

La Ecología Molecular: el complemento necesario de la Ecología tradicional

Resumen

Por mucho tiempo, los estudios para describir la composición y comprender la dinámica de las comunidades implicaba grandes retos metodológicos y no siempre se generaba la información completa que se buscaba. Sin embargo, en el pasado reciente se han logrado grandes avances enfocados al estudio de la genética y como consecuencia, se ha podido caracterizar no sólo a las especies, sino las poblaciones que las integran. De esta forma, las investigaciones sobre Genética Poblacional

Marcela De la Vega-Machado, Daniela Barajas-González, Marisol Andrea Paredes-Gallardo, Nohelia Pacheco-Hoyos, Alejandro Varela-Romero y José Manuel Grijalva-Chon*

Universidad de Sonora. Departamento de Investigaciones Científicas y Tecnológicas. Ave. Colosio s/n, Col. Centro. Hermosillo, Sonora, México CP 83000. *manuel.grijalva@unison.mx



consideran el entorno ambiental para poder entender los mecanismos que dan lugar a la fragmentación poblacional de una especie, naciendo así la Ecología Molecular. A través de algunos ejemplos de estudio, describimos cómo los datos moleculares pueden ser complementarios con los datos obtenidos a través de métodos tradicionales utilizados en Ecología. Todo esto ha contribuido al diseño de mejores planes de manejo y conservación, lo cual debe de ser imperativo de aplicar en los países que lideran el ranking de biodiversidad.

Palabras clave: Ecología molecular, conservación, biodiversidad, hibridación, metagenómica, especies invasoras.

Abstract

For a long time, studies to describe the communities' composition and understand their dynamics implied great methodological challenges and the complete information that was sought was not always generated. However, in the recent past great advances have been made focused on the study of genomes and thus characterize not only the species, but the populations that comprise them. In this way, Population Genetics studies considers the environment to understand the mechanisms that generate the population fragmentation of a species, giving rise to the Molecular Ecology. Considering some studies as an example, we describe how molecular data can be complementary with data obtained through traditional methods used in Ecology. All this has contributed to the design of better management and conservation plans, which must be imperative to apply in the countries that lead the biodiversity ranking.

Keywords: Molecular Ecology, conservation, biodiversity, hybridization, metagenomics, alien species.

Antecedentes

Por mucho tiempo, en las investigaciones ecológicas persistieron aspectos que costaba un mayor esfuerzo poder abordarlos. Por ejemplo, en un estudio de comunidades no siempre se lograba el conocimiento absoluto de las especies presentes, la abundancia de los individuos de cada especie, la identificación particular de un individuo, las relaciones alimenticias, las relaciones especie-área, el flujo migratorio, el parentesco entre individuos, la magnitud de la frecuencia de cruces entre individuos con lazos de parentesco, los cambios temporales de todo lo anterior, entre otros aspectos.

En la primera mitad del siglo XX, Edmund B. Ford, Theodosius Dobzhansky y otros científicos sentaron las bases de la Genética Ecológica, que es la piedra fundacional de la Ecología Molecular actual. Esta se reconoce como la parte de la biología evolutiva que tiene que ver con la aplicación de la genética de poblaciones (que describe la variación y distribución de la frecuencia de los genes y sus variantes, para explicar los fenómenos evolutivos), filogenética molecular (que analiza las diferencias moleculares hereditarias para obtener información sobre las relaciones evolutivas entre las especies) y más recientemente la genómica (que estudia la estructura, función, evolución y mapeo de los genes de un organismo), para responder a cuestiones tradicionales en Ecología.

En la actualidad, hay un flujo constante de nuevas tecnologías y procesos analíticos que abren nuevas formas de abordar preguntas clásicas en Ecología desde la perspectiva de la Ecología Molecular. Lo más nuevo de estas estrategias de estudio es coleccionar el ADN en muestras ambientales (agua, suelo, heces) e identificar especies de esos entornos. También se han desarrollado grandes avances metodológicos en protocolos de laboratorio y programas computacionales para obtener la secuencia de genomas completos en tiempos muy cortos.

Con todas las herramientas genéticas disponibles, ahora es posible probar hipótesis que antes eran incontestables o predecir escenarios más realistas, como por ejemplo los efectos de la pesca indiscriminada, el impacto de la caza furtiva, el tráfico de especies exóticas, la pérdida de áreas naturales, etc. Todo eso es relevante porque hemos intervenido en el desajuste del equilibrio de la naturaleza. Por tanto, los ecólogos moleculares deben ser expertos en la integración de estos nuevos enfoques tecnológicos y su aplicación de formas innovadoras a cuestiones biológicas clave.

La Ecología Molecular utiliza esencialmente diversos procedimientos de laboratorio para estudiar regiones genómicas y poder así estimar variables importantes en el ámbito ecológico. Estos procedimientos o protocolos de laboratorio se han vuelto progresivamente más precisos y específicos, avanzando desde lo básico como la visualización de los cromosomas al microscopio para buscar cambios en su estructura o número. Un posterior avance se dio con los estudios de la variación a nivel de productos del genoma, como son las enzimas, lo que puso en evidencia que prácticamente todos los genes que codifican enzimas presentan formas variantes (lo que se conoce como alelos). Posteriormente, se desarrollaron técnicas para el estudio directo del ADN, primero con un enfoque hacia los pequeños cambios dentro de un gen, para después pasar a un enfoque multigen, hasta llegar a las nuevas técnicas que permiten conocer en un

tiempo muy corto la totalidad de genoma de un individuo, lo que conocemos como secuenciación masiva de última generación.

En las últimas décadas hemos visto cómo la biodiversidad se ha ido abatiendo debido principalmente a las actividades humanas como el calentamiento global, la fragmentación de hábitats naturales, la caza furtiva, la pesca excesiva y el tráfico de especies. Se considera una crisis tan fuerte que incluso es llamada la sexta extinción masiva (Molina, 2008). Si en Ecología los índices de diversidad de especies proporcionan información sobre la riqueza o variedad de especies en un área determinada, en Genética los procedimientos de laboratorio para conocer el nivel de variabilidad genética dentro de las especies, la diferenciación entre las poblaciones e incluso la conectividad entre ellas brindan elementos clave para la elaboración de mejores planes de conservación para las especies amenazadas. Además, la conjunción de los datos genéticos y ecológicos nos puede dar información sobre el potencial evolutivo de cualquier especie, se encuentre o no amenazada.

El complemento a los métodos tradicionales

En la literatura científica hay una gran cantidad de evidencia que pone de manifiesto la utilidad de las herramientas moleculares para complementar los estudios en Ecología y Biología realizados con metodologías más tradicionales. En la Tabla 1, sin pretender ser exhaustiva, se muestran algunos de esos estudios y por limitaciones de espacio describiremos aquí detalles de sólo algunos de esos trabajos. El primero de éstos es el estudio de redes tróficas. En una comunidad ecológica, los organismos se relacionan entre sí de varias maneras, una de ellas es a través de la alimentación, en otras palabras, “quién se come a quién” y esto nos da información sobre las rutas de transferencia de materia y energía. Un estudio de redes tróficas implica conocer de qué se alimenta una especie y una primera aproximación

podría ser el examen visual del contenido estomacal o de muestras de heces. Sin embargo, no todo lo consumido puede ser identificado debido al proceso digestivo, por lo que el resultado podría ser una subestimación. Las nuevas técnicas de secuenciación masiva permiten obtener un mayor detalle de la dieta.

Un equipo de investigación liderado por el Centro de Investigación Científica y de Educación Superior de Ensenada (CICESE) en colaboración con la Universidad Autónoma de Baja California (UABC) se enfocó en la alimentación de la foca de puerto (*Phoca vitulina*) en las costas de Baja California para ver qué diferencias arrojava un estudio con técnicas metagenómicas (que se define como el estudio del material genético obtenido directamente de muestras ambientales, como agua, suelo o heces) en comparación con estudios enfocados al análisis al microscopio de heces fecales.

Tabla 1. Algunos ejemplos de investigaciones que con herramientas moleculares han complementado el conocimiento de la biología y ecología de varias especies.

Tipo de estudio	Especie	Referencia
Censo poblacional	<i>Canis latrans</i> (coyote)	Kohn et al. (1999)
Identificación de presas en nidos de aves rapaces	<i>Falco rustilocus</i> (halcón) y <i>Lagopus muta</i> (perdiz)	Nyström et al. (2006a)
Detección de especies en muestras de ADN ambiental	<i>Rana catesbeiana</i> (rana)	Ficetola et al. (2008)
Monitoreo de especies en apoyo a planes de conservación	<i>Loxodonta africana</i> (elefante africano) <i>Alopex lagopus</i> (zorro ártico) <i>Ursus arctos</i> (oso pardo) <i>Lutra lutra</i> (nutria)	Whitehouse y Harley (2001) Nyström et al. (2006b) Stetz et al. (2010) Koelewijn et al. (2010)
Identificación de larvas de peces	<i>Totoaba macdonaldi</i> (totoaba) y <i>Cynoscion reticulatus</i> (curvina)	Díaz-Viloria et al. (2013)
Presencia de patógenos emergentes	Virus de la cabeza amarilla en <i>Penaeus stylirostris</i> (camarón) <i>Perkinsus marinus</i> (protozoario) en <i>Crassostrea gigas</i> (ostión del Pacífico) Virus herpes de ostréidos en <i>Crassostrea gigas</i> (ostión del Pacífico) <i>Marteilia refringens</i> (protozoario) en <i>Crassostrea gigas</i> (ostión del Pacífico) y <i>Crassostrea corteziensis</i> (ostión de placer)	Castro-Longoria et al. (2008) Enríquez-Espinoza et al. (2010) Grijalva-Chon et al. (2013) Grijalva-Chon et al. (2015)
Clarificaciones taxonómicas en peces	<i>Micropogonias megalops</i> , <i>M. ectenes</i> y <i>M. altipinnis</i> (chanos)	Sánchez-Pinedo et al. (2017)
Estructura poblacional a fina escala y asignación de origen	<i>Homarus americanus</i> (langosta)	Benestan et al. (2015)
Evidencia de pesca y caza furtiva	<i>Balaenoptera bonaerensis</i> (ballena Minke) <i>Diceros bicornis</i> (rinoceronte negro) y <i>Ceratotherium simum</i> (rinoceronte blanco)	Baker et al. (1996) Harper et al. (2018)
Estructura poblacional	<i>Callinectes bellicosus</i> (jaiba café)	Cisneros-Mata et al. (2019)
Relaciones alimentarias	<i>Phoca vitulina</i> (foca de puerto)	Brassea-Pérez et al. (2019)
Nuevas especies	<i>Astraptus fulgerator</i> (mariposa saltarina azul de dos barras) <i>Ictalurus pricei</i> (bagre Yaqui) <i>Gila cf. eremica</i> (carpa del desierto)	Hebert et al. (2004) Ballesteros-Córdova et al. (2016) Ballesteros-Córdova et al. (2019)
Introducción de genomas de especies de peces exóticas a especies nativas	<i>Salvelinus fontinalis</i> (trucha de manantial) y <i>S. alpinus</i> (trucha alpina) <i>Ictalurus pricei</i> (bagre Yaqui) e <i>I. punctatus</i> (bagre de canal)	Bernatchez et al. (1995) Gutiérrez-Barragán et al. (2021)

La foca de puerto es un depredador tope y en algunas áreas puede entrar en conflicto con las actividades pesqueras debido a su preferencia por algunas especies con valor comercial. Los resultados, reportados por Brassea-Pérez et al. (2019), indicaron que esta foca se alimenta de 49 especies de presas y al comparar este resultado con el análisis de los restos sólidos en heces encontraron sólo 19 especies de presas en común, por lo tanto,

se amplió el espectro trófico conocido para la foca de puerto.

El segundo ejemplo es sobre el impacto genético de las especies introducidas en los ecosistemas. Un grupo de

investigación liderado por la Universidad de Sonora y en colaboración con el Centro de Investigaciones Biológicas del Noroeste (CIBNOR) se planteó evaluar la magnitud del impacto de la introducción en Sonora del bagre de canal (*Ictalurus punctatus*) sobre la especie nativa conocida como bagre Yaqui (*Ictalurus pricei*). El bagre de canal fue introducido para promover la acuicultura, la pesca deportiva y la comercial. ¿Cómo saber si ambas especies se cruzaron entre sí? El estudio genético reportado por Gutiérrez-Barragán et al. (2021) encontró la evidencia de la presencia de individuos híbridos, es decir, individuos que son producto de la cruce entre las dos especies.

La hibridación puede traer graves consecuencias para las especies nativas ya que el genoma de la especie introducida puede pasar y permanecer en los organismos nativos por medio de los híbridos fértiles, un fenómeno conocido como introgresión. Se han dado casos extremos, como

en el caso de la trucha de manantial (*Salvelinus fontinalis*) del Lago Alain en Quebec (Canadá), en donde todos los organismos de ese lugar tienen el ADN mitocondrial de la trucha alpina (*S. alpinus*), producto de una introgresión que condujo a la sustitución completa del ADN mitocondrial (Bernatchez et al., 1995).

El tercer ejemplo lo podemos describir considerando un dato básico: la estimación de la abundancia.

Para realizar un conteo de individuos en un área determinada podemos utilizar varios métodos dependiendo de la especie de interés. Sin embargo, siempre habrá dificultades inherentes que mucho tienen que ver con el comportamiento de los individuos. Las herramientas moleculares pueden coadyuvar a esta estimación con métodos de identificación individual utilizando un conjunto de marcadores microsatelitales, que son secuencias cortas y repetitivas del ADN.

Estas secuencias son muy variables en extensión y en número, y los individuos de una especie podrían diferir entre sí con respecto al número de repeticiones. Por ejemplo, la secuencia adenina-guanina-timina podría estar repetida 10 veces en un individuo (AGTAGTAGTAGTAGTAGTAGTAGTAGT), mientras que otros individuos podrían tener un diferente número de repeticiones. ¿Cómo estimar la abundancia de una especie escurridiza que evita el contacto con los humanos? Un grupo de investigación conformado por la Universidad de California y el Servicio de Parques Nacionales de los Estados Unidos estimó la abundancia de coyotes en un parque nacional en California. Kohn et al. (1999) reportaron que con la recolecta de 115 muestras de heces de coyote y analizando estas muestras con tres marcadores microsatelitales encontraron 30 genotipos únicos, representando a 30 individuos. Al relacionar gráficamente el número de genotipos únicos con el número de muestras colectadas, la relación tiende a ser asintótica a los 38 individuos, lo que indica

que este método de estimación detectó al 79% de los individuos en el área. Este dato se puede comparar y complementar con las estimaciones obtenidas por otros métodos más tradicionales.

Otro aspecto que se puede estimar utilizando datos moleculares es el flujo migratorio entre áreas en donde el paisaje a simple vista parecería homogéneo y libre de barreras. En el Golfo de California, específicamente en la costa de Sonora, la jaiba café (*Callinectes bellicosus*) es un recurso de explotación pesquera. Un grupo de investigación interinstitucional se planteó determinar si la jaiba café se distribuía uniformemente a lo largo de la costa de Sonora. Los resultados reportados por Cisneros–Mata et al. (2019) demostraron que al estudiar microsátélites de ADN, la jaiba no se distribuye uniformemente a lo largo del estado. Además, determinaron que la costa sur de Sonora es principalmente fuente de migrantes hacia la zona norte y a la vez la zona norte es un sumidero (área de retención) sin aporte de migrantes a otras zonas. Esto tiene implicaciones al momento de diseñar un plan de manejo para la especie, en donde la recomendación va en el sentido de dar mayor protección a las zonas fuente.

Perspectivas

A pesar de la enorme diversidad en la Tierra, las formas de vida existentes comparten en común la herencia molecular y este hecho hace posible que la Ecología Molecular pueda ser ampliamente aplicada.

A pesar de las innumerables adaptaciones por las que han cruzado las distintas formas de vida para llenar los nichos ecológicos existentes, cada uno de los organismos vivos en la actualidad es el sobreviviente final de una continua línea de descendencia que lleva millones de años, los cuales varían y se han diferenciado, de tal manera que las ciencias moleculares nos brindan el apoyo para identificar estas diferencias, desde

rangos individuales hasta las relaciones con el hábitat de las especies. En este sentido, el “Proyecto árbol de la vida de Darwin” (www.darwintreeoflife.org) pretende secuenciar los genomas de 70,000 especies de eucariotas (los organismos formados por células con núcleo verdadero) que viven en y alrededor de Bretaña e Irlanda para así entender la evolución y la diversidad de la vida y ayudar a los esfuerzos de conservación y proporcionar nuevas herramientas para la medicina y la biotecnología. Esta iniciativa no es única, sino que forma parte de otras similares alrededor del planeta y que tienen por objetivo secuenciar toda la vida compleja sobre la Tierra a través del Proyecto del BioGenoma de la Tierra.

Pero el genoma de las especies hay que estudiarlos junto con su entorno, por eso se ha conformado la Genómica Funcional Evolutiva y Ecológica, que busca comprender la base funcional de las fuerzas evolutivas que moldean los

rasgos ecológicamente importantes en comunidades biológicas naturales (Mitchell-Olds et al., 2008).

El estudio de los procesos que llevan al surgimiento y mantenimiento de nuevas especies es de gran importancia para las teorías evolutivas y genéticas. En la actualidad, los análisis moleculares en el ámbito de la especiación se dirigen hacia el entendimiento de cómo el aislamiento entre poblaciones incrementa o disminuye por procesos evolutivos en diferentes circunstancias ecológicas y espaciales. Existe gran interés en la especiación con flujo génico, ya sea como origen o mantenimiento de la diversidad y hay un especial interés en la especiación ecológica, aquella que nace de la posible adaptación de los organismos a las condiciones ecológicas, lo cual lleva al aislamiento reproductivo. Ligado al estudio de las poblaciones, los análisis dirigidos al parentesco y comportamiento entre individuos han sido un componente importante en estudios de Ecología Molecular desde hace tiempo, ya que sus contribuciones han ayudado a comprender los sistemas de apareamiento, selección sexual, comportamiento y el impacto de la endogamia en la capacidad de dejar descendencia.

El ADN microsatelital había sido el marcador genético más utilizado en estos estudios, los cuales pueden llevarse a cabo utilizando ADN de baja calidad obtenido de muestras fecales y de pelo, incluso en muestras de museo. Esto incrementa la posibilidad de realizar estos estudios sobre especies evasivas o poco comunes de observar. Sin embargo, en la actualidad se está ganando mayor terreno en la adquisición del conocimiento gracias a dos estrategias. Por un lado, hay un grupo de tecnologías diseñadas para secuenciar gran cantidad de segmentos de ADN de forma masiva y en paralelo, en menor cantidad de tiempo y a un menor costo por base. Esto es lo que se conoce como Secuenciación de Siguiete Generación, o NGS por sus siglas en inglés.

De estas tecnologías, la Oxford Nanopore es uno de los desarrollos más recientes, con equipos miniaturizados y que pueden ser utilizados incluso en campo. Por otro lado, aprovechando los avances en las técnicas de secuenciación masiva, los SNPs (polimorfismo de nucleótido único, que es una variación en la secuencia de ADN que afecta a una sola base de una secuencia del genoma) son un complemento extraordinario para estudiar la variabilidad inherente entre los individuos de una misma especie y asociar estas diferencias genotípicas con los rasgos fenotípicos expresados y aún más, con las condiciones ambientales del entorno. De esta manera es que se han logrado y se siguen generando grandes avances en el entendimiento de los procesos ecológicos y evolutivos a lo que se enfrentan las poblaciones.

El estudio de la composición de las comunidades microbianas del suelo y de las complejas comunidades de los ambientes acuáticos se ha

beneficiado por el desarrollo reciente del análisis metagenómico del ADN ambiental (eDNA), un complemento de las técnicas convencionales de muestreo (Figura 1) que puede ayudar a reducir drásticamente los gastos de campañas de campo.



Figura 1. Un diseño de muestreo tradicional para conocer a las especies de peces que son parte de la comunidad implica un gran esfuerzo, ya que es necesario utilizar diferentes tipos de artes de pesca, como el equipo de pesca eléctrica. Fotografía: Alejandro Varela-Romero

A partir de muestras de suelo o de agua, es posible realizar inventarios de especies, detectar y vigilar especies raras o elusivas difíciles de estudiar con métodos tradicionales, e incluso detectar rápidamente a especies invasoras. Todo esto es posible ya que una muestra de agua puede contener células libres de las especies, microorganismos y ADN libre (Figura 2).

Si bien estas células y el ADN libre pueden estar en proceso de descomposición, su abundancia puede permitir encontrar fragmentos genómicos cortos que pueden ser amplificados e identificados por las técnicas de secuenciación masiva de última generación y con el uso de marcadores asociados al código de barras de la vida.

Consideraciones finales

La Ecología Molecular se ha considerado una disciplina muy

amplia debido a que incluye a otros campos como lo son la Genética de Poblaciones, la Genética de la Conservación, la Filogeografía (que estudia los procesos históricos que podrían ser responsables de las distribuciones geográficas contemporáneas de las especies), entre otras. Esto la ha convertido en una de las disciplinas más interesantes y con mayor impacto en la comunidad científica, haciéndola casi indispensable para los nuevos proyectos de investigación ecológica y de conservación, ya que vivimos en una época donde el impacto antropogénico sobre los sistemas naturales es constante y desmedido. Además, es un ejemplo exitoso de una unión interdisciplinaria, ya que la fusión de teorías, conceptos y enfoques ha permitido contestar preguntas que se han formulado por años, pero a la vez genera nuevas interrogantes que llevan a ampliar los límites de la investigación. Hoy en día es posible analizar cientos de

miles de marcadores genéticos a la vez y se espera que estas técnicas se vuelvan más accesibles tanto en costo como en eficiencia (tiempo y esfuerzo de muestreo y análisis). Si tomamos en cuenta que en América Latina se encuentran países con mayor biodiversidad (Brasil, Colombia, Perú, México, Ecuador), eso nos permite mantener la esperanza de contar con mejores herramientas para preservar y quizá hasta regenerar los recursos genéticos que aún nos quedan.



Figura 2. Por medio de las técnicas de secuenciación masiva de última generación y analizando marcadores asociados al código de barras de la vida en una muestra de agua, es posible determinar la composición específica de una comunidad. Fotografía: José Manuel Grijalva–Chon.

Agradecimientos

MDLVM, DBG y MAPG recibieron beca CONACYT para estudios de posgrado. Al DG. Gerardo Hernández por el diseño gráfico editorial

Literatura citada

- Baker, C.S., F. Cipriano y S.R. Palumbi. 1996. *Molecular genetic identification of whale and dolphin products from commercial markets in Korea and Japan*. *Molecular Ecology*, 5: 671–687.
- Ballesteros–Córdova, C.A., A. Varela–Romero, G. Ruiz–Campos, L.T. Findley, J.M. Grijalva–Chon y L.E. Gutiérrez–Millán. 2019. *Mitochondrial evidence for a new evolutionary significant unit within the Gila eremica lineage (Teleostei, Cyprinidae) in Sonora, Northwest Mexico*. *Animal Biodiversity and Conservation* 42: 171–186.

- Ballesteros–Córdova, C.A., M. Castañeda–Rivera, J.M. Grijalva–Chon, R.A. Castillo–Gámez, L.E. Gutiérrez–Millán, F. Camarena–Rosales, G. Ruíz–Campos y A. Varela–Romero. 2016. *Complete mitochondrial genome of Ictalurus pricei (Teleostei: Ictaluridae) and evidence of a cryptic Ictalurus species in Northwest Mexico*. Mitochondrial DNA Part A, 27: 4439–4441.
- Benestan, L., T. Gosselin, C. Perrier, B. Sainte–Marie, R. Rochette, L. Bernatchez. 2015. *RAD genotyping reveals fine–scale genetic structuring and provides powerful population assignment in a widely distributed marine species, the American lobster (Homarus americanus)*. Molecular Ecology, 24: 3299–3315.
- Bernatchez, L., H. Glemet, C.C. Wilson y R.G. Danzmann. 1995. *Introgression and fixation of Arctic char (Salvelinus alpinus) mitochondrial genome in an allopatric population of brook trout (Salvelinus fontinalis)*. Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences, 52: 179–185.
- Brassea–Pérez, E., Y. Schramm, G. Heckel, J. Chong–Robles y A. Lago–Lestón. 2019. *Metabarcoding analysis of the Pacific harbor seal diet in Mexico*. Marine Biology, 166: 106.
- Castro–Longoria, R., N. Quintero–Arredondo, J.M. Grijalva–Chon y J. Ramos–Paredes. 2008. *Detection of the yellow head virus (YHV) in wild blue shrimps, Penaeus stylirostris, from the Gulf of California: Its experimental transmission to the Pacific white shrimp, Penaeus vannamei*. Journal of Fish Diseases, 31: 953–956.
- Cisneros–Mata, M.A., A. Munguía–Vega, D. Rodríguez–Félix, E.A. Aragón–Noriega, J.M. Grijalva–Chon, J.A. Arreola–Lizárraga y L.A. Hurtado. 2019. *Genetic diversity and metapopulation structure of the brown swimming crab (Callinectes bellicosus) along the coast of Sonora, Mexico: Implications for fisheries management*. Fisheries Research, 212: 97–106.
- Díaz–Viloria, N., L. Sánchez–Velasco, R. Perez–Enriquez y S.P.A. Jiménez–Rosenberg. 2013. *Molecular identification and morphological description of totoaba Totoaba macdonaldi and curvina Cynoscion reticulatus preflexion larvae (Perciformes: Sciaenidae)*. Ichthyological Research, 60: 390–395.
- Enríquez–Espinoza, T., J.M. Grijalva–Chon, R. Castro–Longoria y J. Ramos–Paredes. 2010. *Perkinsus marinus in Crassostrea gigas in the Gulf of California*. Diseases of Aquatic Organisms, 89: 269–273.
- Ficetola, G.F. Ficetola, C. Miaud, F. Pompanon y P. Taberlet. 2008. *Species detection using environmental DNA from water samples*. Biology Letters, 4: 423–425.
- Grijalva–Chon, J.M., R. Castro–Longoria, J. Ramos–Paredes, T.L. Enríquez–Espinoza y F. Mendoza–Cano. 2013. *Detection of a new OshV–1 DNA strain in the healthy Pacific oyster, Crassostrea gigas, from the Gulf of California*. Journal of Fish Diseases, 36: 965–968.

- Grijalva–Chon, J.M., R. Castro–Longoria, T.L. Enríquez–Espinoza, A.N. Maeda–Martínez y F. Mendoza–Cano. 2015. *Molecular evidence of the protozoan parasite Marteilia refringens in Crassostrea gigas and Crassostrea corteziensis from the Gulf of California*. Latin American Journal of Aquatic Research, 43: 776–780.
- Gutiérrez–Barragán, A., F.J. García–De León, A. Varela–Romero, C.A. Ballesteros–Córdova, J.M. Grijalva–Chon, E. De la Re–Vega. 2021. *Evidence of hybridization between Yaqui catfish Ictalurus pricei (Rutter, 1896) and channel catfish Ictalurus punctatus (Rafinesque, 1818) in north–west México revealed by analysis of mitochondrial and nuclear genes*. Aquatic Conservation: Marine and Freshwater Ecosystems, 31: 3334–3341.
- Harper, C., A. Ludwig, A. Clarke, K. Makgopela, A. Yurchenko, A. Guthrie, P. Dobrynin, G. Tamazian, R. Emslie, M. van Heerden, M. Hofmeyr, R. Potter, J. Roets, P. Beytell, M. Otiende, L. Kariuki, R. du Toit, N. Anderson, J. Okori, A. Antonik, K.P. Koepfli, P. Thompson y S.J. O'Brien. 2018. *Robust forensic matching of confiscated horns to individual poached African rhinoceros*. Current Biology, 28: R1–R16.
- Hebert, P.D.N., E.H. Penton, J.M. Burns, D.H. Janzen y W. Hallwachs. 2004. *Ten species in one: DNA barcoding reveals cryptic species in the neotropical skipper butterfly Astrartes fulgerator*. Proceedings of the National Academy of Sciences, 101: 14812–14817.
- Koelewijn, H.P., M. Pérez–Haro, H.A.H. Jansman, M.C. Boerwinkel, J. Bovenschen, D.R. Lammertsma, F.J.J. Niewold y A.T. Kuiters. 2010. *The reintroduction of the Eurasian otter (Lutra lutra) into the Netherlands: hidden life revealed by noninvasive genetic monitoring*. Conservation Genetics, 11: 601–614.
- Kohn, M.H., E.C. York, D.A. Kamradt, G. Haught, R.M. Sauvajot y R.K. Wayne. 1999. *Estimating population size by genotyping faeces*. Proceedings of the Royal Society B, 266: 657–663.
- Mitchell–Olds, T., M. Feder y G. Wray. 2008. *Evolutionary and ecological functional Genomics*. Heredity, 100: 101–102.
- Molina, E. 2008. Etapas y causas de la sexta extinción en masa. En: C. Arcega, C. y J. Lahoz. (coords.), La Vida en el Terciario. Del Impacto del meteorito al origen del hombre. Institución Fernando el Católico. España. ISBN 8478209441. pp. 187–203.
- Nyström, J., L. Dalén, P. Hellström, J. Ekenstedt, H. Angleby y A. Angerbjörn. 2006a. *Effect of local prey availability on gyrfalcon diet: DNA analysis on ptarmigan remains at nest sites*. Journal of Zoology, 269: 57–64.
- Nyström, V., A. Angerbjörn y L. Dalén. 2006b. *Genetic consequences of a demographic bottleneck in the Scandinavian Arctic fox*. Oikos, 114: 84–94.

- Sánchez–Pinedo, J., N. Díaz–Viloria, J.L. Ortiz–Galindo, N. Ferreira–Fontoura, R. Perez–Enriquez, L. Sánchez–Velasco y J. De La Cruz–Agüero. 2017. *Proposed synonymy for Micropogonias altipinnis (Günther 1864), Micropogonias ectenes (Jordan & Gilbert 1882), and Micropogonias megalops (Gilbert 1890)*. DNA Part A, DOI: 10.1080/24701394.2016.1258405.
- Stetz, J.B., K.C. Kendall y C. Servheen. 2010. *Evaluation of bear rub surveys to monitor grizzly bear population trends*. Journal of Wildlife Management, 74: 860–870.
- Whitehouse, A.M y E.H. Harley. 2001. *Post–bottleneck genetic diversity of elephant populations in South Africa, revealed using microsatellite analysis*. Molecular Ecology, 10: 2139–2149.

CITA DE ARTICULO:

- De la Vega–Machado M., D. Barajas–González, M. A. Paredes–Gallardo, N. Pacheco–Hoyos, A. Varela–Romero y J. M. Grijalva–Chon. 2022. *La Ecología Molecular: el complemento necesario de la Ecología tradicional*. Recursos Naturales y Sociedad, 2022. Vol. 8 (1): 01-13. <https://doi.org/10.18846/renaysoc.2022.08.08.01.0001>

Sometido: 10 de octubre de 2021

Revisado: 12 de diciembre de 2021

Aceptado: 15 de febrero de 2022

Editora asociada: Dra. Crisalejandra Rivera Pérez

Diseño gráfico editorial: Lic. Gerardo Hernández