencias ligadas al sexo y edad son manifiestas en sociedades como los cóndores andinos, donde los adultos dominan a los jóvenes y los machos dominan a las hembras debido también al marcado dimorfismo que presentan, su continua presencia en algunos lugares podría ser importante para cóndores, con ello pueden asegurarse recursos altamente importantes como acantilados para nidos o dormideros comunales (Lambertucci y Speziale 2009; Donazar *et al*., 2012; Blanco *et al.,* 2013; Escobar *et al*., 2015).

Los machos desarrollan en la piel de la cara y cuello tonalidades de amarillo a naranja, colores que son más marcados durante la época reproductiva del cortejo y apareamiento, singular coloración que no existe en otros buitres, se conoce que los cóndores tienen altos niveles de carotenos (Donazar *et al*., 2012; Blanco *et al.,* 2013).

Asimismo se realizó un estudio sobre el efecto de la pigmentación facial para establecer jerarquías de dominación, principalmente en la interacción durante la alimentación, el descanso y la cría, observándose la marcada dominación de los machos adultos pigmentados sobre las demás categorías según la edad, siendo las hembras juveniles despigmentadas completamente subordinadas, el trabajo destaca que la pigmentación además de la edad y el sexo, es una particularidad que también se relaciona con el estatus social del ave, haciendo de su sistema social aún más complejo (Marinero *et al.,* 2018).

Estudios de comportamiento registraron que los cóndores adultos no están dispuestos a cambiar sus áreas de reproducción ni la preferencia por algunos hábitats, incluso frente a cambios ambientales drásticos como erupciones volcánicas o cambios en la dieta producidos por la reducción de hallar subsidios marinos en zonas costeras (Alarcón *et al.,* 2015; Lambertucci *et al*., 2018; Padró *et al.,* 2019).

Algunos análisis revelan que los cóndores presentan una congregación de aves adultas estrechamente relacionados sobre relativamente distancias geográficas pequeñas, pero presentan una distribución más dispersa y alejada en aves inmaduras, confirmando una mayor propensión a la dispersión en aves inmaduras en comparación con los adultos, mencionándose también que es un comportamiento común entre especies de aves filopáticas (Padró *et al.,*2019).

Asimismo, en especies con bajas tasas de reproducción como los cóndores andinos (Wallace *et al*., 1983; Wallace y Temple, 1987; Lambertucci y Mastrantuoni, 2008), la teoría de la selección de parentesco predice la dispersión de las aves inmaduras hacia lugares fuera del área de reproducción, esto como una estrategia de adaptación para minimizar el riesgo de interferencia reproductiva con parejas residentes (Jenny *et al*., 2018).

2.1.7.4 Habitad

El cóndor andino habita a todo lo largo de las vertientes oriental y occidental de la cordillera, desde el nivel del mar hasta aproximadamente 5200 msnm. hasta, habitando valles secos interandinos, pastizales de puna, matorrales montanos áridos, matorrales áridos de llanuras costeras y en costas rocosas, prefiriendo áreas relativamente abiertas con poca vegetación (Ospina, 2013; Birdlife International, 2017; Piana y Angulo, 2015).

En Perú, al cóndor andino se le puede observar a lo largo de nuestra cordillera, siendo más común en la vertiente occidental, también lo podemos encontrar a nivel del mar en la costa norte, en la península de Sechura, Piura y en Lambayeque; observado

también en la costa central desde Ica, en la bahía de San Fernando, Paracas y la isla Asia, hasta Tacna. (Wallace *et al.,* 1983; More, 2010; Piana y Angulo, 2015).

2.1.8 Alimentación

Su régimen alimenticio mayoritariamente comprende la ingesta de animales fallecidos en proceso de descomposición, especialmente mamíferos silvestres de gran o mediano tamaño, como son venados, camélidos, tarucas o choiques; con la desaparición o disminución de estas especies silvestres, actualmente tienen predilección por los cuerpos de herbívoros domésticos introducidos, los que representan el 98.5% de su alimentación, lo cual hace que los cóndores puedan verse afectados a cualquier cambio en este tipo de producción ganadera (Grossman y Hamlet, 1964; Lambertucci, 2007; Lambertucci *et al.,* 2009; Ospina, 2013; Duclosa *et al*., 2020).

Si bien estas aves no son cazadoras, se pueden presentar casos donde ocasionalmente llegan a matar algunos animales viejos, enfermos o heridos, como reses, llamas, corderos o recién nacidos, reportándose ataques a terneros recién nacidos no mayores de 4 semanas, ya que son los más vulnerables; también han sido reportados consumiendo cadáveres dejados por depredadores (Rodríguez *et al*., 2006; Elbroch y Wittmer, 2012; Vargas *et al.,* 2017; Manzano *et al*., 2017).

2.1.9 Reproducción

Si bien el cóndor tiene una gran distribución en Sudamérica, presenta una baja variabilidad genética, presentando una tasa de reproducción bastante baja y por ello investigadores opinan que hay indicativos sobre una reducción de su población (Wallace *et al*., 1983; Jácome y Lambertucci, 2000; Hendrickson *et al*., 2003; Lambertucci, 2007; Ospina, 2013).

El cóndor andino es una especie monógama, se han realizado sus primeros estudios de reproducción en aves mantenidas en cautiverio, posteriormente se han realizado observaciones en vida libre, brindando mayor información sobre su periodo reproductivo

y cuidados de los padres. El cortejo en el cóndor es un despliegue artístico, el cual se observa como una danza nupcial, donde extendiendo las alas emite siseos y sonidos guturales, momentos en los cuales el cuello desnudo y parte de la cara del macho puede cambiar de tonalidad, de rosado piel a amarillo claro, esta danza se realiza hasta llegar a la cópula con su única pareja, estas cópulas pueden producirse varias veces al día (Márquez *et al*., 2005; Lambertucci, 2007; Ospina, 2013; Cailly *et al.*; 2014).

El cóndor andino encuentra su nido en acantilados, salientes rocosas o en cavidades en la roca de difícil acceso, sin embargo, se ha podido observar nidos a nivel del suelo; el cóndor sin la habilidad para construir su nido, coloca su único huevo directamente sobre el sustrato del lugar elegido. Ambos padres se alternan en la incubación, pudiendo demorar entre 55-60 días. Luego de la eclosión, ambos cuidan al pichón, que presenta dimorfismo sexual desde el nacimiento, ya que solo el macho presenta desde la eclosión una pequeña cresta que va creciendo con el ave. El polluelo se puede demorar aproximadamente medio año para alzar vuelo. El color negro del plumaje de un cóndor adulto lo puede presentar entre los 6 a 8 años. El vínculo de las aves juveniles hacia los padres puede persistir por varios meses, incluso hasta más allá del año (Márquez *et al.,* 2005; Lambertucci, 2007; Ospina, 2013; Restrepo, *et al*., 2018).

2.1.10 Sanidad

2.1.10.1 Contención física

En el diseño del ambiente para un cóndor andino, se debe contar con un área de trabajo o manejo, un lugar donde sea posible tenerlas apartadas del área de exhibición. Las aves alojadas deben poder alimentarse ahí y acostumbrarse a ingresar diariamente, facilitando con ello, de ser necesario, sean fácilmente capturadas. Para la captura de alguna ave se sugiere utilizar una pequeña área, con ello se reduce el estrés y se disminuyen las posibilidades de ocasionar heridas, tanto para las aves como para sus manejadores. Adicionalmente, para reducir el estrés se podría bajar la intensidad de luz dentro del área de manejo (ACOPAZOA, 2013).

En el caso de las aves rapaces, es necesario sujetar y controlar las garras con cuidado durante cualquier manejo del ave, en el cóndor andino el pico puede constituir un peligro, puede ocasionar lesiones severas a los manejadores. Los cóndores tienen un poderoso pico curvo que fácilmente puede traspasar el traje de trabajo, pudiendo ocasionar cortes o desgarros en la piel de quien haga el manejo. También poseen cuellos gruesos y fuertes, siendo estas características las que le permiten alimentarse de carroña desecada o dura en su medio ambiente. Se debe sujetar su cuello y la cabeza con cuidado y con fuerza, para evitar que se suelten y puedan producir lesiones por algún picotazo (ACOPAZOA, 2013; WCS y SERFOR, 2015).

Para realizar la sujeción del animal, se debe contar con el equipo adecuado para su manejo y minimizar así los riesgos de accidentes tanto para el personal como para el ave. Se requiere guantes de protección, cuyo material suele ser cuero o materiales similares; guantes de látex descartables para evitar cualquier posibilidad de trasmisión de enfermedades; redes o aro enmallado, confeccionados con material resistente y malla con el diámetro adecuado, asimismo el diámetro del aro debe ser adecuado para un cóndor adulto; bolsas o mantas apropiadas considerando la buena ventilación y aireación del ave (WCS y SERFOR, 2015; Cerliz y Ceballos, 2016).

Para realizar la inmovilización de las aves, puede efectuarse mediante la anestesia química o inhalatoria, para ello antes de someter a un ave a una anestesia debe llevarse a cabo una evaluación previa y la revisión de los datos de su historia clínica, para la debida justificación del acto anestésico. La anestesia inhalatoria se realiza mediante la colocación de gas isoflurano, mediante una máscara especial acondicionada, luego se coloca un tubo endotraqueal para mantener las vías aéreas despejadas, esta práctica se efectúa cuando el ave se encuentra muy mal herido o requiera una intervención quirúrgica que tome mucho tiempo (ACOPAZOA, 2013; Cerliz y Ceballos, 2016).

Para la realización de la anestesia química se puede efectuar mediante la aplicación de Ketamina 5mg x KPV, Xilacina 0.2mg x KPV y atropina 0.04mg x KPV. (R. Huamán, Ayacucho, comunicación personal). Una vez contenida el ave se inyecta vía IM. la

dosis según su peso y condiciones sanitarias en que se encuentre, se le cubre los ojos y se realiza el procedimiento programado. Al terminar el procedimiento se traslada al ave a un ambiente para su monitoreo hasta que se recupere de la anestesia, luego de ello y confirmado su total restablecimiento se podrá llevar a su ambiente original, para finalmente realizar una última observación del ave (Cerliz y Ceballos, 2016).

2.1.10.2 Enfermedades

Recientemente durante un estudio de vigilancia microbiológica y genómica de patógenos resistentes a antibióticos, se identificaron linajes pandémicos de *Escherichia coli* productoras de β-lactamasas de espectro extendido (BLEE) resistentes a múltiples fármacos en hisopados cloacales de cóndores andinos llevados a centros de rescate en Chile. Estos resultados destacan que los cóndores andinos han sido colonizados por patógenos de importancia, convirtiéndose en potenciales reservorios ambientales y/o vectores para la diseminación de bacterias virulentas y resistentes a los antibióticos en los ecosistemas relacionados y en general a la vida silvestre (Fuentes-Castillo *et al*., 2020).

Un estudio en Corea del Sur ha hallado bacterias, que representan dos nuevas especies del género *Brachybacterium,* denominadas *Brachybacterium vulturis* y *Brachybacterium avium*, basado en los resultados de los análisis fenotípicos y genotípicos, bacterias aisladas de una muestra fecal de un cóndor andino (*Vultur gryphus*) en el Gran Parque de Seúl, Gyeonggi-do, Corea del Sur (Tak *et al.,* 2018).

En el 2003 se realizó la caracterización de un virus de la viruela aviar aislado de un cóndor andino joven de 3 meses, aparentemente normal y que fue encontrado muerto en su recinto en el Zoológico de San Diego, California, Estados Unidos. Se realizó la necropsia sin encontrar lesiones en la piel del ave. Sin embargo, la cavidad oral, el esófago y el buche tenían placas amarillas multifocales que sugerían varicela diftérica. La mayoría de los órganos internos, incluidos el corazón, los pulmones, el hígado, el riñón, el intestino delgado, el páncreas y el bazo, tenían uno o varios nódulos blancos

blandos. La histopatología y microscopía electrónica confirmaron una infección sistémica por el virus de la viruela aviar (Kim *et al.,* 2003).

2.1.10.3 Valores hematológicos y bioquímicos

El debido conocimiento de los valores hematológicos y bioquímicos de esta especie son de gran importancia para conocer el estado fisiológico y de salud, siendo de mucha ayuda para los casos de rehabilitación y tratamiento de estas aves, la información que se obtiene es valiosa porque son aves de las cuales se tiene poca referencia y son muy difíciles de atrapar en vida libre.

Se tiene información de los valores hematológicos y bioquímicos desde 1976, Balasch y colaboradores reportan entre otras especies de aves, los valores de dos cóndores andinos mantenidos en cautiverio (Cuadro 1).

Gee y colaboradores en 1981, realizaron un trabajo sobre bioquímica y hematología con diversas aves, entre ellas 9 cóndores andinos mantenidos en cautiverio (Cuadro 2). Toro *et al*, en 1997 realizaron un estudio sobre bioquímica sanguínea y algunos patógenos aviares en 20 cóndores capturados de vida libre y 12 cóndores provenientes de cautiverio, trabajo realizado en Chile (Cuadro 3). En Bolivia, Ruiz y colaboradores en el 2016 evaluaron 9 cóndores mantenidos en cautiverio en un zoológico, todos clínicamente sanos, realizando además de la hematología y bioquímica, la morfología y morfometría celular de sus eritrocitos (Cuadro 4). Información más reciente tenemos de Doussang *et al*, 2018, trabajo realizado en 22 cóndores andinos que estuvieron en cautiverio en un centro de rehabilitación (Cuadro 5).

Cuadro 1.

Valores hematológicos y bioquímicos de rapaces y buitres mantenidos en cautiverio. Fuente: Balasch J. Musqueba S. Palacios L. Jimenez M. Palomeque J. 1976. Comparative hematology of some falconiforms. The Condor 78:258-273, 1976

Species	Sed. rate (mm) 1 hr	Sed. rate (mm) 2 hr	HC	Hb (g/100 ml)	Erythr. (×10)	MVC (μ^3)	MCH ($\gamma\gamma$/cell)	MCHC (%)
Buteo buteo	2.0[a] ±0.5	4.4 ±1.9	34.7 ±4.6	10.75 ±1.87	2.43 ±0.68	147.86 ±28.70	45.28 ±6.54	30.88 ±1.77
Milvus migrans	1.3 ±0.3	3.4 ±0.5	36.2 ±1.5	10.74 ±0.41	2.39 ±0.04	151.09 ± 4.78	44.87 ±1.22	29.73 ±1.57
Aquila chrysaetos	1.75 ±0.3	2.85 ±0.5	40.0 ±0.0	12.02 ±0.81	2.51 ±0.09	159.78 ± 5.86	47.98 ±1.48	30.06 ±2.03
Aquila heliaca	2.0	2.5	36.0	13.13	2.54	141.73	51.69	36.47
Stephanoetus coronatus	2.0	6.0	38.5	12.44	2.18	176.61	57.06	32.31
Gyps fulvus	1.25 ±0.6	2.9 ±1.7	45.25 ±5.0	13.99 ±1.92	2.90 ±0.36	163.17 ± 6.42	50.50 ±6.87	30.89 ±1.76
Vultur gryphus	1.5 ±1.4	2.5 ±2.1	43.7 ±6.7	13.35t ±0.94	2.31 ±0.45	190.19 ± 8.8	58.54 ±7.4	30.72 ±2.57
Sarcorhamphus papa	0.9 ±0.7	2.1 ±1.3	42.7 ±4.7	14.4 ±2.8	2.60 ±0.22	165.8 ±14.9	56.4 ±9.0	33.9 ±3.2

[a] Mean ± S.D.

Species	Glucose	Total glucides	Protein	Urea
Buteo buteo	322.6 ± 62.0[a]	354.3 ± 110.7	2963.1 ± 798.0	7.0 ± 0
Milvus migrans	215.7 ± 47.2	182.1 ± 36.3	2684.7 ± 684.1	11.2 ± 1.8
Aquila chrysaetos	254.0 ± 12.7	262.5 ± 41.7	1825.3 ± 224.6	14.0 ± 2.5
Aquila heliaca	180.0	276.9	2407.4	11.5
Stephanoetus coronatus	360.0	323.1	3518.0	10.6
Gyps fulvus	209.3 ± 24.2	210.0 ± 50.4	2963.0 ± 608.6	14.9 ± 1.6
Vultur gryphus	219.1 ± 43.7	165.4 ± 27.8	2972.9 ± 785.7	13.8 ± 0.8
Sarcorhamphus papa	223.0 ± 51.2	175.6 ± 47.9	4279.5 ± 448.0	11.6 ± 3.1

[a] Mean ± S.D.

	Fraction no. and possible identification						
Species	1 pre-alb.	2 alb.	3 α_1	4 α_2	5 α_3	6 β	7 γ
Buteo buteo	10.0[a] ±2.7	35.6 ±0.4	6.8 ±0.4	12.8 ±3.7		19.3 ±15.4	15.0 ± 9.5
Milvus migrans	14.5 ±2.8	33.5 ±0.4	13.3 ±2.2	6.5 ±1.1		19.2 ± 1.6	12.8 ± 1.6
Aquila chrysaetos	22.2 ±2.7	30.0 ±2.0	16.2 ±1.2	4.5 ±0.0		19.0 ± 2.5	8.0 ± 1.0
Aquila heliaca	20.5	23.0	5.5	14.0	4.0	17.0	16.0
Stephanoetus coronatus	11.5	36.5	14.0	5.0		22.0	11.0
Gyps fulvus	7.2 ±0.9	30.6 ±3.2	12.2 ±2.8	7.1 ±1.2		29.5 ± 6.8	13.8 ± 2.3
Vultur gryphus	2.0 ±2.0	38.7 ±8.7	5.0 ±3.0	15.0 ±0.7		19.2 ± 2.7	19.7 ±10.2
Sarcorhamphus papa	11.4 ±5.5	30.5 ±3.7	24.6 ±3.4			19.9 ± 3.8	13.6 ± 3.5

[a] Mean (in %) ± S.D.

Cuadro 2. Valores de Hematología (A) y de Bioquímica (B) de diversas aves en cautiverio, entre ellas 9 cóndores andinos mantenidos en cautiverio. Tomado de: Gee. G. Carpenter J. Hensler. G. 1981. Species Differences in Hematological Values of Captive Cranes, Geese, Raptors, and Quail. The Journal of Wildlife Management, Vol. 45, No. 2 (Apr., 1981), pp. 463-483 Wiley on behalf of the Wildlife Society.

CUADRO 2

A

Species	Packed cell volume, % N	x̄*	SD	Range	Red blood cell, 10⁶/mm³ N	x̄*	SD	Range	Mean corpuscular hemoglobin concentration, % N	x̄*	SD	Range	Mean corpuscular hemoglobin, ug N	x̄*	SD	Range
Gruiformes																
Whooping crane	15	42BCD	3	38–48	15	2.2A	0.2	1.8–2.6	15	33.9AB	2.4	30.2–37.9	15	67B	7	55–85
Mississippi sandhill crane	14	44CD	3	40–49	8	2.5ABCD	0.2	2.4–2.8	10	31.3AB	4.7	25.9–39.2	8	53A	6	45–63
Greater sandhill crane	20	41BC	3	37–48	18	2.6ABCD	0.3	2.1–3.3	17	35.8B	3.9	25.1–46.8	18	57AB	16	32–73
Florida sandhill crane	22	44CD	3	40–49	18	2.4AB	0.2	1.9–2.8	22	28.5A	2.9	22.5–31.9	18	53A	7	39–67
Anseriformes																
Aleutian Canada goose	27	42BCD	3	34–48	27	2.6BCD	0.4	2.0–3.6	22	31.4AB	4.8	23.1–38.3	23	49A	8	34–62
Tule white-fronted goose	11	43CD	2	40–46	11	2.9CD	0.2	2.4–3.3	10	35.0B	1.1	32.6–36.4	10	52[b]	5	44–61
Nene goose	17	46D	2	42–51	17	2.6ABCD	0.2	2.3–3.0	17	33.8AB	2.4	29.8–38.2	17	60[b]	5	52–70
Embden goose	39	38AB	3	30–50	35	2.6ABCD	0.3	2.0–3.3	20	30.6AB	5.1	25.0–46.1	20	46[b]	9	32–69
Falconiformes																
Peregrine falcon	9	42BCD	4	35–48	10	3.1D	0.4	2.3–3.8	9	34.1AB	0.6	33.3–35.1	9	46A	6	38–57
South American snail kite	10	42BCD	4	35–47	10	2.8BCD	0.4	2.5–3.7	10	33.4AB	0.9	31.6–34.6	10	50A	5	40–59
Andean condor	9	42BCD	3	39–48	9	2.4ABC	0.2	2.1–2.6	9	32.2AB	2.2	28.1–36.7	9	57AB	5	52–68
Galliformes																
Masked bobwhite	20	35A	4	25–42	18	2.6ABCD	0.3	1.2–3.0	13	30.1[b]	4.3	20.5–34.2	15	41[b]	6	28–48

[a] Within the column, means not followed by the same letter are different ($P < 0.05$) from each other.
[b] Values differed between males and females, but the difference is not shown in this analysis of variance.

CUADRO 2

B

Proteins in blood serum of captive birds, values for males and females combined.

Species	Total protein, g/dl[a] N	x̄[b]	SD	Range	Albumin, g/dl[a] N	x̄[b]	SD	Range	Albumin/globulin N	x̄[b]	SD	Range	Globulin, g/dl[a] N	x̄[b]	SD	Range
Gruiformes																
Whooping crane	16	3.8	0.4	3.1–4.4	16	1.5ABC	0.1	1.2–1.7	16	0.65AB	0.06	0.57–0.76	16	2.3AB	0.2	1.8–2.8
Mississippi sandhill crane	8	3.9	0.3	3.4–4.4	8	1.4ABC	0.1	1.3–1.5	8	0.57AB	0.05	0.47–0.62	8	2.5AB	0.3	2.1–3.0
Greater sandhill crane	20	3.9	1.1	2.9–7.9	20	1.6ABC	0.7	1.0–4.5	20	0.69AB	0.19	0.52–1.32	20	2.3AB	0.4	1.8–3.4
Florida sandhill crane	17	3.9	0.4	3.4–4.7	18	1.4AB	0.2	1.0–1.7	18	0.56A	0.08	0.38–0.71	18	2.4AB	0.3	1.8–3.1
Anseriformes																
Aleutian Canada goose	20	4.8	0.7	3.7–7.2	20	2.0C	0.2	1.7–2.3	20	0.76B	0.13	0.47–0.96	20	2.8B	0.6	2.0–4.9
Tule white-fronted goose	10	4.4	0.4	3.8–5.1	10	1.7ABC	0.2	1.4–2.0	10	0.64AB	0.08	0.55–0.80	10	2.7B	0.3	2.4–3.3
Nene goose	17	4.4	0.7	2.9–5.8	17	1.8BC	0.3	1.2–2.3	17	0.71AB	0.09	0.57–0.90	17	2.6B	0.5	1.7–3.7
Embden goose	25	4.4	1.0	3.4–7.3	25	1.7BC	0.6	1.3–4.3								
Falconiformes																
Peregrine falcon	5	3.3	0.5	2.7–4.1	5	0.9A	0.1	0.8–1.0								
South American snail kite	2	3.7[c]	0.1	3.6–3.8	2	1.6[c]	0.2	1.5–1.8	2	0.82[c]	0.25	0.65–1.00	2	2.0[c]	0.4	1.8–2.3
Andean condor	8	3.7	0.2	3.5–4.2	9	1.3AB	0.2	1.0–1.5	9	0.56A	0.10	0.44–0.71	9	2.3AB	0.2	2.0–2.7
Galliformes																
Masked bobwhite	10	3.8	0.2	3.5–4.0	10	2.0BC	0.2	1.8–2.2	10	1.12C	0.11	1.00–1.29	10	1.8A	0.1	1.7–1.9

[a] Grams/100 ml.
[b] Within the column, means not followed by the same letter are different ($P < 0.05$) from each other.
[c] Not included in multiple-comparison analysis due to small sample size.

Cuadro 3. Valores de bioquímica sanguínea en cóndores de vida libre y cautiverio. Tomado de: Toro H., Pavez E., Gough R., Montes G. Kaleta. E. 1997. Serum chemistry and antibody status to some avian pathogens of free-living and captive condors (*Vultur gryphus*) of central Chile, Avian Pathology, 26:2, 339-345, DOI: 10.1080/03079459708419216

Cuadro 3

Parameter	Type	*n*	$X \pm$ s.d.[A]	D[B]	CV[C]	Md[D]	Range	
							Min	Max
Protein	C	12	4.3 ± 1.0	a	23.3	4.4	2.6	6.2
(g/dl)	F	19	3.5 ± 0.81	b	23.2	3.6	1.2	4.8
Albumin	C	12	1.2 ± 0.28	a	23.3	1.3	0.6	1.6
(g/dl)	F	19	1.0 ± 0.24	b	24.0	1.0	0.3	1.4
Globulin	C	12	3.1 ± 0.82	a	26.4	3.2	1.8	4.7
(g/dl)	F	19	2.4 ± 0.66	b	27.5	2.6	0.7	3.5
AP	C	12	277.5 ± 107.5	a	38.7	290.5	121	414
(UI/l)	F	19	227.9 ± 74.5	a	32.7	213	100	407
CK	C	12	143 ± 48.5	a	33.9	141	77	242
(UI/l)	F	17	160.8 ± 145.3	a	90.3	119	33	622
AST	C	12	13 ± 3.98	a	30.6	13	6	19
(UI/l)	F	14	12.6 ± 5.03	a	39.9	12	7	27
Ca	C	12	8.3 ± 1.68	a	20.2	8.25	5.7	11
(mg/dl)	F	19	8.3 ± 1.19	a	14.3	8.4	6.0	10
P	C	12	4.1 ± 1.45	a	35.4	3.75	2.5	7.6
(mg/dl)	F	19	3.8 ± 1.11	a	28.9	3.8	2.1	5.6
Mg	C	12	2.0 ± 0.47	a	23.0	2.09	1.3	2.7
(mg/dl)	F	19	1.5 ± 0.37	b	24.7	1.49	1.0	2.2

[A] Mean of values ± standard deviation.
[B] Different letters indicate significant differences ($P \leq 0.05$) according to a Scheffé's test.
[C] Coefficient of variation expressed as percentage.
[D] Median value.

Cuadro 4. Valores hematológicos(A), bioquímicos(B), morfometría y morfología(C) de cóndores andinos mantenidos en cautiverio. Tomado de: Ruiz G., Torrez C., Fernández M., Choque F., Morales A., Ledezma G., Ávila J. 2016. Valores hematológicos, química sérica y descripción de células sanguíneas del cóndor andino (*Vultur gryphus*) cautivos en el Zoológico Vesty Pakos, de La Paz, Bolivia. REVISTA CON-CIENCIA N°1/VOL. 4 (2016) 35-48

A

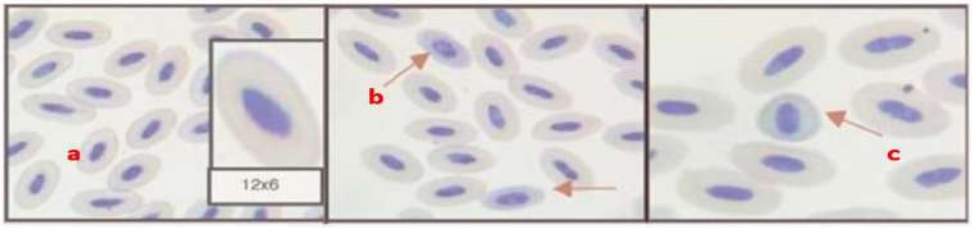
Cuadro 4

Parámetros Hematológicos	Unidades	Media ±DE*	CV**	Rangos Mínimas	Rangos Máximas
Eritrocitos	Mill./mm³	1,93± 0,42	21,86%	1	2,6
Hematocrito	%	46,9± 2,62	5,59%	41	51
Hemoglobina	g/dL	18,83 ±1,57	8,38%	14,96	22,3
Volumen corpuscular medio	fl.	254,33±53,90	21,19%	182,51	389,47
Hemoglobina Corpuscular media	pg.	109,76±26,63	24,26%	77,32	171,54
Concentración de Hemoglobina Corpuscular media	g/dL	40,22±3,4	8,47%	31,41	48,9
Reticulocitos	%	1,06±0,7	65,98%	0,69	2,54
Células inmaduras	%	2,12±0,75	35,69%	1,08	3,52
Plaquetas	Mil/mm³	64.815±15.38	23,73%	36.000	98.000
Velocidad de Eritrosedimentación	mm/1 h	5,15±1.06	20,7%	3	6

*DS (Desviación Estándar) **CV (Coeficiente de Variación)

B

Cuadro 4



a. Eritrocitos b. Eritrocitos policromatofilicos c. Reticulocitos

C

Cuadro 4

Parámetros Hematológicos	Unidades	Media ±DE*	CV**	Rangos Mínimas	Rangos Máximas
Glóbulos Blancos	mm3	6.240±1,43	22,25%	4.000	9.900
Heterófilos	%	51,15±11,11	21,73%	34	69
Linfocitos	%	44,82±12,35	27,56%	24	66
Monocitos	%	2,45±1,83	74,9	0	6
Eosinófilos	%	0,56±0,23	-	0	1
Basófilos	%	0,17±0,44	-	0	2

*DE (Desviación Estándar) **CV (Coeficiente de Variación)

Eosinófilos	%	0,56±0,23	-	0	1
Basófilos	%	0,17±0,44	-	0	2

*DE (Desviación Estándar) **CV (Coeficiente de Variación)

Cuadro 5. Valores hematológicos(A) y bioquímicos(B) de cóndores andinos mantenidos en cautiverio. Tomado de: Doussang D., Palma C., Moreno L., Zambrano B., Pavez E., Cerda F., Gonzalez-Acuña D. 2018. Hematological and biochemical parameters of captive Andean condors. The Raptor Research Foundation, Inc. J. Raptor Res. 52(1):72–81

A

Cuadro 5

Analyte	Sex	Mean	SD	Minimum	Maximum
PCV[a] (%)	Male	47.3	2.9	41.0	49.0
	Female	46.6	2.9	41.0	51.0
TPS[b] (g/L)	Male	46.0	2.8	42.0	50.0
	Female	45.6	4.8	38.0	50.0
WBC[c] ($\times 10^9$/L)	Male	7.0	2.4	3.1	10.4
	Female	7.0	1.4	5.2	9.8
Heterophil ($\times 10^9$/L)	Male	5.6	1.7	2.7	7.8
	Female	5.9	1.1	4.5	7.5
Lymphocytes ($\times 10^9$/L)	Male	0.6	0.5	0.1	1.5
	Female	0.5	0.4	0.1	1.2
Monocyte ($\times 10^9$/L)	Male	0.7	0.3	0.2	1.0
	Female	0.5	0.3	0.2	1.0
Eosinophils ($\times 10^9$/L)	Male	0.0	0.0	0.0	0.1
	Female	0.0	0.0	0.0	0.1
Basophils ($\times 10^9$/L)	Male	0.1	0.1	0.0	0.3
	Female	0.1	0.1	0.0	0.1

[a] PCV = packed cell volume.
[b] TPS = total plasma solids.
[c] WBC = white blood cell count.

B

Cuadro 5

Analyte	Mean	SD	Minimum	Maximum
PCV[a] (%)	46.2	4.1	42.0	51.0
TPS[b] (g/L)	44.0	4.0	38.0	48.0
WBC[c] ($\times 10^9$/L)	8.9	1.4	6.6	10.1
Heterophil ($\times 10^9$/L)	ND	1.1	5.6	8.0
Lymphocytes ($\times 10^9$/L)	0.6	0.2	0.1	1.6
Monocyte ($\times 10^9$/L)	0.9	0.3	0.5	1.2
Eosinophils ($\times 10^9$/L)	0.0	0.0	0.0	0.1
Basophils ($\times 10^9$/L)	0.0	0.1	0.0	0.2

[a] PCV = packed cell volume.
[b] TPS = total plasma solids.
[c] WBC = white blood cell count.

2.1.11 Situación actual e importancia

2.1.11.1 Normativa Internacional

Actualmente, 14 de las 23 especies, el 61% de buitres en todo el mundo están en peligro de extinción y las disminuciones más rápidas se han producido en las regiones con altas poblaciones de buitres de Asia y África. (Ogada *et al.,* 2012). El estado de conservación del cóndor andino es complejo en la mayoría de lugares donde está distribuida en América del Sur, múltiples factores que perturban a esta ave, la han llevado a clasificarse en varios estados de amenaza, en algunos países su estado de conservación es crítico, hallándose en el Apéndice I del Convenio Internacional sobre el Tráfico de Especies Silvestres (CITES 2019). Para la Unión Internacional para la Conservación de la Naturaleza (IUCN) esta ave es considerada como Casi Amenazada (BirdLife, 2017; Ospina, 2013; Narváez *et al*., 2017).

Países como Argentina, donde inicialmente la población de estas aves era considerada como especie con datos insuficientes, actualmente junto a Chile esta especie se considera en situación Vulnerable. Ambos países poseen un mejor estado de conservación para el cóndor andino, con una población que superaría las 3,000 aves en sus territorios (Hendrickson *et al*., 2003; Lambertucci, 2007; Cailly *et al.,* 2013; Narváez *et al*., 2017).

En Ecuador, con una población estimada de entre 94 a 102 aves silvestres (Naveda-Rodríguez *et al.,* 2016) el cóndor se encuentra en Peligro Crítico de Extinción (CR) (Narváez *et al.,* 2017).

En Colombia se encuentra categorizada como en Peligro de Extinción (EN); en Venezuela estaba considerada extinta desde 1912, hasta que fue nuevamente observada en 1976, sin reportes en la actualidad, su población está probablemente extinta en vida silvestre, pero está declarada como Especie en Peligro de Extinción (Sharpe, 2015; Narváez *et al.,* 2017)

Bolivia no cuenta con datos para todo el país, pero Méndez y colaboradores en el 2015, valoraron una población de al menos de 253 cóndores libres en los andes australes y centrales de mencionado país (Narváez *et al.,* 2017).

2.1.11.2 Normativa Nacional

El cóndor andino es catalogado como "Casi Amenazado" (NT) a nivel mundial (BirdLife International, 2017). En el Perú se encuentra clasificada como Casi Amenazado (NT) con un número poblacional menor a 2500 individuos (SERFOR, 2015). Se cuenta con la "Ley N° 30203, Ley que declara de interés nacional y necesidad pública la protección y conservación del cóndor andino" (El Peruano, 2014a). Se tiene el "Decreto Supremo Nº 004-2014-MINAGRI, que aprueba la actualización de la lista de clasificación y categorización de las especies amenazadas de fauna silvestre legalmente protegidas" (El Peruano, 2014b). Y se tiene Plan Nacional para la Conservación del Cóndor Andino (*Vultur gryphus*) Periodo 2015-2025 (SERFOR, 2015). Asimismo, se ha puesto en ejecución el Proyecto de Inversión Pública denominado "Mejoramiento del servicio de recuperación del cóndor andino (*Vultur gryphus*) en el Perú" durante el periodo 2021-2023, proyecto liderado por SERFOR (El Peruano, 2021).

2.1.11.3 Situación en América Latina

A lo largo de su extensa área geográfica esta ave ha sido salvaguardada y venerada en muchas culturas y pueblos indígenas, siendo representada inclusive en petroglifos (Bornancini, 2013), en mucha y variada cerámica y en diferentes textiles de diversas culturas (Gordillo, 2000). Para estas culturas, el cóndor está asociado con los espíritus de sus antepasados, quienes cuidan y resguardan a sus familiares descendientes (Gordillo, 2002). En el presente, el cóndor sigue estando en innumerables representaciones sociales y culturales, a través de varios rituales, ceremonias, danzas y todo tipo de expresiones artísticas. Países como Bolivia, Chile, Colombia y Ecuador lo representan como

distintivo de poder y salud, siendo una especie emblemática llegando a ser considerada como ave nacional (McGahan, 1972; Snyder y Snyder, 2000; Gargiulo, 2012; Ibarra *et al*., 2012; Simón, 2016).

No obstante, a pesar de la "importancia biocultural", denominada así por Ibarra y colaboradores (2012), esta ave afronta numerosas amenazas realizadas por los humanos, como son la caza furtiva, esto por la infundada creencia de ser ave depredadora (McGahan, 1971; Chebez y Nigro, 2010; Cailly *et al.,* 2017; Restrepo *et al.,* 2019; Ospina *et al.,* 2021); también la disminución de su alimento natural, por el declive de la población de vertebrados silvestres nativos, como es el guanaco (*Lama guanicoe*), el Suri o Choique (*Rhea pennata*), entre otras especies que servían de sustento natural al cóndor (Cuesta, 2000).

Una seria amenaza es la exposición a pesticidas, de forma accidental o deliberada son una fuente cada vez mayor de afectación a los buitres, los plaguicidas más utilizados y que se asocian a intoxicaciones intencionales son los carbamatos y los compuestos organofosforados (Plaza *et al.,* 2019).

Tenemos amenazas vinculadas con la disminución de su hábitat natural y/o expansión urbana en zonas naturales y por fiestas culturales como el Yawar fiesta (Vidales, 1997; Ospina, 2013; Piana, 2014; Pavez, 2020).

La información sobre el número de individuos en su ambiente natural, como también su estructura social, son elementos esenciales para realizar las medidas más adecuadas y la elaboración de propuestas para su conservación, sobre todo en zonas de conservación o áreas protegidas (Cailly *et al.,* 2013).

Durante el censo nacional realizado en Ecuador en el 2015, se observaron 93 individuos, y la estimación poblacional fue de entre 94 a 102 animales (Naveda-Rodríguez *et al.,* 2015).

En el 2017, del 27 al 29 de septiembre se realizó un censo sobre el cóndor andino en Ecuador, se observaron 87 zonas donde habita el ave, distribuidas en seis provincias del sur del mencionado país, dando como resultado la observación de 28 individuos, de los cuales nueve aves no se habían registrados anteriormente durante el censo nacional realizado el 2015, significando un incremento positivo en los datos de cóndores para Ecuador y para nuestra región. (Narváez *et al*., 2017).

Se ha realizado en nuestro país entre el 12 y 14 de agosto de 2022 el primer censo nacional del cóndor andino, realizado en 16 regiones donde se encuentra distribuida esta especie, obteniendo un total de 301 individuos observados, siendo Ayacucho con 77 aves observadas, la región con más avistamientos, seguida de Arequipa con 62 aves, Apurímac con 36, Lima con 28, entre otras ciudades (El Peruano, 2022).

2.1.11.3.1 Amenazas

2.1.11.3.1.1 Yawar fiesta

El Yawar fiesta o fiesta de la sangre es una festividad costumbrista realizada por comunidades de los andes peruanos, es considerada una tradición que se realiza desde la colonia en diferentes poblados de nuestra sierra central, principalmente en la región de Apurímac, donde se captura un cóndor de vida silvestre para ser amarrado con sogas a la espalda del toro frente a un ruedo de espectadores, luego de este ritual el cóndor es desatado y transportado para su liberación en las montañas (Vidales, 1997; Ibarra *et al.,* 2012; Stucchi, 2013; Ospina, 2013; Piana, 2014; Mendoza y Murillo, 2014).

Considerado como un ritual, en representación de la lucha indígena frente al opresor español, el cóndor representaría a los campesinos y el vacuno representaría la tiranía del gamonalismo (forma de dominación ejercido durante la colonia en el siglo XIX), en la festividad el toro debe fallecer por los picotazos y las heridas ocasionadas por sus uñas, asimismo por la pólvora que lanzan las personas del pueblo. Caso contrario, si se lesiona

el cóndor, esto representaría malos augurios para la comunidad (Mendoza y Murillo, 2014; Manzano *et al*., 2017).

Si bien posteriormente los cóndores son liberados, es innegable que durante su cautiverio las aves son sometidas a un fuerte estrés, debido al manejo durante su captura, al transporte y al maltrato sufrido durante la festividad. Todo ello les afecta debilitando su estado físico, poniendo en riesgo su posterior sobrevivencia. Se estima que algunas aves mueren durante este largo proceso y se desconoce el porcentaje de individuos que logran sobrevivir después de su liberación (Mendoza y Murillo, 2014).

2.1.11.3.1.2 Caza furtiva

De acuerdo a distintos autores el motivo principal para la caza furtiva del cóndor andino es la idea errónea que muchos pobladores tienen sobre esta ave, considerándola falsamente como un ave predadora y una amenaza, que ataca y mata al ganado doméstico principalmente. Esta equivocada apreciación está relacionada con el movimiento del cóndor andino sobre sus áreas naturales de alimentación y que hoy se superponen con áreas de producción de ganado (Márquez *et al*., 2005; Cailly *et al.,* 2017; Narváez *et al*., 2017; Manzano *et al*., 2017; Ballejo *et al.,* 2020).

2.1.11.3.1.3 Envenenamiento

El envenenamiento y/o la caza figuran como las mayores causas del declive de poblaciones de buitres. Podríamos definir envenenamiento involuntario como al asesinato o daño involuntario de buitres a través del consumo de cadáveres o restos contaminados. La caza se refiere a la matanza intencional o la perturbación de los buitres a través de acciones como disparos o acoso, asimismo se puede incluir el envenenamiento deliberado, que es la colocación de alimento contaminado para eliminar ejemplares de estas aves. Los buitres son muy longevos y se consideran en un alto nivel trófico, lo que aumenta su vulnerabilidad debido a la bioacumulación. La bioacumulación puede tener efectos subletales sobre el éxito reproductivo, el comportamiento, respuesta inmune y

fisiología (Ogada *et al.,* 2012; Yadav *et al*., 2018; Plaza *et al*., 2019; Perrig *et al.,* 2019; Estrada *et al*., 2020).

Se menciona para nuestro medio diversas formas de envenenamiento accidental y/o deliberado, como son los envenenamientos con carnadas para la eliminación directa del cóndor andino o también para la eliminación de predadores (Figura 5 y 6). El envenenamiento indirecto por plomo, por ejemplo, se realiza por la ingesta de carroña contaminada con proyectiles de plomo. El envenenamiento directo por plomo sucede como resultado de los disparos intencionales que no les provocan lesiones mortales. El envenenamiento por acumulación de químicos se produce por la ingesta continua de carroña contaminada con variados químicos dañinos, como pesticidas y similares. También observamos el envenenamiento por alimentarse con carroña que contiene fármacos tóxicos para la especie. (Narváez *et al.,* 2017; Wiemeyer *et al.*, 2016; Perrig *et al.,* 2019; Estrada *et al*., 2020).



Figura 5. Muerte por envenenamiento de 34 cóndores andinos, además de un puma. Provincia de Mendoza - Argentina. 2018.
Fuente: https://sputniknews.lat/20210417/sos-condor-envenenados-por-humanos-y-cerca-de-la- extincion-en-america-del-sur-1111278527.html



Figura 6. Muerte por envenenamiento de 30 cóndores en el Municipio de Tarija-Bolivia. 2021. Fuente: https://nuestroclima.com/se-investigara-la-muerte-de-30- cóndores-en-Bolivia/

2.1.11.3.1.4 Chamanismo

En muchos pueblos andinos el cóndor está asociado a la curación de enfermedades, considerando que la sangre tiene propiedades curativas, incluso el corazón, los pulmones y las plumas, obtenidas a través de un rito guiado por un chamán o brujo; por ejemplo, el corazón seco y en polvo, en Colombia es usado para tratar la epilepsia, anemia o debilidad general. La sangre y pulmones son usados para tratar la tuberculosis, la gastritis y cáncer de mamas. El cebo para disolver tumores, para las parálisis y entumecimientos. Los huesos de la cabeza y cerebro para los desvanecimientos. Los ojos asados para enfermedades de la vista. Las plumas son llevadas para resistir enfermedades, proteger la casa y alejar los malos espíritus. En los andes del norte de Chile, se cree que la carne de esta ave permite retardar el envejecimiento (Stucchi, 2012; Ibarra *et al*., 2012).

2.1.11.3.1.5 Comercio ilegal

El tráfico ilegal de vida silvestre o el comercio ilegal realiza la captura dirigida del cóndor andino con fines comerciales, por las creencias que partes de esta ave puede curar algunas enfermedades, asimismo el uso de plumas y partes para trajes de bailes tradicionales, para la producción de instrumentos musicales andinos, incluso cremas o ungüentos para uso en la estética personal y elaboración de variados recuerdos para turistas (Astore *et al.,* 2016; Narváez *et al.,* 2017).

2.1.11.3.1.6 Electrocución y colisión

Las colisiones con cableados eléctricos principalmente afectan a cerca de 350 especies de aves, los reportes refieren cifras alarmantes, un millón de aves se afectan en los países bajos por año; 175 millones de aves por año en los Estados Unidos y en todo el globo, alrededor de mil millones de aves son afectadas (Ferrer *et al.,* 2020).

Se tienen reportes de decesos y colisiones con tendidos eléctricos y tendidos de cable, entre otras estructuras realizadas por el hombre (Astore *et al.,* 2016; Narváez *et al.,* 2017).

Se tiene registrada la colisión de un cóndor andino hembra sub adulta con los cables de tendido eléctrico, ocurrido en el Valle del Sondondo, Ayacucho, filmación que se realizó cuando se observaba al ave en vuelo, se evidencia su colisión con los cables y su posterior vuelo descendente perdiéndose entre los cerros cercanos (Ayala *et al.,* 2020).

2.1.11.3.1.7 Otras causas

El cóndor andino está siendo amenazado por diversas causas más, entre ellas, está la reducción de las fuentes de alimento de la fauna silvestre. Tenemos también la competencia por la carroña con animales introducidos y nativos, en especial con los perros asilvestrados, gallinazos negros, de cabeza roja, entre otras aves. En menor grado se han

hallado muertes por heridas diversas y por captura accidental de alguna ave. Un problema cada vez más serio es la pérdida del hábitat por actividad humana, como son la actividad minera, el avance de áreas para la agricultura, también los incendios en los bosques, la desforestación, la introducción de plantaciones exóticas, la construcción de viviendas en zonas naturales, entre varias causas más (Wallace y Temple, 1987; Aliaga, 2012; Astore *et al.,* 2016; Narváez *et al.,* 2017; Yadav *et al*., 2018).

2.1.11.3.2 Importancia

Además de su importancia cultural, que la podemos observar en las distintas culturas prehispánicas peruanas y hasta la actualidad en comunidades indígenas con conocimiento ancestral, se sigue venerando al cóndor andino. Esta ave ejerce una importante función en el ecosistema, realizando una limpieza al evitar el acumulo de cadáveres y la propagación de posibles enfermedades originadas en los cadáveres en putrefacción, asimismo protege al medio ambiente evitando su contaminación. El cóndor andino tiene un fuerte sistema inmunológico que lo protege y evita que se enferme o fallezca por enfermedades, que sí afectan a otras especies (Astore *et al.,* 2016; Vargas, *et al.,* 2016).

2.1.12 Experiencias en cautiverio

2.1.12.1 Centros de rescate

Los centros de rescate son establecimientos públicos o privados autorizados por la autoridad competente para recibir especies de fauna silvestre rescatados, hallados en abandono o decomisados por parte de la autoridad respectiva, para brindarles el manejo y cuidados adecuados a fin de curarlos y restablecer su estado de salud, posteriormente deberá ser entregado a una institución con la capacidad de tenerlo o libelarlo en su habitad natural (El Peruano, 2000).

Se recomienda para cóndores andinos en cautiverio que se mantengan en parejas,

preferentemente como mínimo una pareja. Si hubiese varias parejas que comparten el ambiente deben colocarse varios lugares para su reposo y para posibles nidos, donde el aves mayor o dominante generalmente seleccionará el mejor lugar. En los cóndores andinos, los machos y los de más edad son quienes dominan al resto, le siguen las hembras adultas, jóvenes machos y hembras jóvenes. Donde se alojen parejas reproductoras, el pichón podrá mantenerse con sus padres hasta el inicio de la próxima puesta. El polluelo podrá ser trasladados antes del inicio del despliegue del cortejo. Se recomienda que los inmaduros sean trasladados a ambientes con otros de su especie, para fomentar su comportamiento social *(*ACOPAZOA *et al.,* 2013; Astore *et al.,* 2016).

2.1.12.2 Zoocriaderos

Los zoocriaderos son establecimientos con fines comerciales con el debido permiso entregado por la autoridad competente, que cuentan con instalaciones apropiadas para mantener en cautiverio animales de fauna silvestre, realizando su debido manejo para efectuar el aprovechamiento de la especie, logrando su reproducción y la producción de bienes o servicios (El Peruano, 2000).

2.1.12.3 Reproducción asistida

Al tener el cóndor andino en vida libre una baja tasa de reproducción se realizó en algunas instituciones zoológicas el retiro de un huevo para aumentar la capacidad reproductiva de una pareja, el huevo es llevado para incubación artificial y la puesta del segundo huevo queda al cuidado de los padres. Este proceso puede duplicar el número de individuos que eclosionan en una temporada. La incubación artificial se realiza en un centro especializado para ello, con los cuidados debidos y en ausencia del contacto humano (Astore *et al*., 2016).

2.1.12.3.1 Ausencia del contacto humano

Una vez eclosionados los huevos retirados, se utilizan para criar a los polluelos títeres

de látex que representan a los padres, ambos, macho y hembra adultas para asegurarse que no se impronten con el humano. Luego de 2 meses, los polluelos del mismo grupo de edad son traslados y se alojan juntos en un solo recinto donde van socializando a través de la vista y el sonido, con cóndores adultos que habitan un ambiente contiguo. Conforme al crecimiento van socializando estas aves entre ellas y se quedan juntas al menos hasta los 6 meses de edad, donde están preparados para ser incluidos en los programas de reintroducción (Astore *et al*., 2016).

2.1.12.3.2 Reintroducción

Las aves con 6 meses ya pueden formar parte de algún proyecto de reintroducción, previamente a su liberación; son equipadas con microchip de identificación, bandas alares de identificación y radio transmisores satelitales, con ello son trasladados a la zona de liberación, donde deben permanecer en un recinto donde realizaran su ambientación y socialización por espacio de 2 meses antes de su liberación. Se recomienda que se liberen grupos de cóndores, al menos tres, ya que, al no contar con experiencia de vuelo y búsqueda de comida, en grupo es más fácil para realizar las acciones cotidianas y apoyarse grupalmente. Luego de ser liberados, una labor muy importante es el seguimiento del grupo, entregar comida y agua de ser necesario, pero siempre evitando el contacto con los humanos. Se considera que luego de 4 meses ya dominan el arte de volar y luego de 6 meses de su liberación, se pueden considerar independientes, ya saben buscar comida, saben ubicaciones de dormideros y realizar el comportamiento normal de un ave silvestre (Astore *et al*., 2016).

2.2 Aspectos en genética poblacional

2.2.1 Estructura poblacional

Recientes estudios genéticos sobre esta especie revelan una distribución genética irregular con sutiles estructuras a pequeña escala y niveles moderados de población con diferenciación a grandes distancias (~ 1000 km) entre zonas sur y norte del centro de Argentina (Padró *et al.*2019). En Perú no tenemos ninguna información o estudio acerca de la genética de esta ave a nivel nacional, siendo el conocimiento de su genética poblacional uno de los puntos importantes a desarrollar, plasmado en el Plan Nacional de conservación de cóndor andino, elaborado por SERFOR 2015, para dar importancia a la conservación de esta ave. El presente estudio es el primero que se desarrolla con aves mantenidas en cautiverio a nivel nacional y contribuye al conocimiento de la especie y brindar herramientas para su conservación.

2.2.2 Evolución

2.2.2.1 Selección natural

Es un proceso evolutivo de la reproducción diferencial de los genotipos de una población estableciendo que las condiciones del medio ambiente dificultan o favorecen la selección de los progenitores por algunas particularidades. La selección puede ejercer presión potencialmente fuerte que pudiera cambiar tanto la media de la población como su variación génica, es denominado el principal agente de cambio genético direccional (Ringo, 2004).

2.2.2.2 Migración

La migración es similar a la mutación, por que cambia las frecuencias alélicas añadiendo o eliminando alelos en la población. Denominado también flujo genético, “es la transferencia de alelos de una población a otra”, o población receptora y puede

contribuir a la homogenización genética de las poblaciones a través del intercambio de genes (Tamarin, 1996; Ringo, 2004)

2.2.2.3 Deriva génica

La deriva genética sucede en las poblaciones pequeñas o cuando los alelos son raros tienen lugar cambios en las frecuencias alélicas, debido a la fluctuación al azar pueden tender al alza o a la baja. Cuando más grande sea la población, mayor será probabilidad de que las frecuencias alélicas de los descendientes representen verdaderamente las frecuencias alélicas de la población progenitora. La deriva genética disminuye la diversidad genética dentro de las poblaciones y puede causar cambios en la frecuencia alélica (Tamarin, 1996; Ringo, 2004).

2.2.2.4 Variación genética

Es la variabilidad genética de sus genes en una determinada población, donde la selección natural actuará sobre un carácter, cuanta más variación haya mayor será la evolución. Los grados de variabilidad genética en cualquier población continental suelen permanecer inciertamente constantes, mientras las poblaciones aisladas, poblaciones pequeñas con mayor probabilidad de entrecruzamiento, se reducen por el efecto de la deriva genética, el efecto fundador y el cuello de botella (Cervantes y Castañeda, 2012).

2.2.2.5 Mutación

Las frecuencias genotípicas y alélicas en una población consiguen variar como resultado de la carencia o adición de algunos alelos por la mutación en individuos en una misma población, la mutación es la fuente primaria de nuevas variaciones genéticas en una población, pero contribuye poco en el cambio genético de la población. Como regla general un gen de tamaño medio muta con una tasa de 10^{-5} por generación y los alelos mutantes retro mutan a alelos funcionales con una tasa de 10^{-6} por generación, esta es

una tasa de cambio bastante lenta, la mutación puede cambiar las frecuencias alélicas de un modo significativo siempre y cuando no estén actuando fuerzas evolutivas mayores (Tamarin, 1996; Ringo, 2004).

2.2.2.6 Aislamiento genético

Llamamos aislamiento genético cuando tenemos un grupo pequeño de individuos que se procrean entre sus propios miembros cercanos y no hay ingreso externo de genes pertenecientes a grupos o poblaciones cercanas. Así, las interrupciones del flujo genético entre poblaciones podrían generar divergencias genéticas significativas en las poblaciones residentes (Cervantes y Castañeda, 2012).

2.2.3 Variación entre las poblaciones

2.2.3.1 Equilibrio Hardy-Weinberg

En 1908, G. Hardy y W. Weinberg descubrieron la relación de las frecuencias alélicas y genotípicas en una población de individuos diploides que se reproducen sexualmente, que se reproducen al azar y tienen un tamaño grande de individuos, asimismo no debe haber mutación, migración ni selección. Esta ley tiene 3 aspectos:

En un locus autosómico las frecuencias alélicas no cambian de una generación a otra, manteniéndose en equilibrio;

Las frecuencias genotípicas en una población están definidas de una forma previsible por las frecuencias génicas de los progenitores;

Cuando el equilibrio lo denominamos neutro, quiere decirnos que, si perturbamos a un grupo de individuos o población, el equilibrio se podrá restablecer con el apareamiento al azar en una sola generación, pero se tendrá nuevas frecuencias alélicas (Tamarin, 1996; Nicholas, 1996).

2.2.3.2 Sistemas de apareamiento y reproducción

2.2.3.2.1 Apareamiento al azar

Hay apareamiento al azar o aleatorio para un loci cuando la elección de la pareja es independiente del genotipo o fenotipo para ese locus, dicho de otra manera, es la probabilidad de que dos genotipos se apareen es igual al producto de las frecuencias de dichos genotipos en la población (Nicholas, 1996; Tamarin, 1996).

2.2.3.2.1.1 Apareamiento clasificado

El apareamiento al azar puede tener desviaciones por dos motivos: De elección o de circunstancias. Si los individuos de un grupo seleccionan a parejas con un determinado carácter externo o fenotipo relativamente frecuente de lo que se haría al azar, decimos que tenemos un tipo de apareamiento denominado Clasificado. Si son los individuos con fenotipo similar los que se aparean más frecuentemente que al azar, el apareamiento se denomina Clasificado positivo; si son los apareamientos entre individuos de fenotipo distinto los que tienen lugar más frecuentemente que al azar, se dice que el apareamiento es Clasificado negativo (Tamarin, 1996; Ringo, 2004).

2.2.3.2.1.2 Endogamia

Se pueden realizan desviaciones del apareamiento al azar, se puede observar que los individuos que se aparean pueden estar más estrechamente emparentados o también más genéticamente alejados que dos individuos cualesquiera tomados al azar de una población, esto se denomina endogamia o consanguinidad al apareamiento entre individuos emparentados y exogamia, al apareamiento entre individuos genéticamente no relacionados (Tamarin, 1996).

2.2.3.3 Poblaciones decrecientes

2.2.3.3.1 Efecto cuello de botella

El cuello de botella se refiere cuando en una población grande la cantidad de progenitores en un grupo poblacional disminuye drásticamente por el lapso de algunas generaciones, produciendo una gran reducción de la población. Esto es producido por el denominado efecto fundador que está relacionado con la deriva genética. El efecto fundador ocurre cuando una pequeña cantidad de individuos se traslada a una nueva región y establece una nueva población; si la nueva población crece rápidamente y llega a un gran número de progenitores, las frecuencias genéticas serán un reflejo de las frecuencias de los fundadores más que de las de la población original de la que provenían los fundadores. Las frecuencias genéticas serán un reflejo de las frecuencias de la población original de la que provenían (Nicholas, 1996; Tamarin, 1996; Ringo, 2004).

2.3 Estimaciones genéticas en aves

2.3.1 Cóndor de California

2.3.1.1 Estudios moleculares

En el 2016 se realizó un estudio sobre el ADN mitocondrial del cóndor de California (*Gymnogyps californianus*) obteniendo muestras de museos y comparándolos con muestras de aves contemporáneas, con el fin de obtener un panorama completo de las posibles variaciones genéticas del *G. californianus* en su rango de localización histórica y a través del tiempo. Se observó una reducción de más del 80% en el número de haplotipos únicos en la especie, se hallaron haplotipos comunes en sus áreas de distribución. La especie en el siglo XIX contaba con abundancia de individuos y la pérdida considerable de haplotipos concuerda con la mortalidad causada por los humanos, que hicieron descender considerablemente sus poblaciones. Los datos genéticos obtenidos no

impiden la liberación de estas aves en zonas nuevas o no ocupadas de su distribución histórica (D´Elia *et al.*, 2016).

2.3.1.2 Reproducción y reintroducción

El cóndor de California considerada el ave voladora más grande de Norteamérica, fue considerada extinta en los años 40 en México, pero luego de un acuerdo binacional entre Estados Unidos y México se reintrodujo esta especie desde el 2002, teniendo como referencia su antigua área de distribución en México, en el estado de Baja California, en el parque Nacional Sierra de San Pedro Mártir, área natural protegida; las aves seleccionadas son evaluadas antes de su liberación, asimismo se les coloca radios de alta frecuencia y también un transmisor satelital para su seguimiento. Dentro de la problemática observada es la muerte de cóndores californianos por efectos antropogénicos, principalmente por envenenamiento por plomo. En animales capturados se ha hallado niveles mayores a 30 ug/dl de plomo en sangre, lo cual requiere tratamiento para eliminarlo. El estado de Baja California cuenta con 35 cóndores, 31 liberados, uno mantenido en cautiverio y tres nacidos en libertad, de los cuales se espera inicien una nueva generación en vida libre (Vargas *et al.,* 2016).

2.3.2 Quebranta huesos

A lo largo de las últimas décadas el quebrantahuesos *Gypaetus barbatus*, ha sufrido una enorme disminución de su población en Europa, principalmente por la caza, llevando a esta especie casi a la extinción, sobreviviendo solo pequeñas poblaciones en los Pirineos, en Córcega y Creta. Hasta el siglo XIX se distribuyó a todo lo largo de las regiones sureñas montañosas de Europa, también Asia y África. Desde entonces, las poblaciones de quebrantahuesos han disminuido y muchas de ellas ahora están muy fragmentadas. Desde 1986 se han realizado liberaciones de más de 90 quebrantahuesos juveniles para intentar restablecer una población estable, todos los liberados fueron procedentes de una población mantenida en cautiverio (Gautschi, *et al.,* 2000; García, *et al.,* 2009; Gil *et al.,* 2013).

2.3.2.1 Estudios moleculares

Uno de los primeros trabajos de investigación para determinar la variabilidad genética entre los animales cautivos y los reintroducidos, fue realizar las relaciones genealógicas entre individuos, para ello se desarrolló un trabajo con 14 micro satélites para los análisis genéticos de conservación de la especie, diseñaron cebadores con especial énfasis en ADN antiguo (aDNA), probando su eficacia con otros buitres del viejo mundo (Gautschi, *et al.,* 2000).

Como otros buitres del viejo mundo, el quebrantahuesos no presenta dimorfismo sexual, para poder saber de qué sexo era cada ave, trabajaron muestras sanguíneas y plumas de diversas aves de cautiverio, rescatadas y animales fallecidos, luego se extrajo el ADN de cada muestra y se utilizó diversas técnicas moleculares como el PCR para el análisis, la técnica recomendada en el estudio es el Amplification Refractory Mutation System,(ARMS) y la Reacción en Cadena de la Polimerasa (PCR), adecuadas para la identificación del género en quebrantahuesos desde los primeros días de vida (García, *et al.,* 2009).

En el 2012, García *et al*, realizó un estudio evaluando la variabilidad genética del quebrantahuesos, utilizando muestras de 110 animales, se analizó el ADN (ADNmt) y ocho marcadores de microsatélites identificando el sexo en ellos. Los resultados estadísticos muestran que las mutaciones son selectivamente neutrales y la población se está expandiendo, asimismo la depresión por endogamia podría ser pronto descartada, se sugirió que el grupo poblacional pirenaica del quebrantahuesos debe ser controlada para evitar la pérdida de variabilidad genética y se recomendó que esta información debería tenerse en cuenta, al momento de considerar los proyectos para conservar esta ave (García, *et al*., 2012).

2.3.2.2 Reproducción y reintroducción

El quebrantahuesos actualmente posee en Europa cuatro poblaciones reproductoras aisladas entre sí, Creta, Córcega, Pirineos y Alpes; se inició en 1972 un proyecto de reintroducción, luego al inicio del siglo XXI se inician dos nuevos proyectos en Andalucía y Cerdeña dentro del marco del proyecto europeo para reintroducir al quebrantahuesos. El 2010 se inicia su reintroducción en los Picos de Europa. A partir de la ejecución del plan para reintroducir esta ave en España el 2000, todas las reintroducciones se adecuan a lo establecido por la IUCN, donde se menciona que los ejemplares liberados deben proceder de poblaciones genéticamente cercana a la población extinta del lugar. Los primeros estudios genéticos realizados concluyen que los grupos poblacionales de los Pirineos y los Alpes presentaban una disminuida variabilidad genética, pero algunas diferencias en sus poblaciones. En un posterior estudio se determinó que esta ave tiene 02 estirpes con relación a sus mitocondrias, grupos poblacionales cercanos al oeste de Europa y los grupos poblacionales de parte de África, en el este de Europa y parte de Asia, hallándose la mayor combinación de ambos en Grecia y los Alpes; concluyéndose con ello que los grupos poblacionales de esta ave no son grupos evolutivos significativos y deben considerarse como solo uno. En el 2007 se creó el banco de ADN para el quebrantahuesos en Aragón, donde se guardan más de 120 muestras para realizar secuenciamiento, determinar sexo, variabilidad genética, consanguinidad, relaciones filogenéticas, entre otros. En el 2011 se analizaron 110 muestras procedentes de los Pirineos, determinando el sexo de las aves y la presencia de 5 haplotipos diferentes, indicando una alta variabilidad genética y se descarta la depresión consanguínea, considerándose una población genéticamente sana (Gil, *et al*. 2013).

2.4 Técnicas moleculares en poblaciones

2.4.1 Complejo Mayor de Histocompatibilidad (CMH)

Una investigación examina los genes altamente polimórficos del complejo mayor de histocompatibilidad (CMH), en la investigación se demostró la eficacia de los perfiles de CMH como un marcador genético en el cóndor andino (*Vultur gryphus*), debido a su complejo seguimiento. Los genes polimórficos de CMH de la clase I (exón 3, 6 alelos) y de la clase II B (exón 2, 11 alelos) fueron aislados. Los estudios de polimorfismos conformacionales de cadena simple y directa, unidos a la identificación del sexo mediante métodos moleculares y estimaciones de la edad de las especies, posibilitaron la identificación de 80 aves diferentes desde 110 plumas recolectadas de la muda en varios dormideros, evidenciando la posible utilización de los genes del CMH (Alcaide *et al.* 2010).

2.4.2 Microsatélites

Análisis genotipo

En Ecuador el cóndor andino se encuentra fuertemente afectado por la reducción de sus poblaciones, la investigación realizada en el 2012, tomó muestras a los 19 cóndores mantenidos en cautiverio para estudios genéticos con microsatélites, para conocer y mantener su diversidad genética del ave y con esta nueva información evitar la deriva genética y la endogamia en la especie. Se amplificaron 6 microsatélites, diseñados previamente para el cóndor de California (*Gymnogyps californianus*), su análisis de variabilidad genética evidencio que el nivel de heterocigocidad era aceptable para 4 microsatélites. Se halló también 3 locus que no estaban en equilibrio Hardy-Weinberg (Navarrete, 2012).

En el 2015 se desarrolló un trabajo sobre el primer sistema de identificación genética STR para la especie en Ecuador, basado en un primer microsatélite originalmente diseñado para el cóndor californiano (*Gymnogyps californianus*), aplicable para la discriminación individual y programas de monitoreo de esta ave, para estimar la diversidad genética del estado de la población (Paz-y-Miño, *et al.* 2015).

Posteriormente se realizó otro estudio con microsatélites en el 2016, para determinar

la situación genética de los cóndores en Ecuador, para lo cual se tomaron 72 muestras, cuyos resultados fueron que las aves presentaban una diversidad genética moderada a baja en los loci amplificados, a pesar de las grandes áreas donde se distribuye. Asimismo, no se evidencia endogamia en la población ni se observa subpoblaciones, a pesar de que las muestras son procedentes de lugares alejados (Navarrete, 2016).

2.4.3 Gen 12S ribosomal

Baja variabilidad genética

Un estudio del 2003, caracterizó la variación en la secuencia de ADN evaluando la sub unidad ribosomal 12S en la región control mitocondrial o D-Loop del *Vultur gryphus* y, se secuenciaron muestras de 38 individuos y 8 muestras de museos, consiguiendo identificar 5 haplotipos en las muestras y determinando una baja variabilidad genética en la especie, a pesar de haber evaluado muestras de diferentes regiones y países donde se encuentra distribuido el cóndor andino (Hendrickson, *et al*. 2003), se debe mencionar que las muestras de la investigación correspondientes a Perú, cinco en total, fueron todas tomadas de colecciones en museos fuera del país.

Otro estudio recientemente publicado sobre la baja variabilidad genética intrapoblacional en cóndores distribuidos en regiones andinas como Apurímac y Cusco, menciona que realizaron la evaluación mediante la amplificación y la posterior secuenciación de los genes mitocondriales 12S, citocromo oxidasa I (COI) y NADH deshidrogenasa subunidad II (ND2), a partir de la recuperación de ADN en plumas colectadas provenientes de aves mantenidas en cautiverio y también aves silvestres. Sus hallazgos indican escasos grados de variabilidad genética en sus genes mitocondriales encontrados en el área de estudio, lo que también sugiere que esta sería un grupo poblacional con una estructura genética uniforme. (Quispe, *et al.* 2021).

2.5 Estudios genéticos en Perú

2.5.1 Vicuña

En el estudio "Diversidad genética y manejo de poblaciones de vicuñas en Perú" (Wheeler et al. 2001) se examinaron 12 grupos de vicuñas empleando 11 microsatélites específicos para camélidos de América del Sur. Los hallazgos indicaron que las poblaciones de vicuñas en Perú exhiben 30 marcadas propiedades genéticas, producto de su biología, hábitat, historia evolutiva e impacto humano. Determinaron que en el Perú las vicuñas presentan niveles de diversidad genética comparativamente bajos en las poblaciones, aunque presentan elevadas diferencias genéticas entre las poblaciones; aspecto crucial para los planes de gestión de la especie. Igualmente, reconocieron 4 distintos grupos demográficos: Junín Central, Junín Norte y Andes Centrales. Se sugirió que estos 4 grupos genéticos debían establecer unidades de gestión independientes para el incremento demográfico futuro.

Posteriormente se han realizado varios estudios genéticos, los cuales han llevado al mejor entendimiento de la dinámica poblacional de esta especie en Perú, como la tesis: "Determinación de la variabilidad genética en tres poblaciones de vicuñas (*Vicugna vicugna mensalis)* en cautiverio a partir de muestras de heces", donde se valoró la diversidad genética de esta especie en Puno y Lima, animales mantenidos en cautiverio, muestreo realizado de heces colectadas en sus ambientes, se analizaron 11 microsatélites; encontrándose problemas de consanguinidad en dos poblaciones muestreadas. El estudio muestra que el estudio de microsatélites a partir de muestras de heces recolectadas es también buena técnica y los resultados del estudio sugieren que el manejo en cautividad está perturbando la diversidad genética de estos mamíferos (Aguilar, 2011).

2.5.2 Suri

En un reciente estudio se analizaron 66 muestras de suri *(Pterocnemia pennata)* en lugares de recuperación en Lambayeque y Puno y, se determinó el sexo y la variabilidad

genética de las aves cautivas. Logrando determinar el sexo de las aves para seleccionar 17 posibles reproductores y evidenciando una pobre diferencia entre los grupos poblacionales mantenidos en cautiverio en las frecuencias alélicas estudiadas (Bazán y Esquén, 2019).

2.5.3 Llama

Se realizó un estudio en las llamas K'ara de Marcapomacocha, en Junín, animales que tienen una coloración muy semejante al guanaco peruano. Para determinar las características de estos animales se realizaron mediciones y análisis de ADN mitocondrial en 50 de estos camélidos; en promedio estas llamas eran un poco más altas, un poco más largas y un poco más pesadas que otras llamas K'ara de otras zonas del país y la evaluación del gen citocromo *b* (ADN Mitocondrial) evidencio que las 50 llamas tenían el haplotipo ancestral guanaco (Cano *et al.* 2012).

2.5.4 Nutria marina

El primer estudio genético sobre la nutria marina, *Lontra felina*, fue realizado en el 2010, donde a partir de muestras de heces recolectadas a todo lo largo de su rango de distribución en el litoral peruano se efectuó la evaluación del ADN mitocondrial de 24 mamíferos, mostrando una relativa alta variabilidad genética, al hallarse 11 haplotipos, asimismo el estudio revela la no presencia de aislamiento por distancia ni tampoco la sub-estructuración en su genoma mitocondrial (Valqui 2010).

2.5.5 Oso andino

En el 2016 Caselli y Maturrano, publicaron un trabajo sobre el sexado de osos de anteojos (*Tremarctos ornatus*) mediante PCR desde muestras colectadas de heces. Metodología no invasiva y muy útil para determinar la población de la especie según el sexo en campo, información importante que ayuda mucho para la toma de decisiones sobre

la especie. Trabajaron con 17 osos mantenidos en cautiverio de sexo conocido y tras las pruebas de PCR hallaron que con el gen amelogenina logaron sexar al 100% de las muestras, correspondientes a 10 hembras y 7 machos (Caselli y Maturrano, 2016).

2.6 Prueba de la reacción en cadena de la polimerasa (PCR)

La reacción en cadena de la polimerasa más conocida como PCR, es una metodología que se utiliza para amplificar in vitro algunas secuencias deseadas de ácidos nucleicos, el proceso de la amplificación requiere de porciones pequeñas de ADN que son obtenidas a partir de moléculas simples (Brown, 2000, Liza, 2006).

Siendo la PCR una reacción *in vitro*, se realiza con la combinación de sustancias apropiadas y la respectiva colocación en el termociclador, este aparato permite la incubación a diferentes grados de temperatura, que varían y fluctúan por momentos en un tiempo previamente programado (Brown, 2000; Liza, 2006).

Los pasos en una PCR son:

Desnaturalización: es la desnaturalización del ADN por calor entre 94 ºC a 98 °C.
Alineamiento: cuando dos oligonucleótidos son añadidos al ADN, denominados cebadores, y luego a esta combinación se reduce la temperatura entre 42 °C a 65 ºC, con la temperatura los oligonucleótidos se pueden unir a sus lugares objetivo.
Extensión o síntesis: un ADN polimerasa termoestable es adicionado, denominada Taq polimerasa, producida a partir de una enzima de la bacteria termo tolerante *Thermus aquaticus*, conjuntamente con deoxinucleósidos, trifosfatos: dATP, dCTP, dGTP y dTTP que son precursores de ADN, luego la combinación es puesta a 72 ºC, esta temperatura optimiza la síntesis de ADN. Los oligo-nucleótidos se alinean con el ADN base, actuando, así como cebadores para la producción de nuevos poli nucleótidos que son complementos para la base de ADN (Brown, 2000; Liza, 2006). Los periodos de desnaturalización, alineamiento y extensión son repetidos 30 veces, la cantidad de ADN se duplica en cada periodo de tiempo, esto amplifica grandemente el ADN dando como resultado múltiples

copias de la secuencia deseada de ADN (Brown, 2000; Liza, 2006).

Cebadores: son importantes en una PCR y en gran medida el fracaso o logro en la amplificación del ADN (Brown, 2000; Liza, 2006).

Electroforesis

Es la transferencia de iones y macro moléculas cargadas a través de un medio estabilizador, bajo la influencia de un campo eléctrico. La agarosa y la poliacrilamida son los medios estabilizadores utilizados. Estos medios previenen cualquier cambio mecánico o de convección en el proceso y funcionan como un tamiz molecular (Brown, 2000; Liza, 2006).

Las moléculas de ADN presentan carga eléctrica negativa, cuando son situadas en un campo eléctrico, estas migran hacia el polo positivo, a lo cual lo denominamos electroforesis de ADN (Brown, 2000; Liza, 2006).

Electroforesis en geles de agarosa

La agarosa se obtiene de algas marinas del género Geliddium y Gracilaria, conocido como polisacárido lineal. Propiedades de la agarosa:

Tamaño de poros: el tamaño varía de acuerdo a la concentración, sin embargo, su rango es entre 100-300nm, lo que permite eficazmente separar fragmentos grandes de ADN de doble cadena. (Brown, 2000; Liza, 2006).

Temperatura de fusión y gelificación: cuanto más concentrado está el gel, mayor será la energía necesaria para fundirlo (Brown, 2000; Liza, 2006).

Resistencia del gel: un factor importante del gel de agarosa como medio anti convención es su habilidad para mantener una alta solidez a bajas concentraciones. (Brown, 2000; Liza, 2006).

Ventajas y desventajas de los geles de agarosa

Forma poros grandes que facilitan una rápida difusión de las macromoléculas que

tienen un peso molecular alto. Si variamos la concentración de la agarosa es posible separar ADN de doble cadena en un rango de tamaño de entre 20bp a 50kb, segmentos más pequeños no son posibles separar con esta técnica (Brown, 2000; Liza, 2006).

Los geles de agarosa son termo reversibles, siendo de fácil y simple realización.

Visualización de fragmentos

Los fragmentos de ADN se pueden visualizar utilizando la fluorescencia del bromuro de etidio (EtBr), que es un tinte fluorescente que detecta ADN de simple y doble cadena. El EtBr se entrelaza entre las bases del ADN resultando de ello un aumento en la fluorescencia, cuando el complejo ADN-EtBr es observado con rayos ultravioleta (UV). Con ello se pueden visualizar pequeñas cantidades de ADN, desde 1 a 10ng. La cantidad máxima de ADN para cada pozo del gel, sin que pierda la definición de las bandas es de cerca 100ng. (Brown, 2000; Liza, 2006).

Los avances en biología molecular, el uso del PCR, los microsatélites y el ADN mitocondrial permiten los estudios sobre variabilidad genética en los individuos de una población, cuyos resultados nos ayudan en su conservación (Toalombo, 2020; Vázquez y Guevara, 2021).

Estas herramientas nos proporcionan la información genética de una especie, su filiación genética, el parentesco entre individuos de una población, determinar caracteres cualitativos o evaluar presencia o susceptibilidad a enfermedades genéticas (Silva *et al*., 2011; Aranguren-Méndez *et al*., 2017).

La región control o D-Loop del ADN mitocondrial, se utiliza actualmente para determinar las ascendencias maternales en diversas especies, observándose un mayor uso en aves (Scotto, 2006; Meydan *et al.,* 2016; Castán, 2017; Vázquez y Guevara; 2021).

La trasmisión de la herencia del ADN mitocondrial es por vía materna lo cual nos brinda un apoyo en la elaboración de un árbol filogenético y nos sirve para determinar en una población observada la distribución de sus miembros (Castán, 2017; Malomane *et al*., 2019).

III. MATERIALES Y MÉTODOS

3.3. Materiales

3.3.1. Lugar de ejecución

Las tomas de muestras fueron realizadas en 6 regiones:

Lima:

Zoocriadero el Huayco, 6 especímenes;

Parque de las Leyendas: 3 especímenes

Ica; Zoológico Municipal de Ica, 3 especímenes;

Ayacucho; Zoológico Las Totorillas, 3 especímenes;

Junín; Zoológico Municipal de Huancayo, 2 especímenes;

Cusco:

Zoológico de la Universidad Nacional San Antonio Abad UNSAAC, 10 especímenes;

Zoológico Tipon, 1 espécimen;

Santuario Animal de Cochahuasi, 10 especímenes;

Apurímac; Zoológico Municipal de Abancay, 2 especímenes.

Todas las muestras (sangre y plumas) fueron almacenadas, procesadas y analizadas en los ambientes de la Unidad de Biología y Genética Molecular de la Facultad de

Medicina Veterinaria de la Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Lima Perú.

Para el presente estudio se trabajaron solamente las muestras de sangre, ya que diversos autores mencionan que la sangre es la muestra de elección para estudios genéticos (Ruiz *et al,* 2016; Cambrone *et al.* 2022), las plumas se mantienen en conservación para futuros trabajos de investigación.

3.3.2. Material biológico:

3.3.2.1 Animales

En los diferentes zoológicos y zoocriaderos a nivel nacional que albergaban cóndores andinos, se realizaron las coordinaciones previas y luego la posterior toma de muestras de sus aves albergadas, así en el Cuadro 8 se puede observar la lista de las 40 aves muestreadas, donde se detalla la identificación, el lugar de la toma de muestra, sexo, edad de cada individuo y la procedencia de cada ave.

Cuadro 8. Información sobre los animales muestreados en el presente estudio: identificación animal, lugar de colección, origen del animal, sexo y edad de los 40 cóndores andinos muestreados mantenidos en cautiverio a nivel nacional.

H: Hembra, M: Macho; SI: Sin Identificación; * No secuenciados

IDENTIFICACION	LUGAR DE COLECCIÓN	SEXO	EDAD	ORIGEN
VG01*	Zoológico municipal de Ica (Ica)	M	18 años	Ayacucho/Pampa galeras
VG02*	Zoológico municipal de Ica (Ica)	M	19 años	Ayacucho/ Pampa galeras
VG03*	Zoológico municipal de Ica (Ica)	H	20 años	Ayacucho/ Pampa galeras
VG04*	Zoológico de Huancayo (Junín)	H	16 años	SI
VG05*	Zoológico de Huancayo (Junín)	M	55 años	SI
VG06	Zoológico la totorilla – Ayacucho (Ayacucho)	H	8 años	Ayacucho/valle Sondondo
VG07	Zoológico la totorilla – Ayacucho (Ayacucho)	M	22 años	Ayacucho / Macrachacra
VG08	Zoológico la totorilla – Ayacucho (Ayacucho)	M	23 años	Ayacucho / Acobamba
VG09	Zoocriadero el Huayco (Lima)	M	6 años	Ayacucho
VG10	Zoocriadero el Huayco (Lima)	M	7 años	Arequipa
VG11	Zoocriadero el Huayco (Lima)	M	45 años	Piura / Illescas
VG12	Zoocriadero el Huayco (Lima)	H	8 años	Piura / Illescas
VG13	Zoocriadero el Huayco (Lima)	M	5 años	Piura / Illescas
VG14	Zoocriadero el Huayco (Lima)	M	8 años	Arequipa

VG15	Parque de las leyendas - (Lima)	M	30 años	SI
VG16	Parque de las leyendas - (Lima)	H	6 años	SI
VG17	Parque de las leyendas - (Lima)	H	29 años	SI
VG18*	Zoológico UNSAAC (Cusco)	M	11 años	Cusco
VG19	Zoológico UNSAAC (Cusco)	H	26 años	Cusco / Urubamba
VG20	Zoológico UNSAAC (Cusco)	M	27 años	Cusco / Urubamba
VG21	Zoológico UNSAAC (Cusco)	H	34 años	Cusco / Paruro
VG22	Zoológico UNSAAC (Cusco)	M	34 años	Cusco / Paruro
VG23*	Zoológico UNSAAC (Cusco)	H	17 años	Cusco
VG24	Zoológico UNSAAC (Cusco)	M	21 años	Cusco
VG25	Zoológico UNSAAC (Cusco)	M	52 años	Apurímac / Cotabamba
VG26	Zoológico UNSAAC (Cusco)	M	38 años	Cusco / Chumbibilcas
VG27	Zoológico UNSAAC (Cusco)	H	38 años	Cusco / Chumbibilcas
VG28*	Santuario Animal de Ccochahuasi (Cusco)	H	Juvenil	Puno / Macusani
VG29	Santuario Animal de Ccochahuasi (Cusco)	M	35 años	Puno / Macusani
VG30	Santuario Animal de Ccochahuasi (Cusco)	H	20 años	Apurímac
VG31	Santuario Animal de Ccochahuasi (Cusco)	M	28 años	Cusco / Marcapata
VG32	Santuario Animal de Ccochahuasi (Cusco)	M	31 años	Apurímac
VG33	Santuario Animal de Ccochahuasi (Cusco)	M	31 años	Apurímac
VG34	Santuario Animal de Ccochahuasi (Cusco)	H	14 años	Cusco
VG35	Santuario Animal de Ccochahuasi (Cusco)	M	14 años	Cusco
VG36	Santuario Animal de Ccochahuasi (Cusco)	H	18 años	Puno / sandia
VG37	Santuario Animal de Ccochahuasi (Cusco)	H	6 años	Puno / sandia
VG38	Zoológico Mundo Andino Tipon (Cusco)	M	26 años	Cusco
VG39	Parque ecológico Taraccasa (Apurímac)	H	17 años	Apurímac
VG40	Parque ecológico Taraccasa (Apurímac)	M	20 años	Apurímac

3.3.2.2 Muestras biológicas

- Sangre

  Extracción de 3 ml. de sangre de la vena tibial de cada ave.

- Plumas

  Al momento del manejo se retiró una pluma pequeña del pecho de cada ave.

3.3.3. Especímenes y distribución.

Para la ejecución del presente estudio se contó con el permiso de SERFOR según Resolución de Dirección General N°368-2017.SERFOR/DGGSPFFS sobre el proyecto de investigación titulado: "Identificación de haplotipos en cóndor andino (*Vultur gryphus*) mantenidos en cautiverio en el Perú". Para la toma de muestras, se coordinó previamente con cada institución que tenían albergados cóndores andinos y luego se tomaron muestras de sangre y pluma de 40 cóndores mantenidos en cautiverio, 22 machos y 18 hembras, (Figura 7) distribuidos de la siguiente manera:



Figura 7. Se muestran las seis regiones donde se colectaron las muestras de sangre y pluma del cóndor andino (*Vultur gryphus).*

3.3.4. Materiales para las tomas de muestra de sangre y pluma

Se utilizaron para la extracción de sangre para cada ave:

Jeringas estériles de 3ml,

Agujas de 21x1.5mm

Tubos vacutainer con EDTA

Guantes estériles descartables,

Algodón,

Iodo,

Alcohol,

Plumón indeleble,

Caja de tecnoport acondicionada.

Para la extracción de cada pluma se utilizaron los siguientes materiales:

Guantes estériles,

Pinza hemostática Kelly recta,

Sobres de papel nuevos,

Plumón indeleble,

Bolsas ziploc.

3.3.5. Equipo y Materiales para PCR

Equipos:

Termociclador Veriti. Thermo Fisher Scientific

Cámara de flujo laminar

Micropipetas

Microcentrifuga

Vortex

Cámara de gel de agarosa

Balanza científica

Cámara digital

Calentador de bloque digital

Materiales:

Kit INVITROGEN Pure Link Genomic DNA mini kit

Guantes de nitrilo
Tips
Rejillas
Alcohol 70º
Agarosa
Agua libre de nucleasas
Papel parafinado

3.4 Metodología

3.4.1 Obtención de Muestras de Sangre y Pluma

3.4.1.1 Sujeción

El manejo de las aves se realizó previa coordinación con el personal de cada institución. Para la sujeción se consideró la biología de la especie, comportamiento, anatomía y fisiología, que permitió el manejo sin causar estrés o alguna lesión en las aves.

Una vez coordinado y explicado el procedimiento a todo el personal, el manejo se realizó durante las primeras horas de las mañanas y todas las aves se encontraban en ayunas, en todos los casos antes del mediodía ya teníamos las muestras correctamente colectadas.

Con los equipos necesarios y personal capacitado se ingresó a cada recinto y se procedió a realizar la restricción física del ave, se trabajó una por una, una vez conseguida la restricción física, utilizando el aro enmallado o red, según el caso. La sujeción de las aves se realizó con el apoyo de personas entrenadas en el manejo de estas grandes aves, tomando primero el pico y cabeza una persona y otra el cuerpo y alas, en algunos casos se procedió a encintar el pico, como medida de protección para los manejadores. El lugar de la colecta de muestras fue realizado en un área de manejo previamente acondicionado, en un tópico cercano o en el mismo lugar de la sujeción.

La indumentaria utilizada consistió en una chaqueta y pantalón de trabajo, guantes

descartables y guantes de cuero. El equipo utilizado para la sujeción de las aves son los implementos básicos para el manejo de aves grandes, como son los cóndores andinos, se utilizaron aros enmallados, redes y algunas mantas, guantes de cuero y en algunos casos cinta adhesiva para el pico.

3.4.1.2 Toma de muestras

Para la toma de las muestras se realizó el manejo y sujeción de cada ave en su recinto, solo en Ayacucho se procedió con la contención química, por protocolo del establecimiento, sin ningún contratiempo. Una vez sujeta y controlada cada ave, se procedió a realizar las tomas de muestra, la sangre se obtuvo en todos los casos de la vena tibial caudal (vena metatarsalis plantaris superficialis), que se encuentra en el lado medial del tibiotarso arriba de la articulación (Samour, 2010). Si bien podría utilizarse la vena subclavia (vena cutánea ulnaris superficiales), que discurre por la superficie ventral de la articulación radiocubital-humeral (codo) siendo su presentación superficial pero un poco movible; por facilidad en el manejo se prefirió la vena tibial caudal, no presentando en todos los casos ningún inconveniente al momento de la extracción. Se realizó la limpieza y desinfección del área señalada, con la debida hemostasia se colocó la jeringa de 3ml con aguja Nº 21 con bisel hacia arriba en la vena tibial caudal, con leve presión se obtuvieron las muestras sanguíneas sin inconvenientes, se retiró la aguja procediendo a realizar presión leve para evitar hematomas, los que no se presentaron en ningún caso; la sangre fue traspasada a tubos vacutainers de 3 mL con EDTA previamente identificados y rotulados con números del 01 al 40, a los cuales se les colocaba adicionalmente con plumón indeleble también el sexo del ave. Las muestras tomadas en Lima fueron acondicionadas y transportadas inmediatamente al laboratorio para su procesamiento, mientras las muestras de otras regiones eran guardadas refrigeradas para su pronto transporte o envío al Laboratorio.

Las tomas de muestras de pluma se realizaron luego de la toma de muestras de sangre de cada ave, con el ave sujeta se procedió a revisar el pecho con un lector de microchip para la lectura de su microchip de identificación, una vez anotado el número e identificada con su número de microchip se procedió a retirar con una pinza una pluma completa del pecho y guardarla en un sobre de papel previamente identificado y rotulado, los sobres con las muestras de pluma se guardaron en una bolsa ziploc hasta ser llevados al Laboratorio para su posterior procesamiento.

3.4.2 Procesamiento de las Muestras

En el laboratorio se realizó de manera exitosa la extracción del ADN de las 40 muestras de sangre colectadas mediante el kit de extracción INVITROGEN Pure Link Genomic DNA mini kit, siguiendo el protocolo de extracción, de la siguiente manera:

En un tubo de 1.5 mL se añadió: 200 µL de sangre, 20 µL de proteinasa K, 20 µL deRNAsa y se colocó la muestra en el vortex por 5 segundos. Luego se añadió 200 µL de *Lysis/Binding Buffer DNA*, se colocó la muestra en el vortex por 5 segundos hasta formar una mezcla homogénea. Posteriormente, se incubó la muestra a 55º C por espacio de 20 minutos. Luego, se añadió 200 µL de etanol absoluto grado molecular. Se colocó la muestra en el vortex por 5 segundos hasta formar una mezcla homogénea.

Se trasladó la mezcla (640 µL) a una columna que se encuentra dentro de un tubo de colección y se añadió 500 µL de *Wash Buffer* 1. Se centrifugó a 11000 RPM por 1 minuto. Luego se eliminó el contenido del tubo de colección y se añadió 500 µL de *Wash Buffer* 2. Se centrifugó a 12500 RPM por 3 minutos. Luego se eliminó el contenido del tubo de colección.

Se volvió a centrifugar a 125000 RPM por 3 minutos, y la columna se trasladó a un nuevo tubo pequeño estéril para microcentrífuga de 1.5 mL. Se le añadió 80 µL de *Elusion Buffer*, y se centrifugó finalmente a 125000 RPM por 1 minuto.

El ADN extraído se guardó a temperatura de congelación (-20ºC) hasta su posterior procesamiento.

Se determinó la calidad y cantidad de ADN extraído, por la comparación con diluciones seriadas de un marcador de peso molecular a una concentración de 50ŋg/ µL en un gel de agarosa al 2%.

Para los ensayos de PCR, inicialmente se trabajó con algunas muestras para probar los primers P4 VgF y R1VgR, esperando un resultado claro y verificable, amplificando la región control del ADN mitocondrial y con los resultados obtenidos se realizó una electroforesis en agarosa al 2% observándose bandas bien definidas con el tamaño esperado de 460 pb (Figura 8).

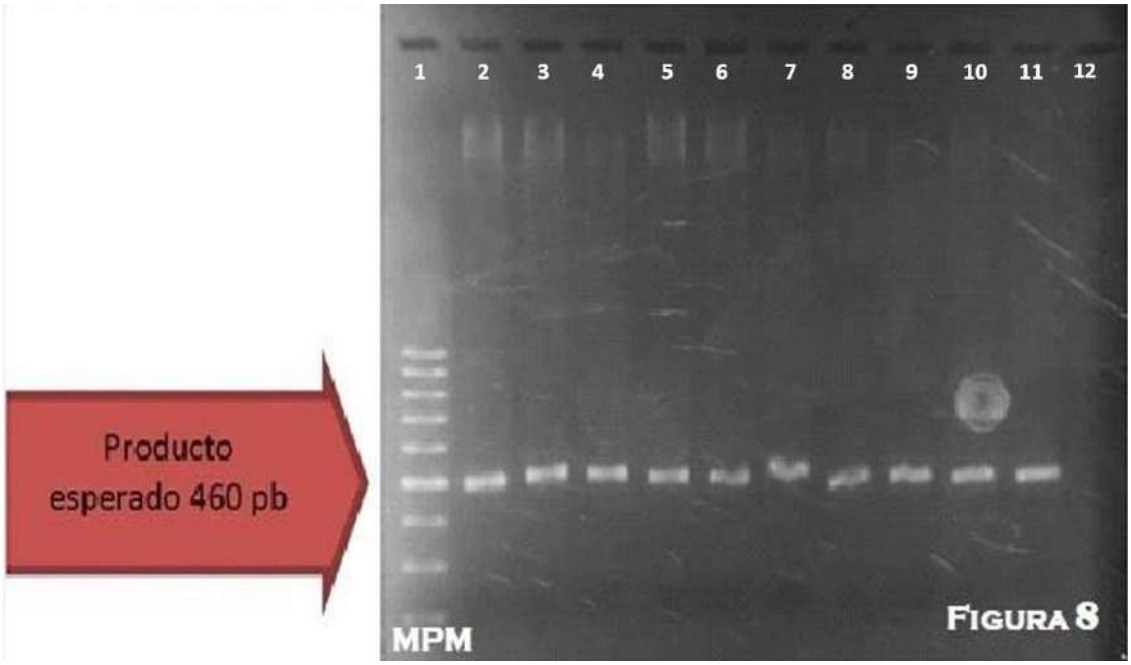


Figura 8: Bandas de amplificación del ADN mitocondrial de la región control o D-Loop del Cóndor andino (*Vultur gryphus*), en gel de agarosa al 2%. En el carril 1, marcador de peso molecular (MPM); carriles del 2 al 11: Muestras de sangre de Cóndor andino; carril 12: control negativo (agua).

A partir de los resultados preliminares, se usó como control positivo de esta prueba el ADN extraído de la muestra 40.

3.4.3. Prueba de PCR

En el laboratorio realizamos la PCR para la región control o D-Loop de 460 pb del ADN mitocondrial., utilizando los *primers* P4VgF: GTCCGTGATCGCGACATCTA y R1VgR: GCGTGTGCAAGTTGGTTTCT (diseñados en el presente estudio), preparando un mix según lo indicado en el Cuadro 6.

Cuadro 6. Mix de reactivos de PCR utilizado en el presente estudio.

Componente	**Ci**	**Cf**	**Vi**
Buffer	10X	X	2 µL
dNTPs	10 mM	0.25 mM	0.5 µL
Primer F P4VgF	10 µM	0.25 µM	0.5 µL
Primer R R1VgR	10 µM	0.25 µM	0.5 µL
Taq	5U	1U	0.3 µL
DNA			2.0 µL
H2O bidestilada estéril			14.2 µL
Volumen final			20 µL

Ci: Concentración inicial

Cf: Concentración final

Vi: Volumen inicial

Con la mezcla anterior (Cuadro 6), se realizó una PCR en gradiente a fin de determinar la temperatura de alineamiento óptima para nuestros *primers* P4 VgF y R1VgR (Cuadro 7). Obtenida la temperatura óptima, esta se utilizó para todas las muestras.

Cuadro 7. Condiciones para la PCR: *alineamiento* y el gradiente de temperatura.

<table>
<tr><td>Denaturación inicial</td><td colspan="2">94 ºC 10 min</td><td>1 ciclo</td></tr>
<tr><td>Denaturación</td><td colspan="2">94 ºC 1 min</td><td rowspan="7">30 ciclo</td></tr>
<tr><td rowspan="5">Alineamiento (gradiente de temperatura)</td><td>52 ºC</td><td rowspan="5">1 min</td></tr>
<tr><td>54 ºC</td></tr>
<tr><td>55 ºC</td></tr>
<tr><td>56 ºC</td></tr>
<tr><td>58 ºC</td></tr>
<tr><td>Extensión</td><td colspan="2">72 ºC 1 min</td></tr>
<tr><td>Extensión final</td><td colspan="2">72 ºC 7 min</td><td>1 ciclo</td></tr>
</table>

Se trabajó con un volumen final de 20 µl y una temperatura de alineamiento de 56 ºC. Luego, con lo obtenido se procedió a realizar una electroforesis en agarosa al 2% observándose bandas bien definidas cercanas al tamaño esperado de 460 pb (Figura 8). Los productos se guardaron a -20 °C para su posterior secuenciamiento.

3.4.4. Secuenciamiento

Los fragmentos amplificados por la PCR fueron purificados y secuenciados usando el kit BigDye Terminator v3.1 Cycle Sequencing (Invitrogen), siguiendo la metodología descrita por el fabricante del kit, como sigue:

La secuenciación de ADN se realizó utilizando la química de terminación de cadena por didesoxinucleótidos marcados con fluorescencia (ddNTPs), según el método de Sanger, empleando el kit comercial BigDye Terminator v3.1 Cycle Sequencing Kit (Invitrogen/Thermo Fisher Scientific).

1. Reacción de Secuenciación por Ciclos

Se prepararon mezclas de reacción de 10 µL en tubos de PCR, con las siguientes concentraciones finales por muestra:

Componente	Volumen por reacción (uL)	Concentración/Cantidad Final
BigDye Terminator v3.1 Ready Reaction Mix	0.50 − 0.3	variable
Buffer de Secuenciación 5x	1.0	1x
Cebador (Primer)	0.2 − 0.40.	3.2 − 6.43 pmoles
ADN Molde (Template)	1.0 − 5.01	10 − 100 ng (plásmido) o 5 − 20 ng (PCR)
Agua libre de nucleasas	variable	Para ajustar a 10 µL

Las reacciones se sometieron a los siguientes ciclos térmicos en un termociclador

Paso	Temperatura	Tiempo	Ciclos
Desnaturalización inicial	**96 °C**	**1 min**	**1**
Desnaturalización	**96°C**	**10 seg**	**25**
Hibridación (Annealing)	**50°C**	**5 seg**	**25**
Extensión	**60°C**	**4 min**	**25**

2. Purificación Post-Secuenciación

Tras completar los ciclos, los productos de secuenciación se purificaron para eliminar los ddNTPs fluorescentes y sales no incorporadas con etanol/EDTA.

Los fragmentos purificados se resuspendieron en 10−15µL de formamida altamente desionizada (Hi-Di Formamide) antes del análisis.

3.5 Análisis de Datos

Análisis de secuencias

Los cromatogramas (secuencias) obtenidos de cada muestra fueron analizados con el programa FinchTV, para realizar la visualización de las secuencias, comparación de las

mismas y su modelación, se realizaron estos procedimientos de una forma manual, inicialmente se realizó la edición de los cromatogramas, eliminando las partes más extremas, que suelen ser las partes más indefinidas (la región de cebadores, de aproximadamente 20 nucleótidos) (Tamura *et al*., 2021).

Las secuencias obtenidas fueron comparadas con las secuencias registradas en el Genbank (NCBI) usando el software en línea BLAST, a fin de construir una matriz de datos de muestras procedentes de otros estudios. A esta matriz de datos se volvió a realizar el alineamiento y la edición previamente realizada a las muestras de este estudio para poder tener secuencias con la misma longitud de pb.

El trimado y alineamiento de secuencias fue realizado utilizando el software BioEdit, seguidamente las secuencias se trabajaron con el software MegaX (Tamura *et al*., 2021) buscando el mejor modelo para los análisis, establecer distancias y construir un árbol filogenético, como fue Tamura para 3 parámetros (T92) (Tamura *et al*., 2021).

Se incluyeron en los análisis 24 secuencias de cóndor andino obtenidas de la base de datos del GenBank (MN031952.1; MN0319556.1; MN031953.1; MN031955.1; MN031954.1; MN031957.1; MN031958.1; MN031951.1; MN031949.1; MN031950.1; MN031948.1; MN031947.1; MN031946.1; MN031945.1; MN031944.1; MN031941.1; MN031943.1; MN031942.1; MN031940.1; MN031939.1; MN031938.1; AY129646.1; AY129645.1; AY129644.1) y otras secuencias correspondientes a buitres del nuevo mundo halladas en el GenBank, como gallinazo cabeza amarilla (*Cathartes burrovianus*) (MN720441.1:15607-16698), cóndor de California (*Gymnogyps californianus*) (KX379730.1) y gallinazo cabeza negra (*Coragyps atratus)* (AY426746.1:1084-2417), como referencias para nuestras secuencias.

Se utilizó el programa MEGA 11 -*Molecular Evolutionary Genetics Analysis*, versión 11 (Tamura *et al.,* 2021) donde se determinó el modelo más adecuado para nuestras secuencias (Tamura 3 parámetros; Kimura, 1980) y se construyó el árbol filogenético con Maximum Likehood Tree con un bootstrap de 1000 réplicas.

Se utilizó el programa DnaSP v6.12.03 para conocer si los cambios de nucleótidos (mutaciones) de los haplotipos son neutrales, a través de la prueba de Tajima (Tajima, 1989) y de Fu (Fu, 1997). Así mismo se usó el mismo programa para conocer el número de haplotipos y la diversidad haplotípica (Rozas *et al.,* 2017). Los alineamientos construidos fueron utilizados para estimar cladogramas intra-específicos de los haplotipos utilizando el programa TCS (Clement *et al*., 2000), el cual es un software que agrupa secuencias de pares de bases que difieren entre sí en pasos mutacionales dentro de haplotipos y calcula la frecuencia de estos haplotipos en la matriz, estimando relaciones genealógicas entre ellos, utilizando un algoritmo descrito por Templeton, Crandall y Cantar en 1992 (do Prado, 2009).

IV. RESULTADOS

4.1 Reacción en cadena de la polimerasa (PCR):

Con los buenos resultados obtenidos durante los ensayos previos, es decir, se obtuvo bandas únicas y bien definidas, que nos indica una cantidad suficiente del producto amplificado, asimismo el tamaño esperado en la región control que es no codificante y muy variable, lo que hace que este fragmento sea útil para diferenciar especies o subespecies en aves. Se procedió a realizar la PCR a todas las muestras de ADN de cóndor andino *(Vultur gryphus)* con el par de primers P4 VgF y R1 VgR, en un volumen final de 40 µl y una temperatura de alineamiento de 56 °C, obteniéndose un producto de amplificación de aproximadamente 460 pb, un producto de este tamaño es ideal para la secuenciación por el método Sanger, que suele tener un rango de lectura optimo entre 400 y 800 pb, como se observa en las Figuras 9 y 10 (Sorenson *et al.*, 1999; Ruokonen y Kvist, 2002; Barker *et al.*, 2012).

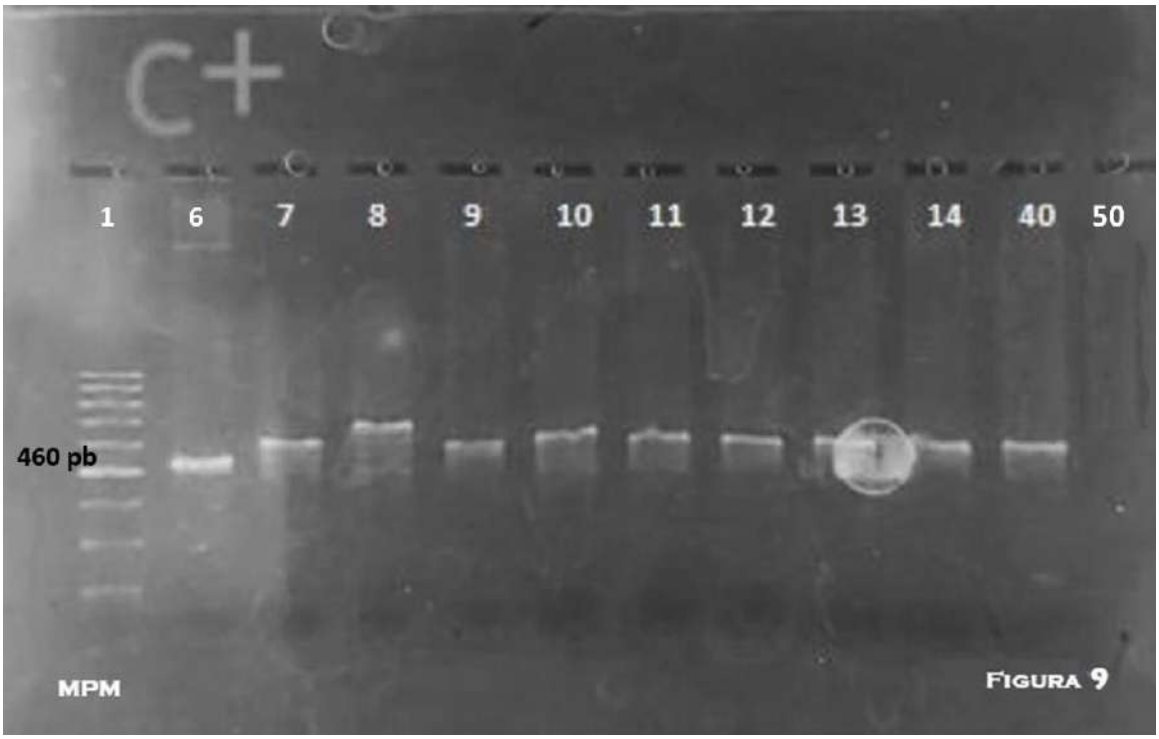


Figura 9: Gel de agarosa al 2% con las muestras 6 al 14, en su respectivo carril. En el carril 1: MPM, es el Marcador de Peso Molecular; en el carril 40: el control positivo y en el carril 50: el control negativo.

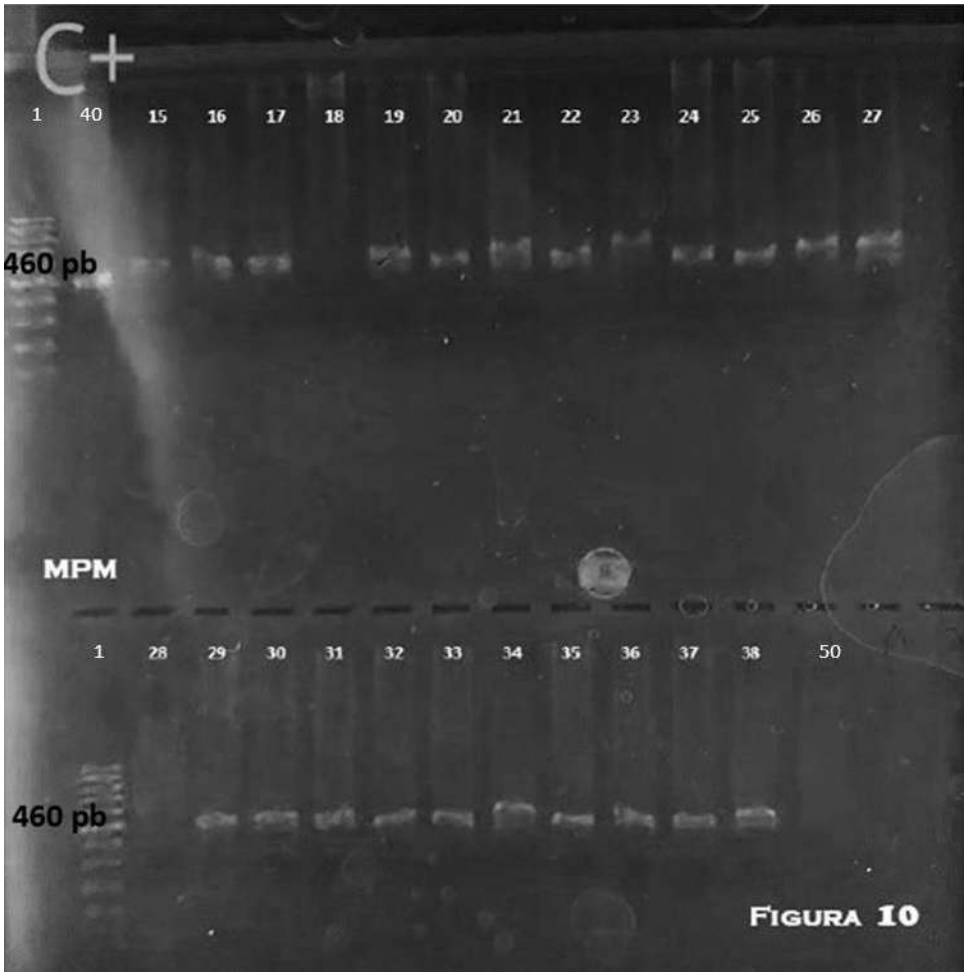


Figura 10: Gel de agarosa al 2% con las muestras del 15 al 38 en su respectivo carril. En el carril 1: MPM, el Marcador de Peso Molecular, en el carril 40: el control positivo y en el carril 50: el control negativo.

Luego de la electroforesis en agarosa al 2%, se observó que 07 muestras no amplificaron (muestras 1, 2, 3, 4, 5, 18, y 28). La falta de amplificación de muestras puede deberse a varios factores, debemos mencionar que la sangre de aves contiene nucleasas y el ADN puede degradarse si hubo problemas en la conservación o mala extracción; el ADN fragmentado no amplifica eficientemente; asimismo, la presencia de inhibidores como la hemoglobina, EDTA, entre otros, interfieren con la actividad de la Taq polimerasa o una cantidad insuficiente de ADN o pérdida de ADN durante el proceso de purificación, pueden

evitar la correcta visualización de las bandas de amplificación en la PCR (Demeke y Jenkins 2009; Alaeddini 2012; Di Lecce *et al,* 2022).

Las muestras restantes (n=33) mostraron bandas de PCR bien definidas, cercanas al tamaño de banda esperado, lográndose la amplificación de 33/40 muestras colectadas, las cuales posteriormente fueron secuenciadas.

En el Cuadro 9 se muestran los productos de la PCR que fueron usados para secuenciar.

Cuadro 9. Productos de la PCR: Se detallan los 33 productos de PCR, indicando Nº de muestra, identificación y el volumen.

N° Muestra	Rotulo de la muestra	Volumen	N° Muestra	Rotulo de la muestra	Volumen
6	Vg6	35ul	24	Vg24	35ul
7	Vg7	35ul	25	Vg25	35ul
8	Vg8	35ul	26	Vg26	35ul
9	Vg9	35ul	27	Vg27	35ul
10	Vg10	35ul	29	Vg29	35ul
11	Vg11	35ul	30	Vg30	35ul
12	Vg12	35ul	31	Vg31	35ul
13	Vg13	35ul	32	Vg32	35ul
14	Vg14	35ul	33	Vg33	35ul
15	Vg15	35ul	34	Vg34	35ul
16	Vg16	35ul	35	Vg35	35ul
17	Vg17	35ul	36	Vg36	35ul
19	Vg19	35ul	37	Vg37	35ul
20	Vg20	35ul	38	Vg38	35ul
21	Vg21	35ul	39	Vg39	35ul
22	Vg22	35ul	40	Vg40	35ul
23	Vg23	35ul			

4.2 Secuenciación:

Se secuenciaron los 33 productos de PCR y se obtuvieron 32 secuencias como resultado. Solo de la muestra Vg30 no se obtuvo secuencia alguna, por ello se trabajó entonces con las 32 secuencias obtenidas, las cuales se alinearon con ClustalX, donde podemos observar cambios de nucleótidos en las posiciones 184 (C/T) y 220 (C/T) Figura 11.

La ausencia de secuencia para este único producto puede atribuirse a una baja concentración del amplicón, a la presencia de productos inespecíficos, a contaminantes residuales de la PCR o del proceso de purificación, también a la degradación del ADN, o a un error puntual durante la preparación o el proceso de secuenciamiento. No se observaron fallas generalizadas en la corrida, lo que sugiere que el inconveniente estuvo asociado a la muestra individual y no al desempeño global del procedimiento (DNACORE 2023; Huang, 2025).

En resumen, de las 40 muestras de sangre de cóndores andinos (Vultur gryphus) mantenidos en cautiverio a nivel nacional, se pudieron obtener 32 secuencias. De las 32 secuencias obtenidas de cóndores andinos, 20 corresponden a cóndores machos y 12 a hembras. En cuanto a la procedencia del ave, 12 aves proceden de la región Cusco, cinco aves proceden de Apurímac, cuatro aves de Ayacucho, tres de Puno, tres de Piura, dos de Arequipa y tres aves sin identificación de su procedencia, fueron tomadas en Lima, como se observa en la Figura 12.

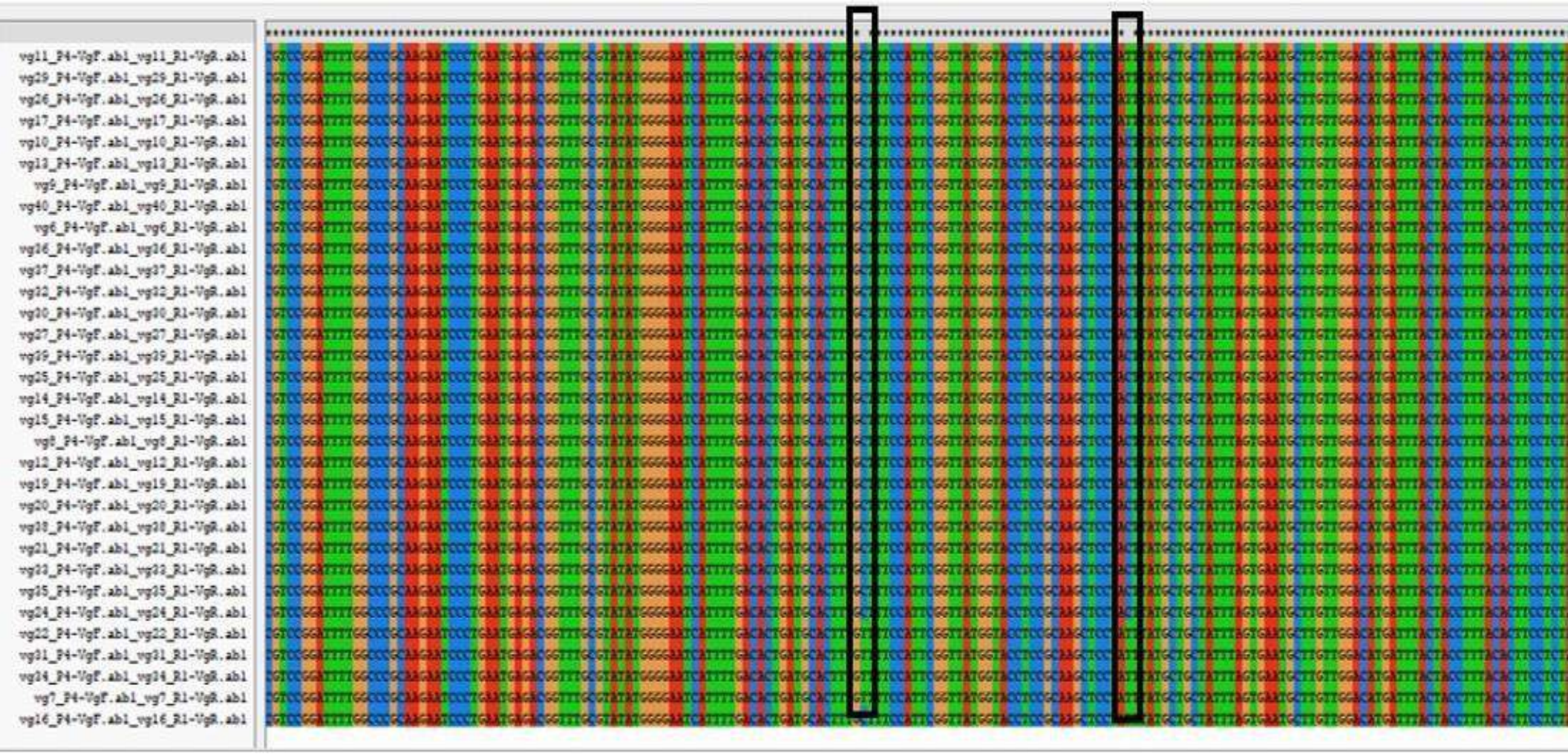


Figura 11. Se muestra la alineación de todas las secuencias (32) con el programa ClustalX. Se destaca las posiciones 184 y 220.

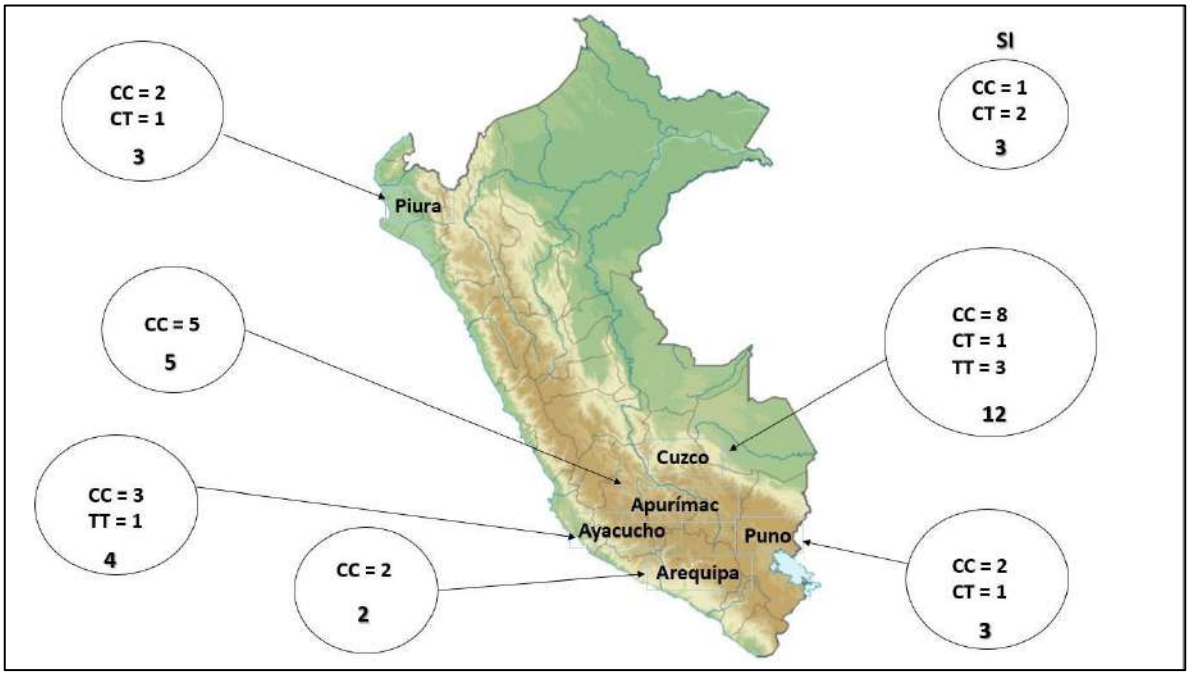


Figura 12. Se observan la cantidad de aves por región y sus haplotipos (CC, TT, CT). SI: Sin Identificación.

En cuanto a los análisis poblacionales según el programa DnaSP se encontraron los siguientes valores: Número de sitios variables= 2; Número de haplotipos=3; Diversidad haplotípica (Hd)= 0.458; Índice de Fu = 0.625 (No significante, P > 0.10); Índice D de Tajima= 0.59290 (No significante, P > 0.10).

El valor hallado de diversidad haplotípica se considera bajo a moderado, indicándonos que hay una baja probabilidad de que dos aves tengan diferentes haplotipos, o también podemos decir que tenemos una alta probabilidad de que dos aves tengan el mismo haplotipo, debido a la poca variabilidad genética, todos los individuos son muy parecidos entre sí, en el ADN materno mitocondrial. El índice de Tajima, se interpreta como neutro, quiere decir que no hay evidencia estadística que nos permita concluir que la población este cambiando activamente. Y el Índice de Fu hallado, refuerza la conclusión de neutralidad, al ser este índice especialmente sensible para detectar expansiones demográficas recientes, siendo positivo y no significativo, se descarta una expansión poblacional reciente. Todos los datos sugieren que la población estudiada de cóndores andinos es demográficamente estable

en el tiempo reciente, sin señales de expansión ni selección fuerte, sin embargo, la baja diversidad haplotípica nos advierte sobre una posible vulnerabilidad genética (Ramos-Onsins *et al.,* 2023; Martin *et al*., 2024).

Observando los alineamientos, se obtuvieron dos mutaciones puntuales (transiciones) en las posiciones 184 (C/T) y 220 (C/T), y cuya combinación generaron hasta tres diferentes haplotipos resultados de su combinación: 184C/220C; 184C/220T; 184T/220T.

Además, se pudo notar que el haplotipo más frecuente en las muestras evaluadas fue el C / C (23/32), seguido del haplotipo C / T (5/32) y finalmente el haplotipo T / T (4/32), como se observa en la Figura 13.

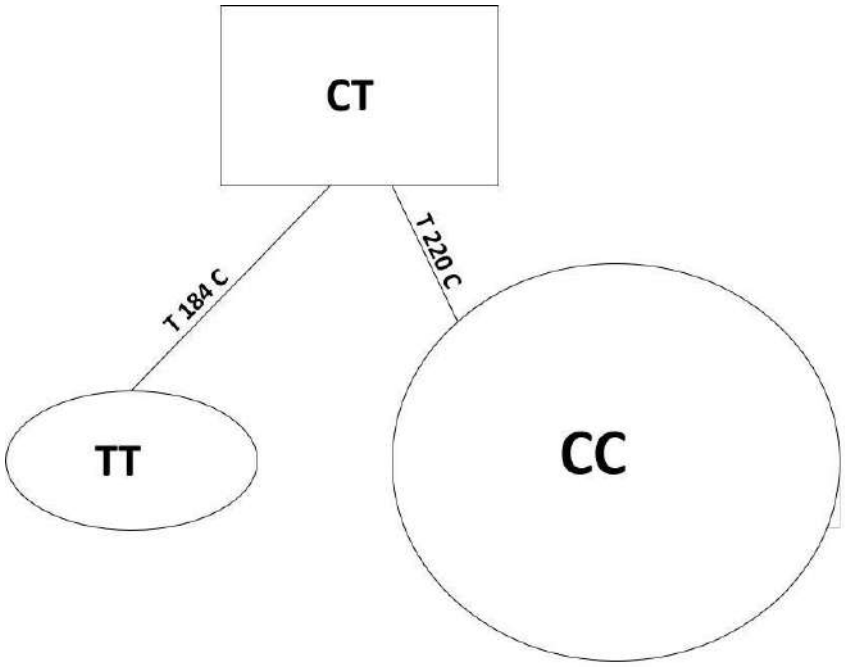


Figura 13: Distribución de los haplotipos encontrados en las muestras de Cóndor andino *V. gryphus*.

Las estimaciones demuestran que todos los cóndores andinos evaluados y mantenidos en cautiverio que fueron muestreados en Perú pertenecen a un solo grupo filogenético o haplogrupo. Teniendo en cuenta la variación del nucleótido en la secuencia de ADN hallado

en la investigación tenemos que los cóndores con la variación C-C, se encuentran en todas las regiones de procedencia, es decir: Piura, Cuzco, Apurímac, Ayacucho, Arequipa, y Puno.

Asimismo, cóndores con la variación C-T, los encontramos en las regiones de Piura, Cuzco y Puno, y con la variación T-T, los hallamos solo en dos regiones, Cuzco y Ayacucho. Figura 14.

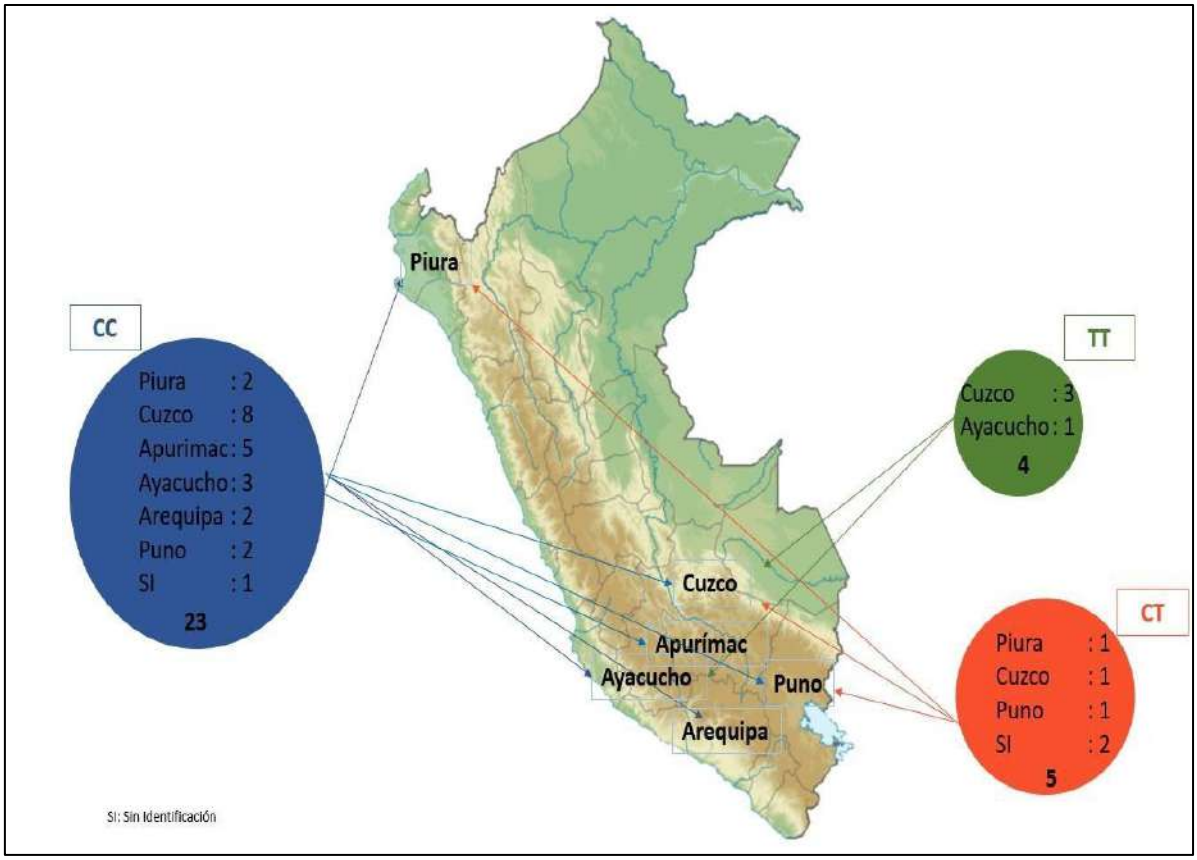
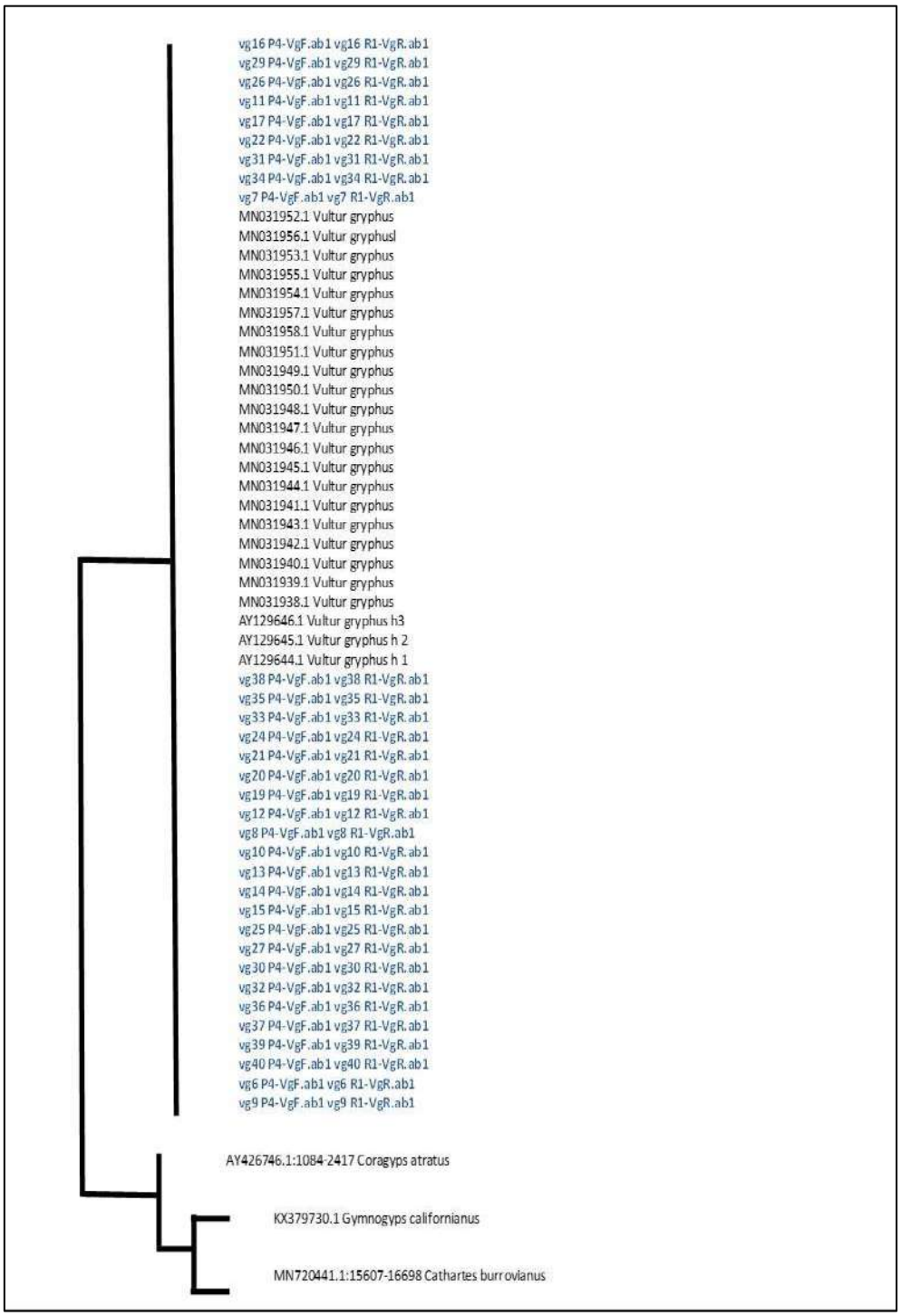


Figura 14. Se muestran las variaciones haplotípicas CC, TT, CT y las cantidades halladas según su región.

Con las secuencias obtenidas y el modelo de análisis recomendado para nuestras secuencias se procedió a realizar un árbol filogenético. Se incluyó en el análisis otras secuencias obtenidas de cóndores andinos y de buitres del nuevo mundo halladas en el GeneBank, para su comparación (Cuadro 10).



Cuadro 10. Árbol filogenético mostrando las 32 secuencias obtenidas del cóndor andino del presente trabajo (en azul), comparadas con 24 muestras diferentes de cóndores andinos halladas en GeneBank (en negro), asimismo comparadas con tres especies diferentes de buitres del nuevo mundo: gallinazo cabeza negro, *(Coragyps atratus),* cóndor de California, *(Gymnogyps californianus)* y gallinazo cabeza amarilla *(Cathartes burrovianus).*

V. DISCUSIÓN

En el presente estudio se secuenciaron 32 muestras de cóndor andino (*Vultur gryphus*), siendo el primer estudio en el Perú que trabaja con sangre extraída de cóndores andinos mantenidos en cautiverio a nivel nacional, muestras que sirven muy bien para la obtención de ADN en aves; la mayoría de los trabajos sobre la especie se han realizado con muestras obtenidas a partir de plumas (Quispe *et al*, 2021) o tejido obtenido de museos (Hendrickson, *et al.* 2003).

Para la obtención de muestras en aves siempre hay que evaluar la factibilidad y beneficio del manejo, teniendo en cuenta la evaluación del método y tipo de muestra que se requiera, considerando que las aves suelen estresarse con el manejo y que una falta de pericia al momento de la toma de muestra, sobre todo de la vena ulnar, podría ocasionar problemas en el ave (Liza, 2006; Cambrone *et al.* 2022). Siendo la sangre la muestra de elección para estudios genéticos (Ruiz *et al,* 2016; Cambrone *et al.* 2022), ya que al ser células nucleadas permitiría una mayor cantidad y buena calidad de ADN, es por ello que se programó cada intervención con el manejo sanitario de las aves, a fin de aprovechar este proceso programado y se realizó siguiendo el adecuado manejo en cada caso.

Se recolectaron las muestras en diferentes zoológicos y zoocriaderos a nivel nacional, correspondientes a seis regiones del Perú, como son Cusco (n=12), Apurímac(n=5), Ayacucho(n=4), Puno(n=3), Piura(n=3) y Arequipa(n=2); obteniendo una muestra representativa de la distribución de los cóndores andinos en Perú.

En trabajos similares donde se tomaron muestras de cóndores de Perú se menciona como localidad la costa del Perú para dos muestras, para otras muestras se menciona como localidad Pisco y el departamento de Ica, pero no se detalla la procedencia real del ave, además son muestras de tejido tomadas de aves taxidermizadas que se encuentran en museos de Estados Unidos (Hendrickson, *et al.* 2003). Esto crea la incertidumbre sobre de la procedencia y ubicación geográfica de los haplotipos hallados para Perú. En el presente estudio se ha detallado la procedencia y se buscó tener la mayor cantidad de muestras posibles de cóndores andinos con la información de procedencia del ave, en vista que, en varias localidades, se tienen cóndores en cautiverio que fueron capturados en otra región; por ello era más importante para este estudio el lugar de procedencia que el lugar donde se encontraban alojados, esto para efectos de la posterior evaluación genética y determinar los lugares en donde se encontrarían los haplotipos de la especie.

En el estudio de Quispe *et al.* (2021) se trabajó con plumas recolectadas de cóndores de vida libre en dos regiones del Perú: Cusco y Apurímac, en las mencionadas regiones se tomaron también muestras de cóndores mantenidos en cautiverio, lugares que también se consideraron en el presente estudio. En nuestro estudio hemos estudiado los 15 cóndores que presenta el trabajo de Quispe *et al.* (2021), y además tenemos los resultados de 4 regiones más donde viven cóndores andinos, llegando a 32 muestras evaluadas, mejorando así la confiabilidad de los resultados y dando mayores alcances sobre la distribución geográfica de los haplotipos presentes en los cóndores andinos mantenidos en cautiverio.

En nuestras muestras (procedentes de 6 regiones del Perú) se determinaron tres haplotipos diferentes, cuyas variaciones estaban en las combinaciones CC (23/32), CT (5/32) y TT (4/32), similar resultado a lo obtenido por Quispe *et al.* (2021), quien reporta el hallazgo de 4 haplotipos, sin embargo, no menciona las combinaciones de los nucleótidos ni la posición nucleotídica en el ADN evaluado, para poder comparar con

nuestros resultados. Hendrickson, *et al.* (2003), menciona 5 haplotipos para toda la región donde habita el cóndor andino (a nivel de Sudamérica), pero para la región sur donde se incluye al Perú, menciona la presencia de solo dos haplotipos. Las muestras que empleó Hendrickson en su estudio proceden de 3 museos de Estados Unidos, quizá como lo menciona en el artículo, la degradación del ADN no permitió el hallazgo de más haplotipos, como sí se hallaron en el presente estudio.

De los haplotipos hallados en el presente trabajo, la variación CC está presente en mayor número de cóndores, 23 aves lo presentan. Este haplotipo está presente en las 6 regiones muestreadas, encontrándose este haplotipo con mayor frecuencia en Cusco (n=8), seguida de Apurímac (n=5), Ayacucho (n=3), Piura(n=2), Puno(n=2) y Arequipa(n=2). Por otro lado, el haplotipo CT estuvo presente en cinco aves que pertenecen a las regiones de Piura (n=1), Cusco (n=1) y Puno (n=1) y dos aves sin registro de procedencia. Finalmente, el haplotipo TT solo se halló en aves pertenecientes a las regiones de Cusco (n=3) y Ayacucho (n=1).

De lo mencionado líneas arriba debemos destacar que la región de Cusco tiene 12 cóndores que presentan los tres haplotipos encontrados, siendo la única región que presenta ello. Mientras los cóndores procedentes de Arequipa (n=2) y Apurímac (n=5) solo presentan el haplotipo CC. Los cóndores procedentes de Puno (n=3) y Piura (n=3) presentan dos haplotipos, CC y CT. Mientras que los cóndores de Ayacucho (n=4), presentan los haplotipos CC y TT. Observamos que los cóndores muestreados tienen una baja variabilidad genética, los haplotipos hallados tiene un solo nucleótido de variación (SNP), lo que corresponde a un solo grupo filogenético o un solo haplogrupo. La distribución de los haplotipos por regiones nos permite tener una idea más clara del movimiento genético de los cóndores andinos.

La observación de los tres haplotipos en la Región Cusco puede deberse a que por muchos años Cusco, fue la capital religiosa, cultural, social y política, “Cusco considerada la ciudad viva más antigua del continente americano por su ocupación continua por más de 3,000 años”(Goyzueta, 1995), permitiendo la congregación de mucha gente, asimismo un depósito y producción de gran cantidad de recursos para toda esa gente y por

consiguiente también debió haber muchos desechos animales, alimento importante para este grupo de buitres, especialistas en carroña, lo cual hubiera permitido una gran concentración y permanentes visitas de cóndores de otras regiones, permitiendo en el tiempo la presencia hasta nuestros días de estos tres haplotipos. Otra explicación podría ser que se han ido perdiendo haplotipos en estas aves, sin embargo, serán necesarios realizar otros estudios a fin de confirmar esto. Las aves de la región de Cusco presentan los tres haplotipos hallados en el presente estudio, esto nos muestra la importancia de la región, como lugar más importante de conservación y de estudios a futuro en esta especie, es un dato destacado que se podría tomar en cuenta y compartirlo entre las instituciones competentes, para la conservación de esta especie.

En el árbol filogenético realizado (Cuadro 11), donde se compara las 32 muestras del presente estudio con las muestras de 24 cóndores de otros estudios (Hedges y Sibley, 1994; Tuinen, *et al.,* 2000; Hendrickson, *et al.* 2003; De Panis, *et al.,* 2021), se observa que no hay variación en la línea genética, son una sola población con una estructura genética homogénea, todos son aparentemente un solo grupo genético, sin subpoblaciones o variaciones.

El cóndor andino, *Vultur gryphus*, es un ave que además de la baja variabilidad genética hallada en el presente estudio y que se corresponde con otros estudios genéticos similares (Hendrickson, *et al.* 2003; Quispe, *et al.* 2021), es un ave que está sujeta a mucha presión antropogénica, la pérdida de su habitad, la falta de alimento natural, la baja tasa de reproducción, la caza furtiva, la electrocución, las colisiones accidentales y principalmente los envenenamientos accidentales y/u orientados, ocasionan perdidas en el número de individuos, muertes que son irreparables no solo en el número de aves, sino en el potencial genético que se pierde (Cuesta 2000; Astore, *et al.* 2016).

Las aves con baja variabilidad genética suelen tener un conjunto limitado de alelos (variantes genéticas) asociados con la respuesta inmune, como los genes del Complejo Mayor de Histocompatibilidad (CMH). Los cambios en el medio ambiente (como el cambio climático, la alteración del hábitat o la contaminación) ejercen presión selectiva sobre las especies. Sin variabilidad genética, las poblaciones carecen de las diferentes

características necesarias para que la selección natural actúe y permita la adaptación a nuevas condiciones (Minias, *et al.* 2019). Como lo mencionan también, Kleinhans y Willows-Munro (2019), es importante evaluar la diversidad genética, tanto dentro como entre las poblaciones, es necesario para una buena gestión y conservación de especies amenazadas. La fragmentación de su hábitat y la reducción del tamaño de las poblaciones pueden afectar la estructura genética de las especies en peligro de extinción, al aumentar los niveles de endogamia y deriva genética dentro de sus poblaciones, lo que a su vez reduce la diversidad genética. Esta reducción de la diversidad genética, puede tener efectos perjudiciales en la capacidad de las especies para recuperarse de las fluctuaciones demográficas, ambientales o genéticas y puede contribuir a la reducción de la supervivencia a largo y corto plazo de las especies en peligro de extinción. Por ello es muy importante realizar estudios sobre genética y continuar incrementando los conocimientos sobre su efecto en las poblaciones de cóndores andinos.

El censo realizado en agosto del 2022 en 16 regiones del Perú, dio como resultado la observación de solo 301 cóndores andinos y en el plan nacional para la conservación del cóndor andino en Perú 2015-2025, se estimó una población aproximada de 2500 de estas aves, una diferencia que hace pensar que debemos mejorar en muchas áreas para su conservación y el riesgo en que se encuentra esta especie. Una de estas importantes áreas es el estudio de la genética poblacional, ya que no solo las mejoras del ambiente o manejo serán suficientes para conservar esta ave, se requiere un manejo integral, observando todas las áreas influyentes para el desarrollo y conservación de esta ave.

Es tarea de esta investigación dar los primeros pasos para conocer el estado genético de estas aves y con ello orientar a las autoridades nacionales para que se tomen las medidas necesarias y oportunas para la conservación de esta especie.

VI. CONCLUSIONES

* Las muestras evaluadas corresponderían a un solo haplogrupo con 03 haplotipos diferentes, en las 32 muestras provenientes de cóndor andino (*Vultur gryphus*) mantenidos en cautiverio a nivel nacional.

* La variación en las secuencias mitocondriales estudiadas fue en un solo nucleótido: CC (23/32), CT (5/32) y TT (4/32).

* La Región Cusco, es la única región que cuenta con los tres haplotipos hallados.

VII. RECOMENDACIONES

- Se recomienda realizar estudios de genética poblacional en cóndores andinos (*Vultur gryphus)* de vida libre que involucre mayor cantidad de animales y mayores zonas de distribución en el Perú.

- Se recomienda difundir los resultados del presente estudio sobre la baja variabilidad genética del cóndor andino (*Vultur gryphus*) permitiendo así concientizar a la población sobre la problemática que presenta esta ave a nivel nacional.

VIII. LITERATURA CITADA

1. **ACOPAZOA, Ministerio del Medio Ambiente de Colombia y AZA. 2013.** Manual de Manejo y Cuidado del Cóndor Andino (*Vultur gryphus*) en Cautiverio. Traducido y adaptado de: Andean Condor (*Vultur gryphus*) Care Manual American Association of Zoos and Aquariums (AZA). pp80.
2. **Aguilar J. 2011.** Determinación de la variabilidad genética en tres poblaciones de vicuñas (*Vicugna vicugna mensalis)* en cautiverio a partir de muestras de heces. Tesis para optar al título profesional de Biólogo con mención en Biología Celular y Genética. Universidad Nacional Mayor De San Marcos, Facultad De Ciencias Biológicas, E.A.P de Ciencias Biológicas. Lima-Perú.
3. **Alarcón P, Morales J, Donázar J, Sánchez-Zapata J, Hiraldo F, Lambertucci S. 2017.** Sexual-size dimorphism modulates the trade-off between exploiting food and wind resources in a large avian scavenger. Sci Rep 7:11461

4. **Alarcón P, Lambertucci S, Donázar J, Hiraldo F, Sánchez-Zapata J, Blanco G, Morales J. 2015.** Movement decisions in natural catastrophes: how a flying scavenger deals with a volcanic eruption. Behav Ecol 27:75–82
5. **Alarcón P, Lambertucci S, Morales J, Wiemeyer G, Mastrantuoni O, Shepard E, Sanchez A, Blanco G, De la Riva M, Hiraldo F, Donazar J. 2013**. La ecología del movimiento: tras los pasos del cóndor andino. Desde la Patagonia Difundiendo Saberes. Vol. 10 Nº 16. 2013.
6. **Alaeddini R. 2012**. Forensic implications of PCR inhibition—A review. Volume 6, Issue 3, 2012, Forensic Science International: Genetics, Pages 297-305, ISSN1872-4973,https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2011.08.006. (https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1872497311001797)
7. **Alcaide M, Cadahía L, Lambertucci S, Negro J. 2010.** Noninvasive Estimation of Minimum Population Sizes and Variabilit y of the Major Histocompatibilit y Comple x in the Andean Condor. The Condor 112(3):470–478.
8. **Aliaga E, Ríos B, Ticona H. 2012.** Amenazas de los perros domésticos en la conservación del cóndor, el zorro y el puma en las tierras altas de Bolivia. Revista latinoamericana de Conservación. Vol.2(2)-3(1):78-81.
9. **Aranguren-Méndez J, Rincón-Carruyo X, Bravo R. 2017.** Aplicación de la Genética Molecular en la Producción Animal. Revista Ecuatoriana de Ciencia Animal, 1(1), 1-13. http://revistaecuatorianadecienciaanimal.com/index.php/RECA/article/view/14
10. **Astore V, Estrada R, Jácome L. 2016.** Reintroduction strategy for the Andean Condor Conservation Program, Argentina. International Zoo Yearbook. Int. Zoo Yb. (2016) 51: 1–13. The Zoological Society of London. DOI:10.1111/izy.12140
11. **Avise J, Nelson W, Sibley C. 1994.** DNA sequence support for a close phylogenetic relationship between some storks and New World vultures. . Proc. Nati. Acad. Sci. USA. Vol. 91, pp. 5173-5177, May 1994. Evolution
12. **Ayala W, Romero C, Vargas V. 2020.** Registro audiovisual de la colisión de un individuo de Cóndor Andino (*Vultur gryphus*) con una línea de transmisión eléctrica en el Valle del Sondondo, provincia de Lucanas, Ayacucho, Perú. Boletín UNOP Vol 15. N° 2 - 2020
13. **Balasch J, Musqueba S, Palacios L, Jimenez M, Palomeque J. 1976.**

Comparative hematology of some falconiforms. The Condor 78:258-273, 1976

14. **Ballejo F, Plaza P, Lambertucci S. 2020.** The conflict between scavenging birds and farmers: Field observations do not support people's perceptions. Biological Conservation 248 (2020) 108627. https://doi.org/10.1016/j.biocon.2020.108627
15. **Barker F, Benesh M, Vandergon A, Lanyon S. 2012.**Contrasting Evolutionary Dynamics and Information Content of the Avian Mitochondrial Control Region and ND2 Gene Published: PLOSone October 5, 2012 https://doi.org/10.1371/journal.pone.0046403
16. **Bazán P, Esquén D. 2019**. Análisis de la variabilidad genética de la población de Suri (*Pterocnemia pennata*) de tres centros de rescate de Puno y Lambayeque mediante marcadores microsatélites.
17. **Bercovitz A, Sarver P. 1988**. Comparative sex-related differences of excretory sex steroids from day-old Andean Condor (*Vultur gryphus*) and the Peregrine Falcon (*Falco peregrinus*). Non-invasive monitoring neo-natal endocrinology. Zoo Biology 7: 147-153.
18. **BirdLife International 2017**. *Vultur gryphus*. The IUCN Red List of Threatened Species 2017: e. T22697641A117360971. http://dx.doi.org/10.2305/IUCN.UK.2017-3.RLTS.T22697641A117360971.en. Downloaded on 04 December 2019.
19. **Blanco G, Hornero-Méndez D, Lambertucci S, Bautista L, Wiemeyer G, Sanchez-Zapata J, Donázar J. 2013**. Need and Seek for Dietary Micronutrients: Endogenous Regulation, External Signalling and Food Sources of Carotenoids in New World Vultures. PLoS ONE, 8(6), e65562. doi:10.1371/journal.pone.0065562
20. **Bornancini C. 2013**. Cerro Colorado. "El chamán, el cóndor y el jaguar". Ecoval, Córdoba.
21. **Brown L, Amidon D. 1989**. Eagles, Hawks and Falcons of the World. McGraw- Hill, New York. USA. 945 p.
22. **Brown T. 2000.** The polymerase chain reaction. In Essential molecular biology. A practical approach. Ed. T.A.Brown 2º Ed. Vol. 2. Oxford University Press. Oxford: 98-120
23. **Cailly V, Ortiz G, Borghi C. 2013**. Características Poblacionales del Cóndor Andino (*Vultur gryphus*) en el Parque Natural Provincial Ischigualasto, Argentina. Short Communications. Ornitologia Neotropical 24: 1–X, 2013.

24. **Cailly-Arnulphi V, Giannoni S, Borghi C. 2014**. Cortejo y cópula de una pareja de cóndor andino (*Vultur gryphus)* en un área de alimentación. Hornero 29(2):93- 95, 2014.
25. **Cailly V, Lambertucci S, Borghi C. 2017**. Education can improve the negative perception of a threatened long-lived scavenging bird, the Andean condor. PLoS ONE 12 (9): e0185278. https://doi.org/10.1371/journal
26. **Cambrone C, Motreuil S, Reyes F, Landestroy M, Cézilly F, Bézault E. 2022.** Obtaining DNA samples from sensitive and endangered bird species: a comparison of saliva and blood samples. Ardeola, 69: 311-326. DOI:10.13157/arla.69.2. 2022.sc1
27. **Cano L, Rosadio R, Maturrano L, Dávalos R, Wheeler J. 2012**. Caracterización fenotípica y análisis de ADN mitocondrial de llamas de Marcapomacocha, Perú. Rev Inv Vet Perú 2012; 23 (3): 388-398
28. **Caselli SC, Maturrano HL. 2016.** Sexaje molecular a partir de heces en osos de anteojos (*Tremarctos ornatus)* Revista de Investigaciones Veterinarias del Perú, 27(2), 252-258. https://dx.doi.org/10.15381/rivep.v27i2.11641
29. **Castán Alloza S. 2017**. ¿Cuáles son los mecanismos básicos a considerar en la conservación de las especies de animales silvestres? El milano real (*Milvus milvus*) como modelo de conservación. Trabajo de fin de grado en Veterinaria. Universidad de Zaragosa, Facultada de Veterinaria.
30. **Di Lecce I, Sudyka J, Westneat D, Szulkin M. 2022**. Preserving avian blood and DNA sampled in the wild: A survey of personal experiences. Ecol Evol. 2022 Aug 29;12(8): e9232. DOI: 10.1002/ece3.9232. PMID: 36052299; PMCID: PMC9424668.
31. **Demeke, T, Jenkins G. 2009**. Influence of DNA extraction methods, PCR inhibitors and quantification methods on real-time PCR assay of biotechnology-derived traits. Analytical and bioanalytical chemistry. September 2009. 396(6): 1977-90. DOI: 10.1007/s00216-009-3150-9.
32. **DNACORE 2023.** Sanger DNA Sequencing: Troubleshooting. En: https://dnacore.mgh.harvard.edu/new-cgi-bin/site/pages/sequencing_pages/seq_ troubleshooting.jsp?utm_
33. **Fuentes-Castillo D, Esposito F, Cardoso B, Dalazen G, Moura Q, Fuga B,**

Lincopan N. 2020. Genomic Data Reveal International Lineages of Critical Priority Escherichia coli Harbouring Wide Resistome in Andean Condors (*Vultur gryphus* Linnaeus, 1758). Molecular Ecology 2020;29:1919–1935. doi:10.1111/mec.15455

34. **Cerliz M, Ceballos C. 2016.** Guía de manejo veterinario de fauna silvestre para las haciendas: Vegas de la Clara, La Candelaria y La Montaña de la Universidad de Antioquia. Universidad de Antioquia, Facultad de Ciencias Agrarias, Medellín, Colombia.
35. **Cervantes F, Castañeda M. 2012**. Efecto genético del aislamiento geográfico de la liebre negra (*Lepus insularis*), endémica de Isla Espíritu Santo, Baja California Sur, México. THERYA, Agosto, 2012. Vol.3(2):151-170 DOI: 10.12933/therya-12-66

Chebez J, Nigro N. 2010. Aportes preliminares para un plan de manejo y conservación del puma (*Puma concolor*) en la República Argentina. Informe inédito, Primer Taller de Conservación y Situación Actual del Puma, Red de Acción contra el Tráfico de Especies Silvestres, Mendoza-Argentina.

36. **Clement M, Posada D, Crandall KA. 2000.** TCS: a computer program to estimate gene genealogies. Mol Ecol. 2000 Oct;9(10):1657-9. doi: 10.1046/j.1365-294x.2000.01020.x. PMID: 11050560.
37. **Coria O. 2010.** Primer registro documentado del cóndor andino (*Vultur gryphus*) en sierras de guasayán, Santiago del estero, Argentina. Nuestras Aves 55: 46-47.
38. **Corporación Autónoma Regional de Cundinamarca. CAR. 2017**. Plan de Manejo y Conservación del Cóndor de los andes (*Vultur gryphus*) en la jurisdicción de la Corporación Autónoma Regional de Cundinamarca CAR. Dirección de Recursos Naturales, República de Colombia.
39. **Cuesta M. 2000**. Memorias de la Primera Reunión Internacional de Especialistas en Cóndor Andino (*Vultur gryphus*). WWF y Fundación Bioandina, Mérida-Colombia.
40. **D´Elia J, Haig S, Mullins T, Miller M. 2016**. Ancient DNA reveals substantial genetic diversity in the California condor (*Gymnogyps californianus*) prior to a population bottleneck. The Condor: Ornithological Applications Vol.118: 2016. 703–714pp.
41. **De Panis D, Lambertucci S, Wiemeyer G, Dopazo H, Almeida C, Mazzoni J, Padró J. 2021.** Mitogenomic analysis of extant condor species provides insight into the molecular evolution of vultures. Scientific Reports, 11(1). doi:10.1038/s41598-

021-96080-6

42. **De Vault T, Rhodes O, Shivik J. 2003.** Scavenging by vertebrates: behavioral, ecological, and evolutionary perspectives on an important energy transfer pathway in terrestrial ecosystems. Oikos 102:225–234
43. **Del Hoyo J, Elliott A, Sargatal J. 1994**. Handbook of the Birds of the World. Vol. 2. New World Vultures to Guineafowl, Lynx editions, Barcelona.
44. **Donazar J, Lambertucci S, Alarcón P, Mastrantuoni O, De la Riva M, Wiemeyer G, Sanchez A, Blanco G, Hiraldo F. 2012.** Ecología y Conservación del Cóndor andino en la Patagonia. Quercus 332 diciembre 2012.
45. **Doussang D, Palma C, Moreno L, Zambrano B, Pavez E, Cerda F, Gonzalez-Acuña D. 2018**. Hematological and biochemical parameters of captive Andean condors. The Raptor Research Foundation, Inc. J. Raptor Res. 52(1):72–81
46. **Duclosa M, Sabat P, Newsome S, Pavez E, Galbán-Malagón C, Jaksic F, Quirici V. 2020.** Latitudinal patterns in the diet of Andean condor (Vultur gryphus) in Chile: Contrasting environments influencing feeding behavior. Science of The Total Environment, 140220. doi:10.1016/j.scitotenv.2020.140220
47. **Elbroch L, Wittmer H. 2012**. Table scraps: inter-trophic food provisioning by pumas. Biol. Lett. (2012) 8, 776–779.
48. **El Peruano. 2000.** Ley Nº 27308. Ley Forestal y de Fauna Silvestre.
49. **El Peruano. 2014a**. Ley Nº 30203.- Ley que declara de interés nacional y necesidad pública la Protección y Conservación del cóndor andino.
50. **El Peruano. 2014b**. Decreto Supremo Nº 004-2014-MINAGRI. Decreto Supremo que aprueba la actualización de la lista de clasificación y categorización de las especies amenazadas de fauna silvestre legalmente protegidas.
51. **El Peruano. 2021**. Nota de prensa. En: https://www.gob.pe/institucion/serfor/noticias/494227-serfor-implementara-proyecto-de-inversion-publica-para-la-conservacion-del-condor-andino
52. **El Peruano. 2022.** El Perú suma 301 cóndores andinos y viven en 16 departamentos. En: https://elperuano.pe/noticia/198452-el-peru-suma-301-condores-andinos-y-viven-en-16-departamentos#:~:text=Ciencia%20y%20Tecnolog%C3%ADa-,El%20Per%C3%BA%20suma%20301%20c%C3%B3ndores%20andinos%20y%2

0viven%20en%2016,%2C%20Arequipa%2C%20Apur%C3%ADmac%20y%20Lima.

53. **Escobar V, Alvarado S, Vargas H, Bonacic C. 2015**. Estructura de edad y sexo de cóndor andino (*Vultur gryphus*) en áreas de alimentación de chile central. Ornitología neotropical 26, 157–167, 2015
54. **Estrada R, Jácome L, Astore V, Borghi C, Piña C. 2020**. Pesticides: The most threat to the conservation of the Andean condor *(Vultur gryphus*) Biological Conservation 242 (2020) 108418 https://doi.org/10.1016/j.biocon.2020.108418
55. **Ferrer M, Morandini V, Baumbusch R, Muriel R, De Lucas M, Calabuig C. 2020**. Efficacy of different types of "bird flight diverter" in reducing bird mortality due to collision with transmission power lines. Global Ecology and Conservation 23 (2020) e01130 https://doi.org/10.1016/j.gecco.2020.e01130
56. **Fu YX. 1997.** Statistical test of neutrality of mutation against population growth, hitchhiking and background selection. Genetics. 147, 915-925.
57. **García C, Gil J, Alcántara M, Cortes M, Bonafonte J, Arruga, M. 2009**. Comparison of different procedures of DNA analysis for sex identification in the endangered bearded vulture (*Gypaetus barbatus*). Eur J Wildl Res (2009) 55:309–312 DOI 10.1007/s10344-008-0239-y
58. **García C, Gil J, Alcántara M, Gonzales J, Cortes M, Bonafonte J, Arruga M. 2012.** The present Pyrenean population of bearded vulture (*Gypaetus barbatus*): Its genetic characteristics. J Biosci 37(4), 689–694 (2012). doi.org/10.1007/s12038- 012-9229-z
59. **Gargiulo C. 2012.** Distribución y situación actual del cóndor andino (*Vultur gryphus*) en las sierras centrales de Argentina. Tesis doctoral, Universidad Nacional de Córdoba, Córdoba- Argentina.
60. **Gautschi, B, Tenzer I, Muller J, Schmid, B. 2000.** Isolation and characterization of microsatellite loci in the bearded vulture (*Gypaetus barbatus*) and cross-amplification in three Old World vulture species. Molecular Ecology, 9(12), 2193–2195. doi:10.1046/j.1365-294x.2000.105321.x
61. **Gee G, Carpenter J, Hensler. G. 1981**. Species Differences in Hematological Values of Captive Cranes, Geese, Raptors, and Quail. The Journal of Wildlife Management, Vol. 45, No. 2 (Apr., 1981), pp. 463-483 Wiley on behalf of the

Wildlife Society.

62. **Gil A, Arruga M, Alcántara M. 2013**. Confirman la salud genética del quebrantahuesos en Pirineos. Quercus 324 febrero 2013.
63. **Gordillo S. 2000.** La magia del cóndor. El cóndor andino como patrimonio natural-cultural. PNUMA y Fundación Bioandina Argentina, Córdoba
64. **Gordillo S. 2002.** El cóndor andino como patrimonio cultural y natural de Sudamérica. Pp. 327–342 en: Actas del I Congreso Internacional Patrimonio Cultural. Centro Cultural Canadá y Facultad de Lenguas, Universidad Nacional de Córdoba, Córdoba- Argentina.
65. **Goyzueta V. 1995.** Qosqo, Capital sagrada de los Inkas. Disponible en: https://www.academia.edu/43659162/Cusco_Cuzco_Qosqo_Capital_Sagrada_de_los_Inkas
66. **Grossman M, Hamlet J. 1964**. Birds of prey of the world. Bonanza, Nueva York.
67. **Guido J, Alarcón P, Lambertucci S. 2017**. The challenge of protecting dispersants of a species with large home ranges, the Andean condor. Proceedings of the Ornithological Congress of The Americas (XVII RAO/XXIV CBO/ XCVAFO), pp. 223–224. Puerto Iguazu, Argentina
68. **Hedges B, Sibley C. 1994**. Molecules vs. morphology in avian evolution: the case of the "pelecaniform" birds. Proceedings of the National Academy of Sciences, 91(21), 9861–9865. doi:10.1073/pnas.91.21.9861
69. **Hendrickson S, Bleiweiss R, Matheus J, De Matheus L, Jácome N, Pavez E. 2003**. Low genetic variability in the geographicaly widespread Andean Condor. Condor 105:1–12.
70. **Ibarra J, Barreau A, Massardo F, Rozzi R. 2012**. El cóndor andino: una especie biocultural clave del paisaje sudamericano. Boletín Chileno de Ornitología 18:1–22
71. **IUCN Bangladesh 2016.** Vultures and Vulture Safe Zones of Bangladesh. IUCN, International Union for Conservation of Nature, Bangladesh Country Office, Dhaka, Bangladesh, pp. x+184.
72. **Jácome N, Lambertucci S. 2000.** Santuarios del Cóndor para la conservación de la naturaleza. Fundación Bioandina Argentina y Zoológico de Buenos Aires, Buenos Aires.
73. **Jenny D, Kéry M, Trotti P, Bassi E. 2018.** Philopatry in a reintroduced population

of bearded vultures Gypaetus barbatus in the Alps. J Ornithol 159:507–515

74. **Johnson J, Brown J, Fuchs J, Mindell D. 2016**. Multi-locus phylogenetic inference among New World Vultures (Aves: Cathartidae). Molecular Phylogenetics and Evolution 105 (2016) 193–199. http://dx.doi.org/10.1016/j.ympev.2016.08.025
75. **Kimura M. 1980.** A simple model for estimating evolutionary rates of base substitutions through comparative studies of nucleotide sequences. J Mol Evol. 16:111-120. doi: 10.1007/bf01731581
76. **Kleinhans C, Willows-Munro S**. **2019.** Low genetic diversity and shallow population structure in the endangered vulture, *Gyps coprotheres.* Sci Rep 9, 5536 (2019). https://doi.org/10.1038/s41598-019-41755-4
77. **Lambertucci S. 2007.** Biología y conservación del Cóndor Andino (*Vultur gryphus*) en Argentina. Hornero 22:149–158
78. **Lambertucci S, Ruggiero A. 2013.** Cliffs Used as Communal Roosts by Andean Condors Protect the Birds from Weather and Predators. PLoS ONE 8(6):e67304. doi:10.1371/journal.pone.0067304
79. **Lambertucci S. Mastrantuoni O. 2008.** Breeding behavior of a pair of free-living Andean Condors. Journal of Field Ornithology. 79(2):147–151.
80. **Lambertucci S, Navarro J, Zapata J, Hobson K, Alarcón P, Wiemeyer G, Blanco G, Hiraldo F, Donázar J. 2018.** Tracking data and retrospective analyses of diet reveal the consequences of loss of marine subsidies for an obligate scavenger, the Andean condor. Proc R Soc Lond B 285:20180550
81. **Lambertucci S, Speziale K. 2009.** Some possible anthropogenic threats to breeding Andean condors (*Vultur gryphus*). J Raptor Res 43:245–249
82. **Lambertucci S, Trejo A, Di Martino S, Sánchezzapata J, Donázar J, Hiraldo F. 2009.** Spatial and temporal patterns in the diet of the Andean Condor: ecological replacement of native fauna by exotic species. Animal Conservation 12:338–345.
83. **Lambertucci S, Carrete M, Donazar, Hiraldo F. 2012.** Large-Scale Age-Dependent Skewed Sex Ratio in a Sexually Dimorphic Avian Scavenger. PLoS ONE 7(9): e46347. doi:10.1371/journal.pone.0046347
84. **Liza J. 2006.** Determinación del sexo en guacamayos de las especies *Ara ararauna,*

Ara macao, Ara chloropthera, Ara militaris, Propyrrhura couloni mediante el uso de ADN. Tesis para optar el título profesional de Médico Veterinario. Facultad de Medicina Veterinaria de la Universidad Nacional Mayor de San Marcos. https://cybertesis.unmsm.edu.pe/bitstream/handle/20.500.12672/685/Liza_rj.pdf?sequence=1&isAllowed=y

85. **Manzano J, Jiménez D, Lobo R, Cailly V. 2017.** El cóndor andino (*Vultur gryphus*): ¿predador o carroñero? Pluralidad de percepciones entre los saberes locales y el discurso académico en las sierras centrales de argentina. Hornero 32(1):29-37.
86. **Marinero N, Cailly-Arnulphi V, Lambertucci S, Borghi C. 2018.** Pigmentation and not only sex and age of individuals affects despotism in the Andean condor. PLoS ONE 13 (10): e0205197.
87. **Márquez C, Bechard M, Gast F, Vanegas V. 2005.** Aves rapaces diurnas de Colombia. Instituto de Investigación de Recursos Biológicos "Alexander von Humboldt". Bogotá Colombia. 394p.
88. **McGahan J. 1972.** Behavior and ecology of the Andean Condor. Tesis doctoral, University of Wisconsin, Madison
89. **McGahan J. 1971.** The Condor, soaring spirit of the Andes. National Geographic. 139(5): 684-709.
90. **Mendoza P, Murillo Y. 2014.** Protocolo de evaluación clínica de Cóndores utilizados en las festividades del Yawar fiesta. 2007 – 2012. Documento de Trabajo #9. Wildlife Conservation Society, Lima, Perú.
91. **Minias P. Pikus E. Anderwald D. 2019.** Allelic diversity and selection at the MHC class I and class II in a bottlenecked bird of prey, the White-tailed Eagle. January 2019BMC Evolutionary Biology. 19(1). DOI:10.1186/s12862-018-1338-3
92. **Molina E, Lasso S. 2013.** Estudio de los hábitos del Cóndor Andino (*Vultur gryphus)* en el Ecuador, basado en la sistematización de registros históricos. RICIT Num. 6 (pp. 40-58) ISSN: 1390-6305.
93. **More A. 2010.** El cóndor andino y la Península Illescas. Boletín Informativo UNOP Vol. 5 Nº2. 2010.
94. **Nallar R, Morales A, Gómez H. 2008.** Manual para la identificación y reconocimiento de eventos de depredación del ganado doméstico por carnívoros alto andinos. Wildlife Conservation Society, La Paz- Bolivia.

95. **Narváez F, Arbeláez E, Kohn S, Ortega A, Vargas H. 2017.** Censo Regional del Cóndor Andino en el Sur del Ecuador. Informe para el Ministerio del Ambiente de Ecuador y Grupo Nacional de Trabajo del Cóndor Andino.
96. **Navarrete J. 2016.** Analysis of the genetic sitution of the Ecuadorian Andean Cóndor (*Vultur gryphus).* Tesis para optar el grado de Master. Facultad de Medicina de Ribeirao Preto. Universidad de Sao Paulo. Brasil.
97. **Navarrete J. 2012.** Determinación de la relación de parentesco entre los cóndores (*Vultur gryphus*) en cautiverio en el Ecuador a través de micro satélites. Tesis para optar el grado de Médico Veterinario y Zootecnista. Escuela de Medicina Veterinaria y Zootecnia. Universidad de Las Américas. Ecuador.
98. **Naveda-Rodríguez A, Vargas F, Kohn S, Zapata-Ríos G. 2016**. Andean Condor (*Vultur gryphus*) in Ecuador: Geographic Distribution, Population Size and Extinction Risk. PLoS ONE 11(3): e0151827. doi:10.1371/journal.pone.0151827
99. **Naveda-Rodríguez A, Vargas F, Kohn S, Zapata-Ríos G. 2015.** Censo Nacional del Cóndor andino en Ecuador. Ministerio del ambiente y Grupo Nacional de trabajo del Cóndor andino en Ecuador. Quito, Ecuador, octubre 2015. 18pp.
100. **Nicholas F. 1996.** Introducción a la genética veterinaria. Ed. Acribia S.A. Barcelona España.
101. **Malomane D, Simianer H, Weigend A, Reimer C, Schmitt A, Weigend S. 2019**. The SYNBREED chicken diversity panel: a global resource to assess chicken diversity at high genomic resolution. BMC genomics, 20(1), 345. https://link.springer.com/article/10.1186/s12864-019-5727-9
102. **Markle S. 2007.** Los Buitres, animales carroñeros. Ed. Lerner. 39p.
103. **Margalida A. 2016.** Quebrantahuesos – *Gypaetus barbatus*. Enciclopedia Virtual de los Vertebrados Españoles. Salvador A., Bautista L. (Eds.). Museo Nacional de Ciencias Naturales, Madrid. Disponible en: http://www.vertebradosibericos.org/
104. **Méndez D, Soria-Auza R, Vargas F, Herzog S. 2015.** Population status of Andean Condor in central and southern Bolivia. Journal of Field Ornithology 86: 205-212.
105. **Méndez D, Marsden S, Lloyd, H. 2018.** Assessing population size and structure for Andean condor *Vultur gryphus* in Bolivia using a photographic 'capture-

recapture' method. IBIS. International Journal of Avian Science. Ibis (2018), 161, 867–877. doi: 10.1111/ibi.12681

106. **Meydan H, Jang C, Yıldız A, Weigend S. 2016**. Maternal origin of Turkish and Iranian native chickens inferred from mitochondrial DNA D-loop sequences. Asian-Australasian journal of animal sciences, 29(11), 1547. https://misuse.ncbi.nlm.nih.gov/error/abuse.shtml

107. **Ogada D, Keesing F, Virani M. 2012.** Dropping dead: causes and consequences of vulture population declines worldwide. Ann. N.Y. Acad. Sci. ISSN 0077-8923

108. **O´Neal M. 2016.** VULTURES. Their Evolution, Ecology and Conservation. CRC Press Taylor & Francis Group.

109. **Ospina P. 2013**. Situación del Cóndor andino (*Vultur Gryphus*) en Latinoamérica. Revisión Bibliográfica. SIRIVS Sistema de Revisiones en Investigación Veterinaria de San Marcos. Universidad Nacional Mayor de San Marcos. Facultad de Medicina Veterinaria.

110. **Ospina P, Ramirez M, Maturrano L. 2021**. Los buitres, aves carroñeras del Viejo Mundo y Nuevo Mundo. Rev Inv Vet Perú 2021; 32(5): e21337 http://dx.doi.org/10.15381/rivep.v32i5.21337

111. **Ozier J. 1986.** Social behavior of Andean condors at Patuxent Wildlife Research Center. M.Sc. Thesis, University of Georgia. 135 pp.

112. **Padró J, Pauli J, Perrig P, Lambertucci S. 2019.** Genetic consequences of social dynamics in the Andean condor: the role of sex and age. Ecology and Sociobiology (2019) 73:100

113. **Pavez E. 2008**. Plumaje de color anormal en cóndor andino (*Vultur gryphus*) en Chile central. Boletín Chileno de Ornitología 14(1):52-55.

114. **Pavez E. 2020.** Presencia de cóndores (*Vultur gryphus*) en el área urbana de Santiago, Chile. Revista Chilena de Ornitología 26 (1): 26-32 Unión de Ornitólogos de Chile 2020

115. **Paz-y-Miño C, Navarrete J, Sánchez M, Gaviria A, Leone P, Cabrera-Andrade A, López-Cortés A, Burgos G. 2015.** Development of a multiplex system for identifying individuals of Andean Condor (*Vultur gryphus*). Forensic Science International: Genetics Supplement Series. Volume 5, December 2015, Pages e228-e230

116. **Perrig P, Lambertucci S, Donadio E, Padró J, Pauli J. 2019.** Monitoring vultures in the 21st Century: the need for standardized protocols. Journal of Applied Ecology. doi:10.1111/1365-2664.13348

117. **Peters J. 1979.** Checklist of the Birds of the World. Volume 1. 2nd Edition. Cambridge Press.

118. **Piana R. 2014.** Possible impacts of supplementary feeding and traditional ceremonies on wild Andean Condors (*Vultur gryphus*) populations in Peru and recommendations for its conservation. Ornitología Neotropical 25:37–46

119. **Piana R, Angulo F. 2015.** Identificación y estimación preliminar del número de individuos de Cóndor Andino (*Vultur gryphus*) en las Áreas Prioritarias para su Conservación en Perú. Boletín UNOP Vol 10. N° 1 – 2015.

120. **Plaza P, Martínez E, Lambertucci S. 2019.** The perfect threat: Pesticides and vultures. Science of the Total Environment 687 (2019) 1207–1218. https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2019.06.160

121. **Quispe R, Ochoa J, Mayta H. 2021.** Variabilidad genética del ADN mitocondrial del *Vultur griphus* (Cóndor andino) en Cusco y Apurímac a partir de plumas de muda. Revista Peruana de Biología 28(2):16669 (Mayo 2021). http://dx.doi.org/10.15381/rpb.v28i2.16669

122. **Rebman R. 2012.** Vultures. Marshall Cavendish Benchmark New York. 48p

123. **Restrepo J, Fausto Sáenz F, Echeverry M, Betancur A, Quintero A, López P. 2018.** Breeding behavior of a reintroduced pair of Andean condor (V*ultur gryphus*) in the central Andes of Colombia. ORNITOLOGÍA NEOTROPICAL (2018) 29: 129–133

124. **Restrepo J, Fausto Sáenz F, Lieberman A. 2019.** Traditional knowledge and perceptions towards the Andean condor (*Vultur gryphus* linnaeus, 1758) in the central Andes of Colombia. ETHNOSCIENTIA V. 4, 2019.www.ethnsocientia.com ISSN:2448-1998.D.O.I.: 10.22276/ethnoscientia.v4i1.211

125. **Ringo J. 2004.** Genética fundamental. Ed. Acribia S.A. Barcelona España.

126. **Ríos B, Wallace R. 2007.** Estimating the size of the Andean Condor population in the Apolobamba Mountains of Bolivia. J. Field Ornithol. 78(2):170–175, 2007 DOI: 10.1111/j.1557-9263.2007.00100.x

127. **Rodríguez C, Rodríguez M, Ciri F. 2006.** Programa nacional para la conservación

del Cóndor Andino, plan de acción 2006–2016. Editorial Jotamar, Tunja.

128. **Rozas J, Ferrer-Mata A, Sánchez-DelBarrio JC, Guirao-Rico S, Librado P, Ramos-Onsins S, Sánchez-Gracia A. 2017.** DnaSP 6: DNA Sequence Polymorphism Analysis of Large Data Sets, Molecular Biology and Evolution, Volume 34, Issue 12, December 2017, Pages 3299–3302, https://doi.org/10.1093/molbev/msx248.
129. **Ruiz G, Torrez C, Fernández M, Choque F, Morales A, Ledezma G, Ávila J. 2016.** Valores hematológicos, química sérica y descripción de células sanguíneas del cóndor andino (*Vultur gryphus*) cautivos en el Zoológico Vesty Pakos, de La Paz, Bolivia. REVISTA CON-CIENCIA N°1/VOL. 4 (2016) 35-48
130. **Ruokonen M, Kvist L. 2002**. Structure and evolution of the avian mitochondrial control region. Molecular Phylogenetics and Evolution, Volume 23, Issue 3, June 2002, Pages 422-432, ISSN 1055-7903. https://doi.org/10.1016/S1055-7903(02)00021-0.
131. **Salinas L, Abarca M, Wust W. 2018.** Aves del Perú. 1ed. Editorial Septiembre SAC. 120pp.
132. **Samour J. 2010.** MEDICINA AVIARIA. Elsevier España.
133. **Sarno R, William F, Prexl W. 2000.** Actividad y las características de la población de cóndores andinos en el sur Chile. Rev. Chile. Hist. Nat.73:1.
134. **Schulenberg T, Stotz D, Lane D, O'neill J, Parker T. 2010.** Aves del Perú. Centro de Ornitología y Biodiversidad-CORBIDI.
135. **Scotto C. 2006.** Análisis filogenético comparativo entre secuencias codificadoras (Cyt b y ATPasa 8) y secuencias no codificadoras (D-Loop) del ADN mitocondrial de primates y sus implicancias evolutivas en los homínidos. Revista Horizonte Médico | Volumen 6, N°2, Diciembre 2006.
136. **Servicio Nacional Forestal y de Fauna Silvestre. SERFOR. 2015.** Plan Nacional para la Conservación del Cóndor Andino (*Vultur gryphus*) 2015-2025.
137. **Sharpe C, Torres D, Rojas-Suárez F. 2015.** Cóndor, *Vultur gryphus*. En: J.P. Rodríguez, A. García-Rawlins y F. Rojas-Suárez (eds.) Libro Rojo de la Fauna Venezolana. Cuarta edición. Provita y Fundación Empresas Polar, Caracas, Venezuela.
138. **Silva A, Artiles A, Suarez W, Silva G. 2011.** Secuencia y estructura de la región

control mitocondrial del roedor cubano *Capromys pilorides* (Rodentia: Capromyidae). Biotecnología Aplicada 2011;28:130-135 https://elfosscientiae.cigb.edu.cu/PDFs/Biotecnol%20Apl/2011/28/3/BA002803OL130-135.pdf

139. **Simón J. 2016.** Guardián de las alturas andinas. Estado de conservación actual del cóndor andino (*Vultur gryphus*). Bionatura Volumen 1 / Número 4. DOI. 10.21931/RB/2016.01.04.10
140. **Snyder N, Snyder H. 2000**. The Californian condor. A saga of natural history and conservation. Academic Press, San Diego
141. **Sorenson M, Ast J, Dimcheff D, Yuri T, Mindell D. 1999**. Primers for a PCR-based approach to mitochondrial genome sequencing in birds and other vertebrates. Mol Phylogenet Evol. 1999 Jul;12(2):105-14. doi: 10.1006/mpev.1998.0602. PMID: 10381314.
142. **Stucchi M. 2012.** Primeras observaciones de la biología del cóndor andino en el Perú: los estudios de Santiago de Cárdenas, Lima_ Siglo XVIII. Asociación para la investigación y Conservación de la Biodiversidad, Lima. 39pp.
143. **Stucchi M. 2013.** Presencia actual e histórica del cóndor andino en el Perú. Asociación para la Investigación y Conservación de la Biodiversidad AICB. Lima, Perú. 41pp.
144. **Tajima F. 1989.** Statistical method for testing the neutral mutation hypothesis by DNA polymorphism. Genetics. 123, 585-595.
145. **Tak E, Kim P, Hyun D-W, Kim H, Lee J-Y, Kang W. Sung H, Shin N-R, Kim M-S, Whon T, Bae J-W. 2018.** Phenotypic and Genomic Properties of *Brachybacterium vulturis sp.* nov. and *Brachybacterium avium sp*. nov. Front. Microbiol. 9:1809. doi: 10.3389/fmicb.2018.01809.
146. **Tamarin R. 1996**. Principios de genética. Editorial Reverte S.A.
147. **Tamura K, Stecher G, Kumar S. 2021.** Phylogenetic and molecular evolutionary analyses were conducted using MEGA version 11.
148. **Toalombo V. 2020.** Caracterización morfológica, productiva y genética de la gallina criolla del Ecuador. https://helvia.uco.es/handle/10396/19648
149. **Toro H, Pavez E, Gough R, Montes G, Kaleta E. 1997.** Serum chemistry and antibody status to some avian pathogens of free-living and captive condors (*Vultur*

gryphus) of central Chile, Avian Pathology, 26:2, 339-345, DOI: 10.1080/03079459708419216

150. **Tuinen M, Sibley G, Hedges B. 2000.** The Early History of Modern Birds Inferred from DNA Sequences of Nuclear and Mitochondrial Ribosomal Genes. Molecular Biology and Evolution, 17(3), 451–457. doi:10.1093/oxfordjournals.molbev.a026324
151. **Valqui J. 2010.** Primer estudio genético de la nutria marina *(Lontra felina)* en la costa peruana. Revista del Encuentro Científico Internacional. Vol 7. Nº 2-Año 2010.
152. **Vargas J, Porras C, Saad M. 2016.** El Cóndor de California a Trece Años de su Reintroducción en México. Biodiversitas. Núm. 126 Mayo-Junio De 2016 Issn: 1870-1760
153. **Vargas H, Kohn S, Ortega A, Arbeláez E, Naveda-Rodriguez A, Cardoso F, Chaves J. 2017.** Investigación y Monitoreo Ecológico del Cóndor Andino en Ecuador. Informe Técnico 2012-2016. Pp. 1-163. The Peregrine Fund - Grupo Nacional de Trabajo del Cóndor Andino, Quito.
154. **Vázquez A, Guevara V. 2021.** La genética molecular en la conservación de los recursos zoogenéticos. Revista de Producción Animal, 33(2). https://revistas.reduc.edu.cu/index.php/rpa/article/view/e3878
155. **Vidales C. 1997.** Lucha intercultural y ambivalencia en La Fiesta de Sangre. IECTA, Iquique-Chile.
156. **Wallace M, Temple S. 1987.** Competitive interactions within and between species in a guild of avian scavengers. The Auk 104: 290-295. April 1987.
157. **Wallace M, Temple S, Torres T. 1983.** Ecología del Cóndor andino *(Vultur gryphus*) en el norte del Perú, en el I Symposium de Ornitología Neotropical (IX CLAZ PERU, octubre 1983) pp.69-76. Arequipa –Perú.
158. **Wallace M, Temple S. 1987.** Releasing captive reared Andean Condors to the wild. Journal of wild Life Management 51:541-550.
159. **WCS y SERFOR. 2015.** Guía para el manejo de animales silvestres decomisados o hallados en abandono. Lima Perú.
160. **Wiemeyer G, Pérez M, Torres L, Sampietro L, Bravo G, Jácome L, Lambertucci S. 2016.** Repeated conservation threats across the Americas: High

levels of blood and bone lead in the Andean Condor widen the problem to a continental scale. Environmental Pollution, 2016 1-8. http://dx.doi.org/10.1016/j.envpol.2016.10.025

161. **Wheeler J, Fernandez M, Rosadio R, Hoces D, Kadwell M, Bruford M. 2001.** Diversidad genética y manejo de poblaciones de vicuñas en el Perú. Rev. Inv Vet Perú: Suplemento. 2001, N° 1, p. 170-183.
162. **Williams H, Shepard E, Holton M, Alarcón P, Wilson R, Lambertucci S. 2020.** Physical limits of flight performance in the heaviest soaring bird. PNAS July 28, 2020. vol. 117 N|° 30. 17884–17890. doi:10.1073/pnas.1907360117/-/DCSupplemental.
163. **Yadav R, Adesh K, Amita K. 2018.** A Review on Aerial Display, Nest site selection, Nest Defense, Courtship display, Copulation, Parental care: key events of vultures during Breeding, threats and Management. Int. J. of. Life Sciences, Volume 6(2): 586-604.

IX. APÉNDICE

Toma de muestras en las regiones



Toma de muestras en Ica, zoológico municipal de Ica, cóndor hembra adulto



Toma de muestras en Junín, zoológico de Huancayo, macho adulto



Toma de muestras en Ayacucho, zoológico La Totorilla, macho adulto.



Toma de muestras en Cusco, Santuario Animal de Ccochahuasi, hembra adulta.



Toma de muestras en Cusco, zoológico Mundo Andino Tipon, macho adulto



Toma de muestras en Cusco, zoológico de la UNSAAC, hembra adulta.



Toma de muestras en Apurímac, Parque Ecológico Taraccasa, hembra adulta.

Toma de muestras en Lima



Zoocriadero el Huayco, Lima. Macho adulto



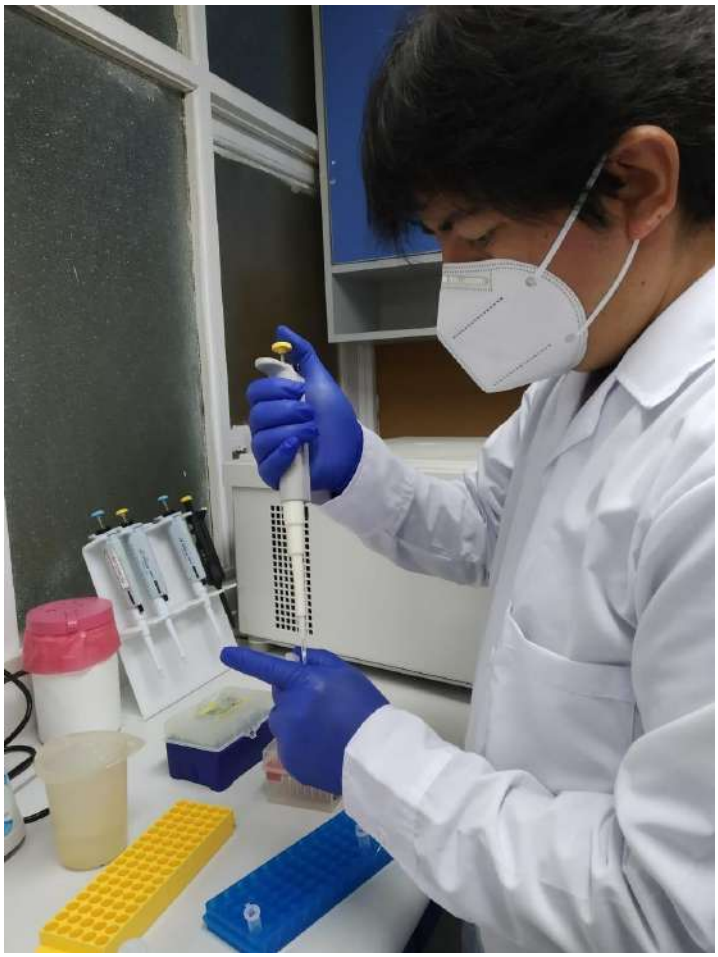
Patronato del Parque de Las Leyendas, Lima. Hembra adulta.

Procesamiento de las muestras

Extracción de ADN



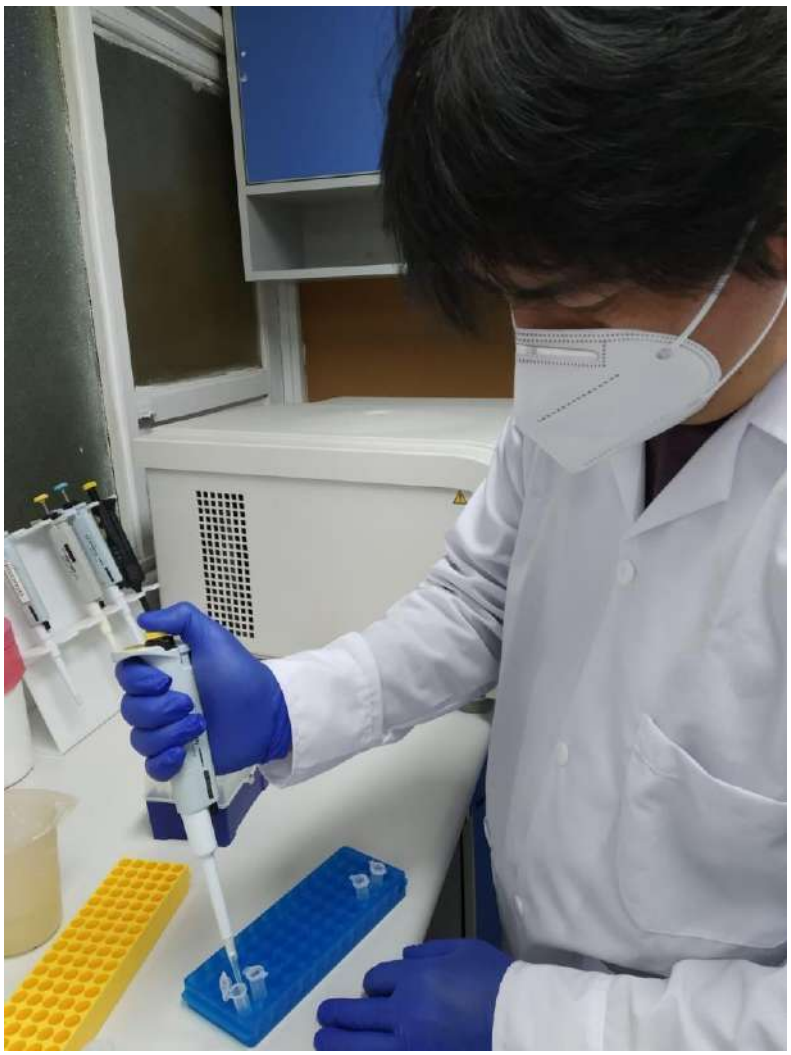
Kit de extracción



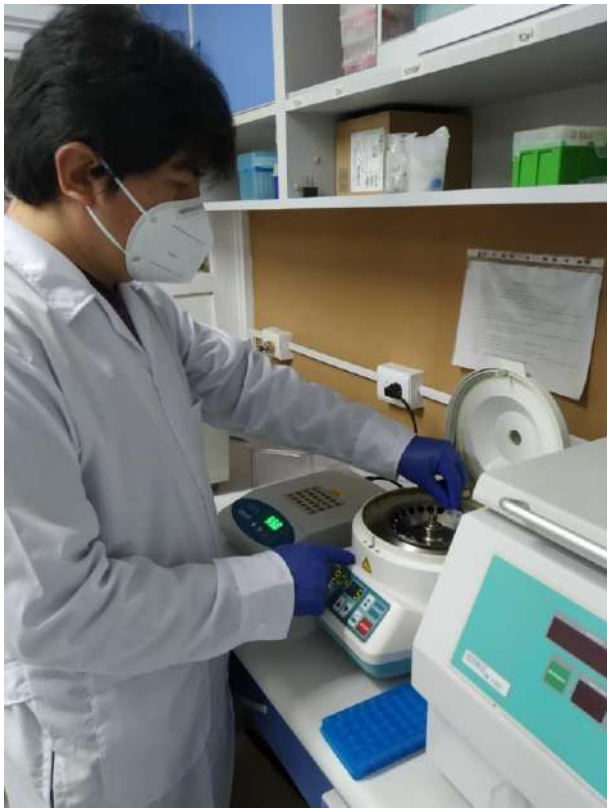
Procesamiento de las muestras



Proteinasa K, RNasa



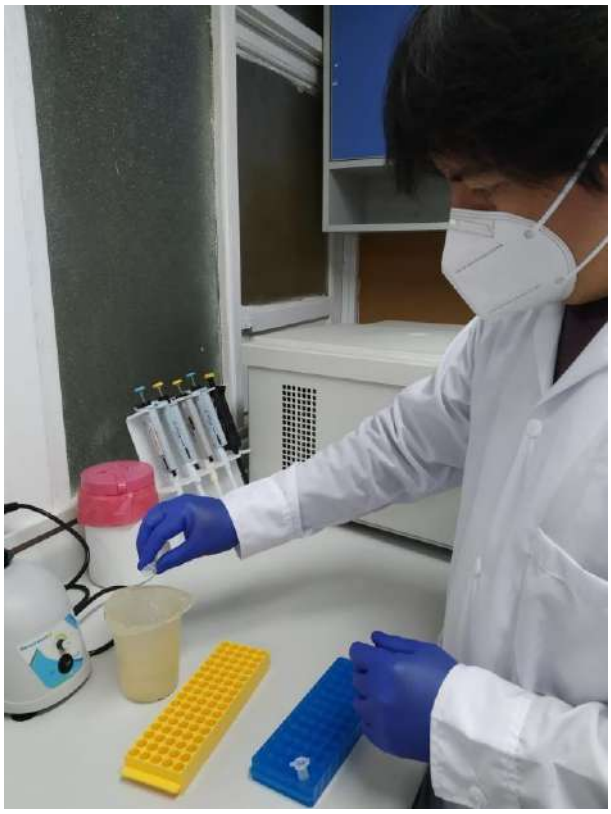
Procesamiento de las muestras



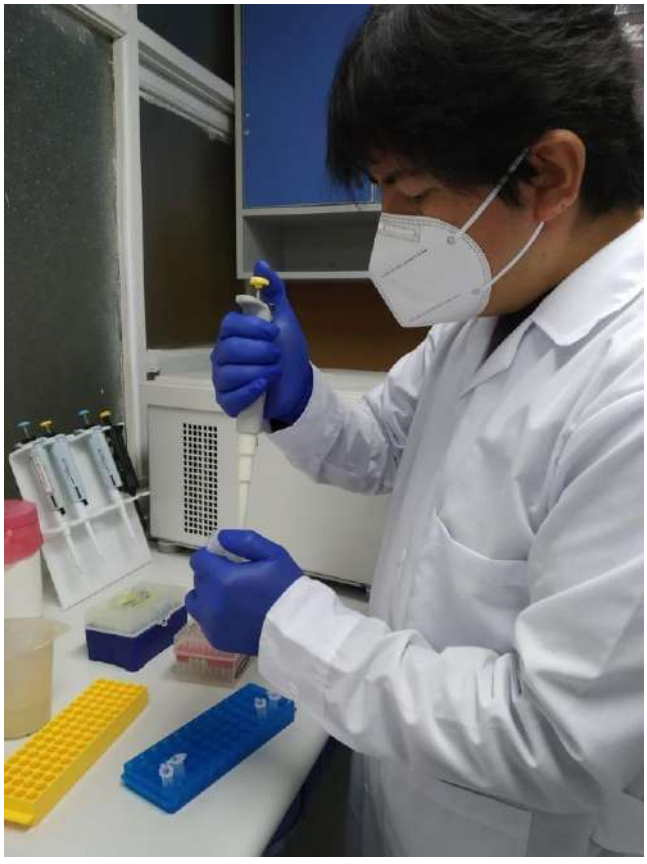
Centrifuga



AccuBlock

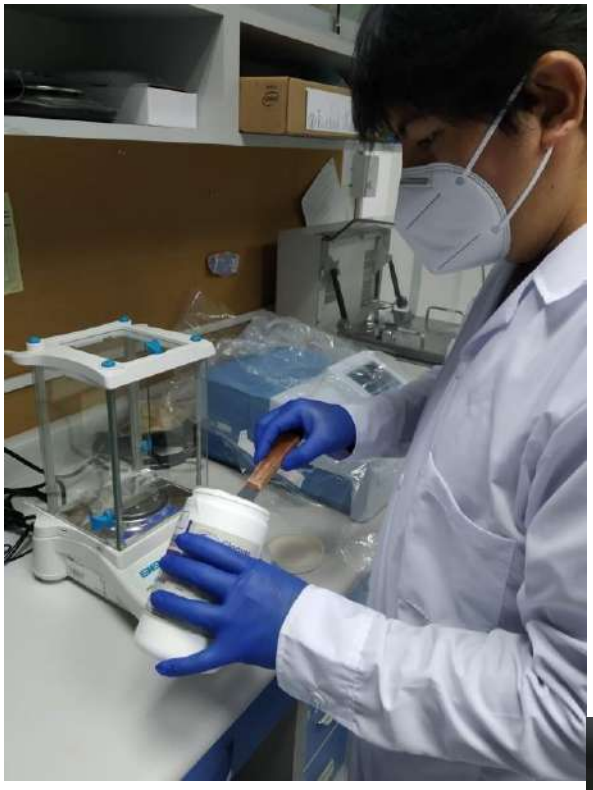


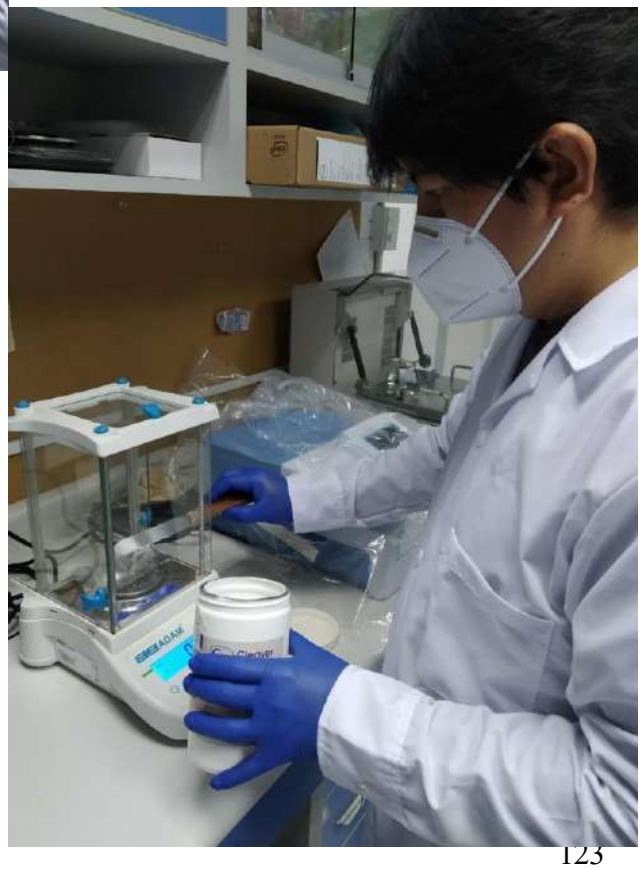
Procesamiento de las muestras



Procesamiento de las muestras

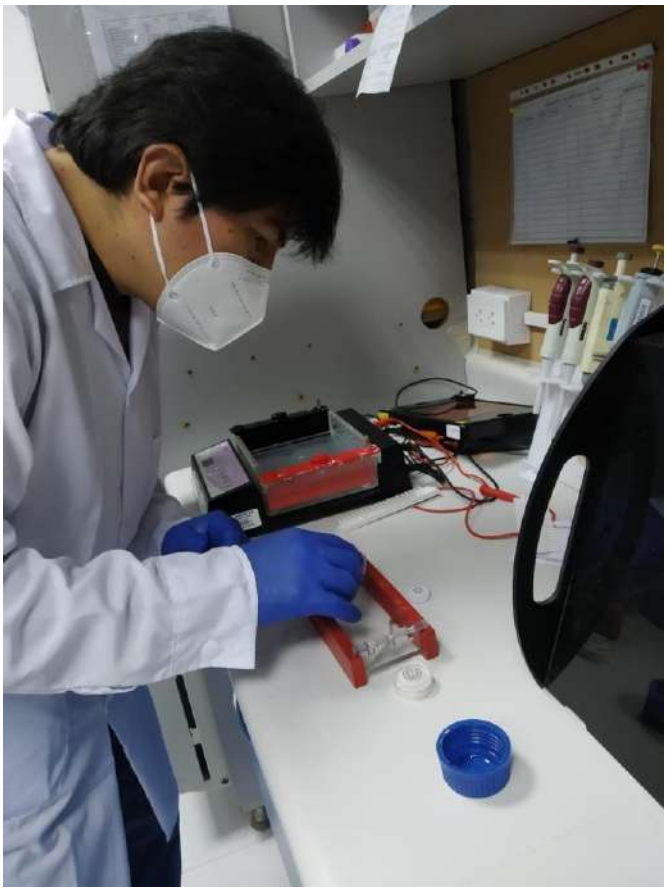
Gel de Agarosa al 2%



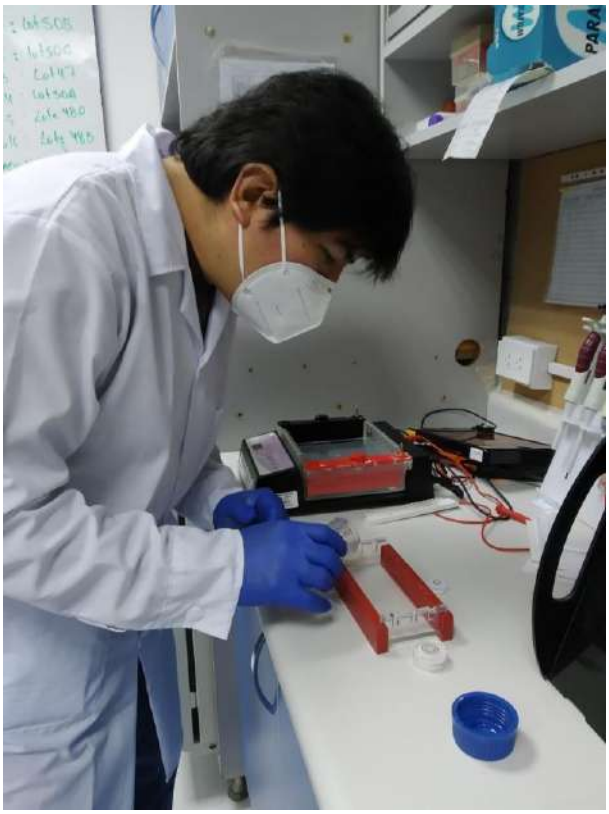


Preparación del gel de Agarosa al 2%



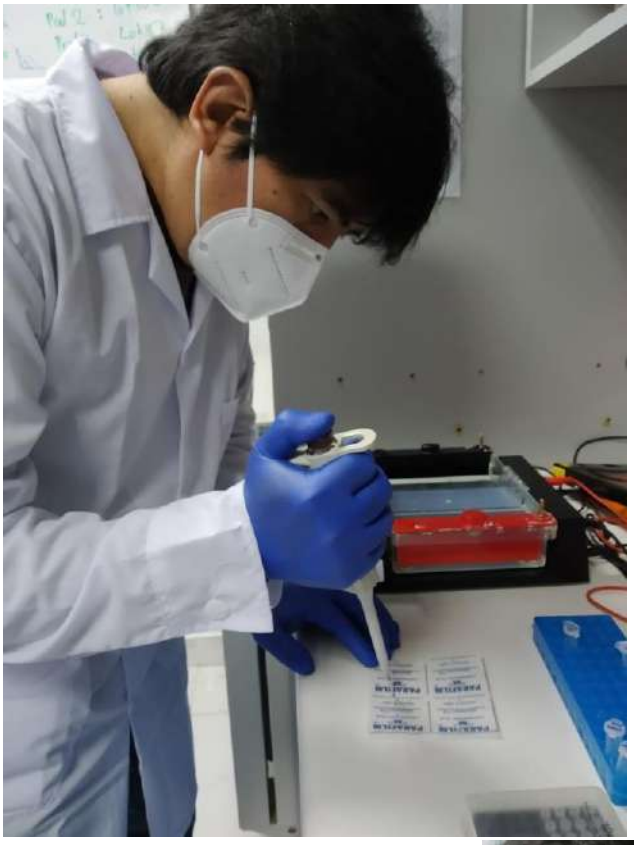


Preparación del gel de Agarosa

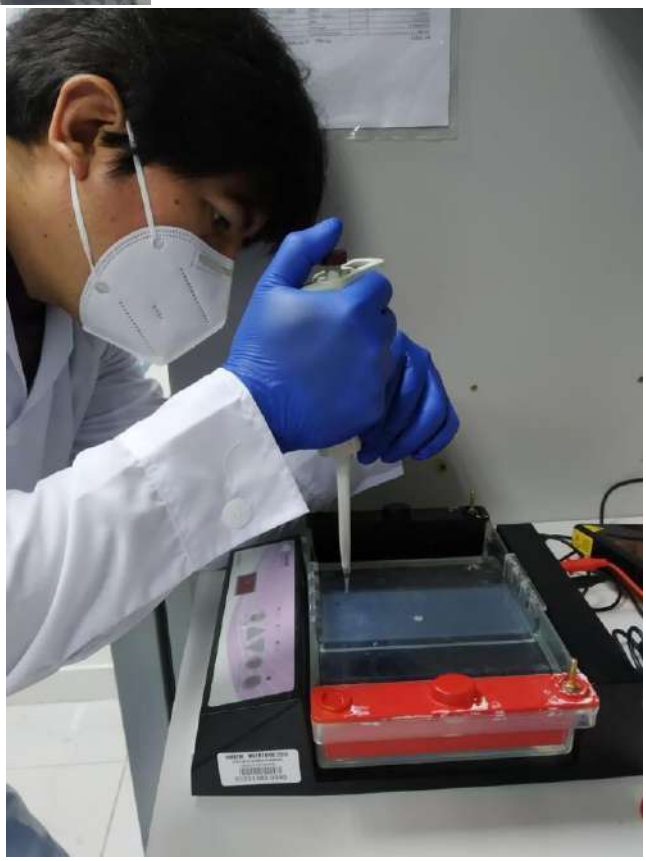




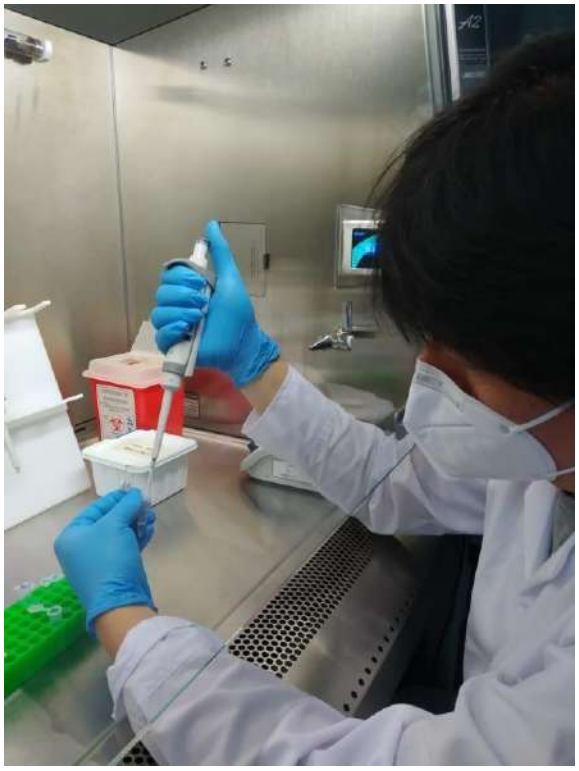
Preparación del gel de Agarosa

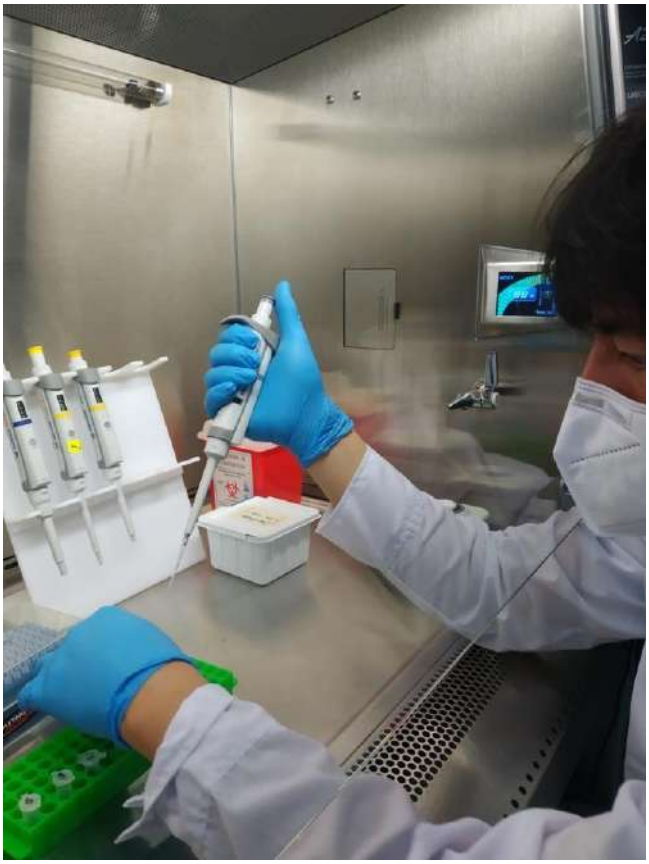


Colocación de las muestras



PCR







Colocación de las muestras

