Corporación Autónoma Regional del Valle del Cauca

DISTRIBUCIÓN PRESUPUESTAL

FECHA : 19-05-2026

DEPENDENCIA : Grupo Seguimiento y control

CERTIFICADO DE REGISTRO PRESUPUESTAL No.: 1758

VIGENCIA CERTIFICADO DE REGISTRO PPTAL.: 2025

DOCUMENTO No.: CVC No. 0095-2025

TIPO DE DOCUMENTO: CONVENIO

OBSERVACIONES: ULTIMO DESEMBOLSO - FUNDACION ZOOLOGICA DE CALI

INFORMACIÓN REQUERIDA PARA TODO PAGO

Recurso	Área de Responsabilidad	Imputación Presupuestal	Valor a causar por Imputación
1043	1091628	020020300020016008	$ 5.000.000,00
1043	1091651	020020300020016008	$ 2.500.000,00

TOTAL DISTRIBUCIÓN PRESUPUESTAL : $7.500.000,00

Adriana P. Ramírez

FIRMA AUTORIZADA
ADRIANA PATRICIA RAMIREZ DELGADO
DIRECTORA DE GESTION AMBIENTAL (C)

REVISOR PRESUPUESTO

20MAY2026 2:59PM
CVC CALI

Corporación Autónoma
Regional del Valle del Cauca

FORMATO PARA PAGO DE CONVENIOS

0701 - 518762026

FECHA: Santiago de Cali, MAYO 11 de 2026

PARA: **Grupo de Contabilidad**

ASUNTO: Desembolso Convenio Interadministrativo No. 095 de 2025

De manera atenta, solicitamos tramitar el desembolso No. XX del convenio referenciado en el asunto, de acuerdo con la siguiente información:

BENEFICIARIO:	Fundación Zoológica de Cali
IDENTIFICACIÓN:	890.318.247-8
OBJETO:	Aunar esfuerzos técnicos y recursos económicos para realizar el seguimiento al programa de reintroducción de Oophaga lehmanni, garantizar el manejo ex situ de individuos bajo cuidado humano e investigar la genética de las poblaciones in situ de la especie para su monitoreo y conservación
CONCEPTO:	Último desembolso según cláusula CUARTA de la minuta del convenio 095-2025 CVC-FZC
VALOR:	$7.500.000.00 (SIETE MILLONES QUINIENTOS MIL PESOS M/CTE.)

GUSTAVO ALBERTO TRUJILLO BARRIENTOS
Supervisor del Convenio

MARIA CLARA DOMÍNGUEZ VERNAZA
Representante legal Fundación Zoológica de Cali

ADRIANA PATRIICA RAMÍREZ DELGADO
Directora de Gestión Ambiental (C)

Corporación Autónoma
Regional del Valle del Cauca

ACTA DE ENTREGA Y RECIBO FINAL

CONVENIO CVC No. 95 de 2025

OBJETO: Aunar esfuerzos técnicos y recursos económicos para realizar el seguimiento al programa de reintroducción de Oophaga lehmanni, garantizar el manejo ex situ de individuos bajo cuidado humano e investigar la genética de las poblaciones in situ de la especie para su monitoreo y conservación

CONTRATISTA: FUNDACION ZOOLOGICA DE CALI

PLAZO: A partir de la firma del acta de inicio sin exceder el 31 de marzo de 2026

VALOR: SETENTA Y CINCO MILLONES DE PESOS MCTE($75,000,000.00)

CERTIFICADO DE REGISTRO PRESUPUESTAL: 1758

FECHA DEL ACTA DE INICIO: 29 de Julio del 2025

En el Municipio de CALI, el día 11 de Mayo del 2026, siendo las 10:15 AM se reunieron en las instalaciones de la Grupo Seguimiento y control de la Corporación Autónoma Regional del Valle del Cauca CVC, los señores: MARIA CLARA DOMINGUEZ VERNAZA, identificado con la cédula de ciudadanía No. 31860463 quien actúa en nombre y representación de la empresa FUNDACION ZOOLOGICA DE CALI; y GUSTAVO ALBERTO TRUJILLO BARRIENTOS, identificado(a) con la cédula de ciudadanía No. 71620950, quien actúa en su condición de SUPERVISOR, con el fin de suscribir el acta de entrega y recibo final del CONVENIO CVC No. 95 de 2025, en los siguientes términos:

El SUPERVISOR del CONVENIO No. 95 de 2025, GUSTAVO ALBERTO TRUJILLO BARRIENTOS, manifiesta que recibió de parte del CONTRATISTA y a entera satisfacción lo siguiente: El supervisor del convenio 095-2025 indica que recibió el 31 de marzo el informe final del convenio y se procedió a la revisión del informe técnico y financiero por lo cual se procede a autorizar, a la fecha, el último desembolso del convenio. Por lo tanto, considero procedente el pago por valor de SIETE MILLONES QUINIENTOS MIL DE PESOS MCTE ($7,500,000.00).

Corporación Autónoma
Regional del Valle del Cauca

En constancia de lo anterior se firma en el Municipio de CALI el día 11 de Mayo del 2026

EL SUPERVISOR,

GUSTAVO ALBERTO TRUJILLO B

POR EL CONTRATISTA,

MARIA CLARA DOMINGUEZ VERNAZA

SABS - SISTEMA DE ADQUISICIÓN DE BIENES Y SERVICIOS
Informe de Supervisión

1. GENERALIDADES

Informe No. 1-2026

Ciudad y fecha Informe: Cali - CALI, 19/05/2026

Nombre del Supervisor: TRUJILLO BARRIENTOS GUSTAVO ALBERTO

Tipo CONVENIO **Número** 95 **Año** 2025

Objeto: Aunar esfuerzos técnicos y recursos económicos para realizar el seguimiento al programa de reintroducción de Oophaga lehmanni, garantizar el manejo ex situ de individuos bajo cuidado humano e investigar la genética de las poblaciones in situ de la especie para su monitoreo y conservación

Fecha de Inicio: 29 de julio de 2025 **Fecha Terminación:** 31 de marzo de 2026

Plazo inicial: A partir de la firma del acta de inicio sin exceder el 31 de diciembre de 2025

Plazo final: A partir de la firma del acta de inicio sin exceder el 31 de marzo de 2026

Valor Inicial: $75,000,000 **Valor adicionales:** $0 **Valor Total:** $75,000,000

Valor pagado a la fecha: $75,000,000 **Saldo:** $0 **Valor Aportes:** $8,335,000

No Ultimo Contrato Adicional: 1 **Fecha del adicional:** 2025-12-30 **Tipo Adición:** Tiempo

2. OBLIGACIONES DEL CONTRATISTA

Contratista: FUNDACION ZOOLOGICA DE CALI

LAS CONTENIDS EN LOS ESTUDIOS PREVIOS Y MINUTA DEL CONVENIO

3. POLIZAS

Aseguradora	Amparo	Fecha fin del amparo
ASEGURADORA SOLIDARIA DE COLOMBIA	CALIDAD DEL SERVICIO	31/12/2026
ASEGURADORA SOLIDARIA DE COLOMBIA	PAGO DE SALARIOS, PRESTACIONES SOCIALES E INDEMNIZACIONES DEL PERSONAL CONTRATADO PARA LA EJECUCIÓN DEL CONVENIO	31/12/2028
ASEGURADORA SOLIDARIA DE COLOMBIA	CUMPLIMIENTO DEL CONVENIO	30/06/2026
ASEGURADORA SOLIDARIA DE COLOMBIA	BUEN MANEJO E INVERSION DEL PRIMER DESEMBOLSO	30/06/2026

4. ACTIVIDADES

Actividad	Aspectos Relevantes	Unidad	Cant. Prog.	Cant. Ejec. Periodo	Cant. Ejec. Acum.	% Avance	Comentario avance
Garantizar las condiciones de manejo y bienestar de la poblacion bajo cuidado humano de Oophaga lehmanni	Informes de avance y final del proceso de manejo y bienestar	INFORMES TECNICOS	2	1	2	100%	El conviniente entrega el informe final sobre el proceso de manejo y bienestar de los individuos que se encuentran bajo condiciones controladas en instalaciones de la

Informe No. 1-2026
Ciudad y fecha Informe: CALI - CALI, 19/05/2026
Nombre del Supervisor: TRUJILLO BARRIENTOS GUSTAVO ALBERTO
Tipo CONVENIO **Número** 95 **Año** 2025

							Fundación Zoológica de Cali, cumpliendo con estándares de bienestar animal
Liberar individuos de Oophaga lehmanni en el marco del programa de reproducción con fines de conservación	Informes de avance y final que documente evento de liberación	INFORMES TECNICOS	2	1	2	100%	Se presentó el informe sobre todas las liberaciones realizadas durante la vigencia del convenio.
Plan Operativo de Trabajo	Discriminado por actividad y por semanas, aprobado por la supervisión del convenio	PLAN OPERATIVO	1		1	100%	Se aprueba Plan Operativo de trabajo con las sigueintes Actividades: Análisis Genético de Poblaciones. Garantizar las condiciones de manejo y bienestar de la población bajo cuidado humano de Oophaga lehmanni. Liberar individuos de Oophaga lehmanni en el marco del programa de reproducción con fines de conservación
Análisis Genético de Poblaciones	Informe de avance e informe final del análisis genético	INFORMES TECNICOS	2	1	2	100%	El conviniente entrega el informe genético de muestras ambientales y de individuos que permite tomar acciones futuras en el programa de reintroducción de la especie Oophaga lehmanni al medio natural

5. INFORME GENERAL DE SUPERVISIÓN

Se recibió el último informe de parte del conveniente el cual muestra el cumplimiento de todas las actividades pactadas en el convenio, de igual manera se presentó el informe financiero incluida la contrapartida y las certificaciones de los pagos de seguridad social y ARL

Firma del Supervisor:

TRUJILLO BARRIENTOS GUSTAVO ALBERTO

DIAN

Formulario del Registro Único Tributario

001

2. Concepto: 0 2 Actualización

4. Número de formulario: 1412443863 27

(415)7707213489984(8020) 000014124438632 7

5. Número de Identificación Tributaria (NIT): 8 9 0 3 1 8 2 4 7 | 6. DV: 8

12. Dirección seccional: Proveedores Fic

13. Buzón electrónico:

IDENTIFICACIÓN

24. Tipo de contribuyente: Persona jurídica 1

25. Tipo de documento:

26. Número de identificación:

Lugar de expedición: 28. País: 29. Departamento: 30. Ciudad/Municipio:

31. Primer apellido: 32. Segundo apellido: 33. Primer nombre: 34. Otros nombres:

35. Razón social: FUNDACION ZOOLOGICA DE CALI

36. Nombre comercial: 37. Sigla: FZC

UBICACIÓN

38. País: COLOMBIA 1 6 9

39. Departamento: Valle del Cauca 7 6

40. Ciudad/Municipio: Cali 0 0 1

41. Dirección principal: CR 2 OESTE CL 14 ESQ BRR SANTA TERESITA

42. Correo electrónico: lina.loaiza@fzc.com.co

43. Código postal: 7 6 0 0 4 5

44. Teléfono 1: 6 0 2 4 8 8 0 8 8 8

45. Teléfono 2:

CLASIFICACIÓN

Actividad económica

Actividad principal		Actividad secundaria		Otras actividades		Ocupación	
46. Código	47. Fecha inicio actividad	48. Código	49. Fecha inicio actividad	50. Código 1	2	51. Código	52. Fecha inicio actividad ocupación
9 1 0 3	1 9 9 7 0 1 0 8	8 1 3 0	2 0 2 3 0 1 2 3	5 6 1 1			

Responsabilidades, Calidades y Atributos

53. Código: 4 7 9 1 0 1 4 1 6 3 3 4 2 4 8 5 2 5 6

04- Impto. renta y compl. régimen especial
07- Retención en la fuente a título de rent
09- Retención en la fuente en el impuesto
10- Obligado aduanero
14- Informante de exogena
16- Obligación facturar por ingresos bienes
33- Impuesto nacional al consumo
42- Obligado a llevar contabilidad
48- Impuesto sobre las ventas - IVA
52- Facturador electrónico
55- Informante de Beneficiarios Finales

Usuarios aduaneros

54. Código: 2 2 2 3

Exportadores

55. Forma: 3 56. Tipo: 3 Servicio: 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20

IMPORTANTE: Sin perjuicio de las actualizaciones a que haya lugar, la inscripción en el Registro Único Tributario -RUT-, tendrá vigencia indefinida y en consecuencia no se exigirá su renovación.

Para uso exclusivo de la DIAN

59. Anexos: SI [ ] NO [X]

60. No. de Folios: 0

61. Fecha: 2026 04 07 11:56:51 AM

La información suministrada a través del formulario oficial de inscripción, actualización, suspensión y cancelación del Registro Único Tributario (RUT), deberá ser exacta y veraz; en caso de constatar inexactitud en alguno de los datos suministrados se adelantarán los procedimientos administrativos sancionatorios o de suspensión, según el caso. Parágrafo del artículo 1.6.1.2.6 del Decreto 1625 del 2016. De igual manera al formalizar el trámite el usuario fue informado y acepta la política de tratamiento de datos ley 1581 de 2012.

Firma del solicitante:

Sin perjuicio de las verificaciones que la DIAN realice

Firma autorizada

62. Nombre: DOMINGUEZ VERNAZZA MARIA CLARA

63. Cargo: Representante legal Cerrejeado

Copia no válida

DIAN

Formulario del Registro Único Tributario
Representación

001

Página 3 de 7 Hoja 3

Espacio reservado para la DIAN

1. Número de formulario: 1412144386327

(415)7707213489984(8020) 000014124438632 7

5. Número de Identificación Tributaria (NIT)	6. DV	12. Dirección seccional	13. Buzón electrónico
8 9 0 3 1 8 2 4 7	8		

Representación

1

98. Representación	99. Fecha inicio representación
REPRS LEGAL PRIN 1 8	1 9 9 7 0 3 2 6

100. Tipo de documento	101. Número de identificación	102. DV	103. Número de tarjeta profesional
Cédula de Ciudadani 1 3	3 1 8 6 0 4 6 3		

104. Primer apellido	105. Segundo apellido	106. Primer nombre	107. Otros nombres
DOMINGUEZ	VERNAZA	MARIA	CLARA

108. Número de Identificación Tributaria (NIT)	109. DV	110. Razón social representante legal

2

98. Representación	99. Fecha inicio representación
REPRS LEGAL SUPL 1 9	2 0 2 4 0 4 1 8

100. Tipo de documento	101. Número de identificación	102. DV	103. Número de tarjeta profesional
Cedula de Ciudadan 1 3	9 4 3 8 5 3 7 4		

104. Primer apellido	105. Segundo apellido	106. Primer nombre	107. Otros nombres
VARELA	VILLEGAS	ALEJANDRO	

108. Número de Identificación Tributaria (NIT)	109. DV	110. Razón social representante legal

3

98. Representación	99. Fecha inicio representación

100. Tipo de documento	101. Número de identificación	102. DV	103. Número de tarjeta profesional

104. Primer apellido	105. Segundo apellido	106. Primer nombre	107. Otros nombres

108. Número de Identificación Tributaria (NIT)	109. DV	110. Razón social representante legal

4

98. Representación	99. Fecha inicio representación

100. Tipo de documento	101. Número de identificación	102. DV	103. Número de tarjeta profesional

104. Primer apellido	105. Segundo apellido	106. Primer nombre	107. Otros nombres

108. Número de Identificación Tributaria (NIT)	109. DV	110. Razón social representante legal

5

98. Representación	99. Fecha inicio representación

100. Tipo de documento	101. Número de identificación	102. DV	103. Número de tarjeta profesional

104. Primer apellido	105. Segundo apellido	106. Primer nombre	107. Otros nombres

108. Número de Identificación Tributaria (NIT)	109. DV	110. Razón social representante legal

DIAN COPIA NO VALIDA

DIAN

Formulario del Registro Único Tributario
Socios y/o Miembros de Juntas Directivas, Consorcios, Uniones

001

Página 5 de 7 Hoja 4

Espacio reservado para la DIAN

4. Número de formulario: 141244386327

5. Número de Identificación Tributaria (NIT): 8 9 0 3 1 8 2 4 7 | 6. DV: 8

12. Dirección seccional

13. Buzón electrónico

Socios y/o Miembros de Juntas Directivas, Consorcios, Uniones Temporales

1

111. Tipo de documento: Cédula de Ciudada 1 3
112. Número de identificación: 3 1 2 5 5 3 2 9
113. DV:
114. Nacionalidad: COLOMBIA 1 6 9
115. Primer apellido: VERNAZA
116. Segundo apellido: PAREDES
117. Primer nombre: MARIA
118. Otros nombres: ISABELA
119. Razón social:
120. Valor capital del socio:
121. % Participación:
122. Fecha de ingreso: 2 0 2 1 0 4 1 9
123. Fecha de retiro:

2

111. Tipo de documento: Cédula de Ciudada 1 3
112. Número de identificación: 1 1 3 0 6 2 3 5 3 0
113. DV:
114. Nacionalidad: COLOMBIA 1 6 9
115. Primer apellido: JARAMILLO
116. Segundo apellido: PEREZ
117. Primer nombre: MARIA
118. Otros nombres: CLARA
119. Razón social:
120. Valor capital del socio:
121. % Participación:
122. Fecha de ingreso: 2 0 2 2 0 8 0 1
123. Fecha de retiro:

3

111. Tipo de documento: Cedula de Ciudada 1 3
112. Número de identificación: 3 1 8 8 2 0 2 0
113. DV:
114. Nacionalidad: COLOMBIA 1 6 9
115. Primer apellido: HERRERA
116. Segundo apellido: BOTTA
117. Primer nombre: ADRIANA
118. Otros nombres:
119. Razón social:
120. Valor capital del socio:
121. % Participación:
122. Fecha de ingreso: 2 0 2 1 0 4 1 9
123. Fecha de retiro:

4

111. Tipo de documento: Cédula de Ciudadan 1 3
112. Número de identificación: 1 6 5 8 1 8 4 4
113. DV:
114. Nacionalidad: COLOMBIA 1 6 9
115. Primer apellido: PELAEZ
116. Segundo apellido: GONZALEZ
117. Primer nombre: OSCAR
118. Otros nombres: JAVIER
119. Razón social:
120. Valor capital del socio:
121. % Participación:
122. Fecha de ingreso: 2 0 2 1 0 4 1 9
123. Fecha de retiro:

5

111. Tipo de documento: Cédula de Ciudadan 1 3
112. Número de identificación: 2 9 9 5 1 0 0 0
113. DV:
114. Nacionalidad: COLOMBIA 1 6 9
115. Primer apellido: GARCES
116. Segundo apellido: CORDOBA
117. Primer nombre: MARIANA
118. Otros nombres:
119. Razón social:
120. Valor capital del socio:
121. % Participación:
122. Fecha de ingreso: 2 0 2 1 0 4 1 9
123. Fecha de retiro:

COPIA CONTROLADA

DIAN

Formulario del Registro Único Tributario
Revisor Fiscal y Contador

001

Hoja 5

Espacio reservado para la DIAN

1. Número de formulario: 1412244385327

5. Número de Identificación Tributaria (NIT): 8 9 0 3 1 8 2 4 7 | 8. DV: 8

12. Dirección seccional: | Impuestos de: 5

14. Sección de la cámara:

Revisor Fiscal y Contador

Revisor fiscal principal

124. Tipo de documento: Cédula de Ciudadanía 1 3

125. Número de identificación: 1 1 3 0 6 1 4 5 1 0

126. DV:

127. Número de tarjeta profesional: 1 5 0 9 8 2 T

128. Primer apellido: CERTUCHE

129. Segundo apellido: DUQUE

130. Primer nombre: XIOMARA

131. Otros nombres:

132. Número de Identificación Tributaria (NIT): 8 0 0 0 2 6 8 9 3 | 133. DV: 5

134. Sociedad a la que pertenece: ALFREDO LOPEZ Y CIA S A S BIC

135. Fecha de nombramiento: 2 0 2 3 0 4 2 6

Revisor fiscal suplente

136. Tipo de documento: Cédula de Ciudadanía 1 3

137. Número de identificación: 1 2 3 4 1 9 1 8 3 1

138. DV: 2

139. Número de tarjeta profesional: 3 0 5 6 8 2 T

140. Primer apellido: HINESTROZA

141. Segundo apellido: VALENCIA

142. Primer nombre: BRYAN

143. Otros nombres: ALBERTO

144. Número de Identificación Tributaria (NIT): 8 0 0 0 2 6 8 9 3 | 145. DV: 5

146. Sociedad a la que pertenece: ALFREDO LOPEZ Y CIA S A S BIC

147. Fecha de nombramiento: 2 0 2 5 1 2 3 0

Contador

148. Tipo de documento: Cédula de Ciudadanía 1 3

149. Número de identificación: 2 9 6 8 8 7 3 6

150. DV:

151. Número de tarjeta profesional: 2 0 8 0 3 6 7

152. Primer apellido: LOAIZA

153. Segundo apellido: RUIZ

154. Primer nombre: LINA

155. Otros nombres: JULIETH

156. Número de Identificación Tributaria (NIT): | 157. DV: | 158. Sociedad a la que pertenece:

159. Fecha de nombramiento: 2 0 1 7 0 6 3 0

COPIA DOCUMENTO

Alfredo López y Cía. S.A.S. BIC.
Desde 1980

El suscrito Revisor Fiscal de

FUNDACION ZOOLOGICA DE CALI

NIT 890.318.247-8

CERTIFICA QUE:

De acuerdo con los registros y soportes contables de la Entidad, durante los últimos seis (6) meses calendario legalmente exigibles, ha realizado el pago de los aportes al sistema de seguridad y protección sociales exigidos por la ley con base a los plazos dispuesto en el artículo 02 del Decreto 1990 de 2016.

Tal y como lo establece el artículo 2 de la ley 43 de 1990 no es dable al Contador Público certificar sobre asuntos distintos a aquellos relacionados con la ciencia contable ni lo es emitir paz y salvos.

Lo anterior en cumplimiento de lo dispuesto en el artículo 50 de la ley 789 de 2002 y el artículo 23 de la ley 1150 de 2007.

La presente certificación se expide el 8 de mayo del año 2026 a solicitud de la administración de la Fundación.

Xiomara Certuche Duque
Revisor Fiscal Principal
TP-150902-T
Designado por ***ALFREDO LOPEZ Y CIA SAS. BIC***

REPUBLICA DE COLOMBIA
IDENTIFICACION PERSONAL
CEDULA DE CIUDADANIA

NUMERO **1.130.614.510**

CERTUCHE DUQUE
APELLIDOS

XIOMARA
NOMBRES

FIRMA





INDICE DERECHO

FECHA DE NACIMIENTO **28-AGO-1987**
CALI
(VALLE)
LUGAR DE NACIMIENTO

1.50	**O+**	**F**
ESTATURA	G.S. RH	SEXO

14-SEP-2005 CALI
FECHA Y LUGAR DE EXPEDICION

REGISTRADORA NACIONAL
ALMABEATRIZ RENGIFO LOPEZ

P-3100102-65142621-F-1130614510-20051205 **03720** 05339D 02 189044595

República de Colombia
Ministerio de Comercio Industria y Turismo

JUNTA CENTRAL DE CONTADORES
TARJETA PROFESIONAL
DE CONTADOR PUBLICO

150902-T



XIOMARA
CERTUCHE DUQUE
C.C. 1130614510
RESOLUCION INSCRIPCION 204 FECHA 01/07/2010
UNIVERSIDAD SAN BUENAVENTURA

PRESIDENTE LEONARDO SANCHEZ G.

LEONARDO SANCHEZ GARRIDO 160149

Xiomara Certuche D

FIRMA DEL TITULAR 75863

Esta tarjeta es el único documento que lo acredita como CONTADOR PUBLICO de acuerdo con lo establecido en la Ley 43 de 1990.
Agradecemos a quien encuentre esta tarjeta devolverla al Ministerio de Comercio Industria y Turismo - Junta Central de Contadores.

UNIDAD ADMINISTRATIVA ESPECIAL **JUNTA CENTRAL DE CONTADORES**

Certificado No:
D7BBDC7DZEA75BCF

LA REPUBLICA DE COLOMBIA

MINISTERIO DE COMERCIO, INDUSTRIA Y TURISMO

UNIDAD ADMINISTRATIVA ESPECIAL

JUNTA CENTRAL DE CONTADORES

CERTIFICA A:
QUIEN INTERESE

Que el contador público **XIOMARA CERTUCHE DUQUE** identificado con CÉDULA DE CIUDADANÍA No 1130614510 de CALI (VALLE DEL CAUCA) Y Tarjeta Profesional No 150902-T SI tiene vigente su inscripción en la Junta Central de Contadores y desde los últimos 5 años.

NO REGISTRA ANTECEDENTES DISCIPLINARIOS ***********************************
****
****

Dado en BOGOTA a los 15 días del mes de Agosto de 2025 con vigencia de (3) Meses, contados a partir de la fecha de su expedición.

SANDRA MILENA BARRIOS PULIDO
DIRECTOR GENERAL

ESTE CERTIFICADO DIGITAL TIENE PLENA VALIDEZ DE CONFORMIDAD CON LO ESTABLECIDO EN EL ARTICULO 2 DE LA LEY 527 DE 1999, DECRETO UNICO REGLAMENTARIO 1074 DE 2015 Y ARTICULO 6 PARAGRAFO 3 DE LA LEY 962 DEL 2005

Para confirmar los datos y veracidad de este certificado, lo puede consultar en la página web www.jcc.gov.co digitando el número del certificado

INFORME FINAL

CONVENIO No 095 2025

ESTRATEGIAS DE CONSERVACIÓN PARA *OOPHAGA LEHMANNI*: REINTRODUCCIÓN, ANÁLISIS GENÉTICO Y MANEJO *EX SITU*

Presentado por:

Fundación Zoológica de Cali

Santiago de Cali, 31 marzo 2026

TABLA DE CONTENIDO

1 INTRODUCCIÓN 3

2 OBJETIVOS 4

3 MÉTODOS 5

3.1 Análisis genético 5

3.2 Garantizar las condiciones de manejo y bienestar de la población bajo cuidado humano de Oophaga lehmanni 18

3.3 Liberar individuos de *Oophaga lehmanni* en el marco del programa de reproducción con fines de conservación. 19

4 ACTIVIDADES Y PRODUCTOS 21

5 RESULTADOS 21

5.1 Informe técnico del análisis genético 21

5.2 Informe técnico sobre el manejo de individuos bajo cuidado profesional 26

5.3 Informe de actividades sobre evento de liberación y toma de muestras 31

6 CONCLUSIONES 38

7 RECOMENDACIONES 40

8 REFERENCIAS 41

1 INTRODUCCIÓN

La acelerada pérdida de biodiversidad constituye uno de los principales desafíos ambientales del siglo XXI, con implicaciones directas sobre la estabilidad de los ecosistemas y el bienestar humano (Benavidez-Silva et al., 2024; Butchart et al., 2010). Los anfibios han sido identificados como uno de los grupos más afectados, con reducciones poblacionales generalizadas, extinciones locales y desapariciones de especies en múltiples regiones del mundo (Houlahan et al., 2000; Tapley et al., 2015). El carácter multifactorial de esta crisis, que involucra la degradación y fragmentación de hábitats, el cambio climático, la contaminación, las enfermedades emergentes y el tráfico ilegal de fauna silvestre, demanda respuestas integrales basadas en la generación de conocimiento científico, la gestión adaptativa y la articulación efectiva entre actores institucionales y comunitarios.

En el Neotrópico, el Chocó biogeográfico constituye uno de los territorios más relevantes para la conservación de anfibios debido a sus altos niveles de diversidad y endemismo (Daza et al., 2019). En esta región, las ranas venenosas de la familia Dendrobatidae representan un grupo emblemático por su importancia ecológica y valor evolutivo. Estas especies presentan estrategias reproductivas especializadas, comportamientos parentales complejos y coloraciones aposemáticas asociadas a compuestos alcaloides, rasgos que reflejan procesos adaptativos finos frente a condiciones ambientales específicas (Grant et al., 2017).

Dentro de este grupo, *Oophaga lehmanni* (Myers & Daly, 1976) constituye uno de los casos más representativos de endemismo y vulnerabilidad en Colombia. Su distribución se restringe a sectores del bosque húmedo de la vertiente occidental de la Cordillera Occidental, en la cuenca alta y media del río Anchicayá, donde ocupa hábitats con condiciones microclimáticas estables y disponibilidad de fitotelmas utilizados para el desarrollo larval. Presenta comportamientos reproductivos altamente especializados, entre ellos el transporte de renacuajos y la provisión de huevos tróficos, lo que refuerza su dependencia de la estructura del bosque y de recursos específicos del entorno.

Las evaluaciones sobre su estado de conservación la ubican en categoría de amenaza crítica, determinada por su rango de distribución extremadamente restringido, la disminución en la calidad de su hábitat y la presión sostenida del tráfico ilegal. Este último factor ha generado efectos directos sobre la estructura poblacional y la variabilidad genética, promoviendo escenarios de extracción selectiva que comprometen su viabilidad a largo plazo (Gómez-Díaz et al., 2019). Estudios de genética poblacional han evidenciado niveles de heterocigosidad inferiores a los esperados bajo equilibrio, lo que sugiere procesos históricos de reducción poblacional y pérdida de diversidad genética, con implicaciones sobre la resiliencia adaptativa de las poblaciones naturales (Betancourth-Cundar et al., 2020).

Como parte de las estrategias de manejo, desde 2022 se ha implementado el programa de reproducción y reintroducción de individuos de *O. lehmanni* en áreas de su distribución natural con antecedentes de extinción local, acompañado de un modelo de monitoreo comunitario. El Convenio Interadministrativo 095 se estructura como un instrumento orientado a consolidar y escalar estos esfuerzos. Su objeto se centró en la integración de capacidades técnicas, científicas y operativas para fortalecer la conservación de la especie mediante la realización de un evento de liberación, el seguimiento al programa de reintroducción, un análisis de genética poblacional y el mantenimiento de poblaciones bajo cuidado profesional, generando información estratégica para la toma de decisiones.

El presente informe final reúne los resultados derivados de la implementación del Convenio 095, organizados según sus componentes técnicos.

2 OBJETIVOS

Objetivo General

Aunar esfuerzos técnicos y recursos económicos para realizar el seguimiento al programa de reintroducción *de Oophaga lehmanni*, garantizar el manejo ex situ de individuos bajo cuidado

humano e investigar la genética de las poblaciones in situ de la especie para su monitoreo y conservación.

Objetivos específicos

- Estimar los cambios en la diversidad genética de las poblaciones naturales de *Oophaga lehmanni* mediante el uso de técnicas de muestreo no letales y herramientas genómicas de alta resolución.
- Fortalecer el manejo *ex situ* de la especie, garantizando las condiciones de bienestar, viabilidad reproductiva y valor genético de los individuos mantenidos bajo cuidado humano.
- Realizar un evento de liberación de individuos de *Oophaga lehmanni* en el marco del programa de reproducción con fines de conservación.

3 MÉTODOS

3.1 Análisis genético

Área e individuos de estudio

De acuerdo con el rango de distribución conocido para la especie, esta investigación empleó muestras provenientes de seis localidades ubicadas sobre la vertiente occidental de la cordillera Occidental, en el departamento del Valle del Cauca. Estas localidades se distribuyen en las cuencas media y alta del río Anchicayá, dentro de la jurisdicción de los municipios de Buenaventura y Dagua, constituyendo una de las áreas núcleo para la conservación de *O. lehmanni*.

La Figura 1 presenta la distribución espacial de las agregaciones reproductivas de *O. lehmanni* incluidas dentro del diseño muestreal. Estas localidades corresponden a núcleos poblacionales previamente identificados mediante monitoreo de campo y registros históricos de presencia. No se

incluyen en esta figura las agregaciones detectadas al interior del Parque Nacional Natural Farallones de Cali, debido a restricciones operativas y a los alcances específicos del presente diseño de muestreo. El color del ícono representa el morfo de coloración de los individuos asociados a cada localidad.

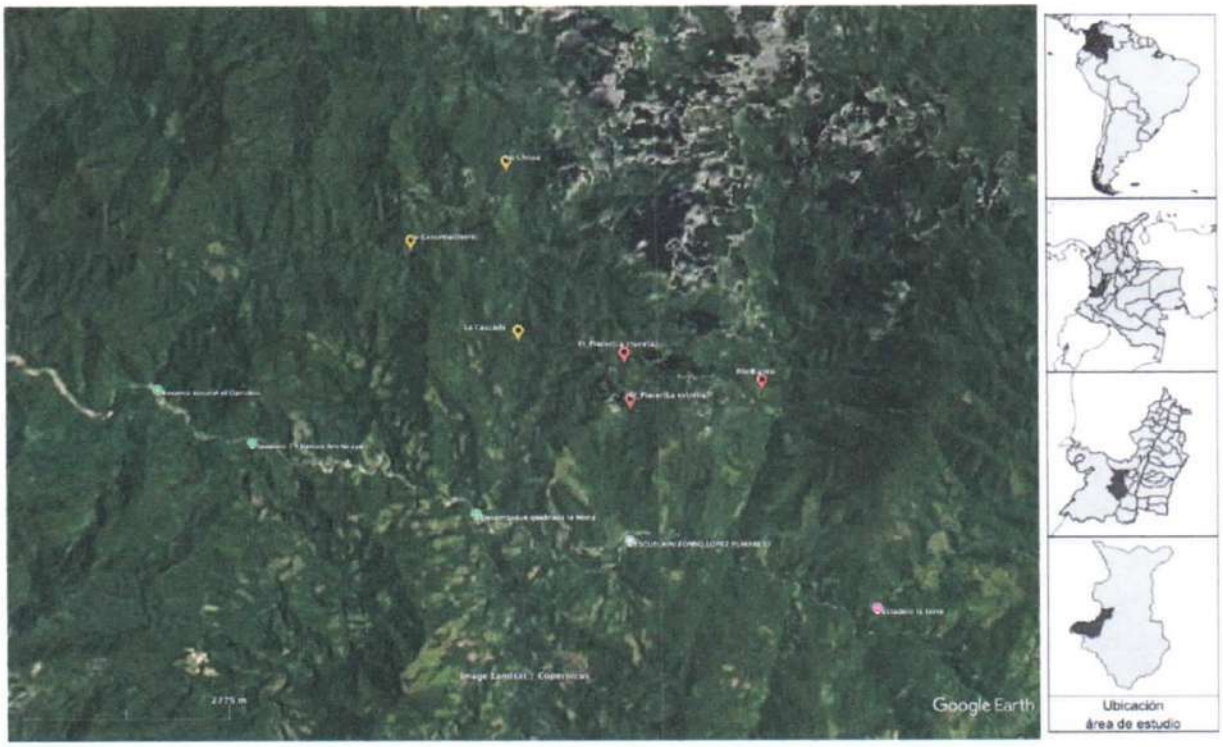


Figura 1. Imagen de la distribución espacial de las agregaciones reproductivas de O. lehmanni incluidas dentro del diseño muestreal. No se incluyen las agregaciones detectadas dentro del Parque Nacional Natural Farallones. El color del ícono indica el morfo de coloración de los individuos.

Las muestras utilizadas para el análisis genético corresponden a un compendio de material biológico obtenido en el marco de convenios previos suscritos entre la FZC-CVC y la Universidad de Valle-CVC, complementado con 18 muestras adicionales colectadas durante la salida de campo realizada en el marco del presente convenio, cuya descripción detallada se presenta en la actividad correspondiente.

A cada individuo capturado se le tomó una muestra no letal mediante la técnica de frotis bucal, procedimiento ampliamente validado en estudios de genética poblacional de anfibios

por su efectividad y bajo impacto sobre los individuos (Grueber et al., 2011). Posteriormente, todos los ejemplares fueron liberados en el mismo sitio de captura, minimizando el estrés asociado a la manipulación y garantizando su integridad biológica y comportamiento natural. Las muestras biológicas fueron debidamente rotuladas, almacenadas y conservadas bajo condiciones controladas hasta su procesamiento en laboratorio, con el fin de preservar la calidad e integridad del material genético requerido para los análisis posteriores de estructura poblacional y diversidad genética.

Genética poblacional

La información genética contenida en el ADN de una especie es, en términos prácticos, su memoria evolutiva y su reserva de adaptabilidad futura. Cuando una población pierde diversidad genética, por efecto de la caza, la fragmentación del hábitat o el aislamiento geográfico pierde también su capacidad de responder a enfermedades, cambios climáticos y otros desafíos ambientales (Frankham et al., 2002). En este estudio analizamos 300 marcadores moleculares denominados SNPs (*single nucleotide polymorphisms*), equivalentes a 300 "letras" del genoma que varían entre individuos de *O. lehmanni* distribuidos en dos morfos de color (yellowMorph y redMorph) y seis localidades de muestreo. En concordancia, se contempló para el muestreo genético un diseño muestreal que permitiera separar la variación y el flujo genéticos tanto entre morfos de diferente color, como entre localidades dentro de cada morfo. Cuando existió un desequilibrio demasiado grande en el número de muestras de cada unidad, se realizó una salida de campo para acercarlos (Figura 2).

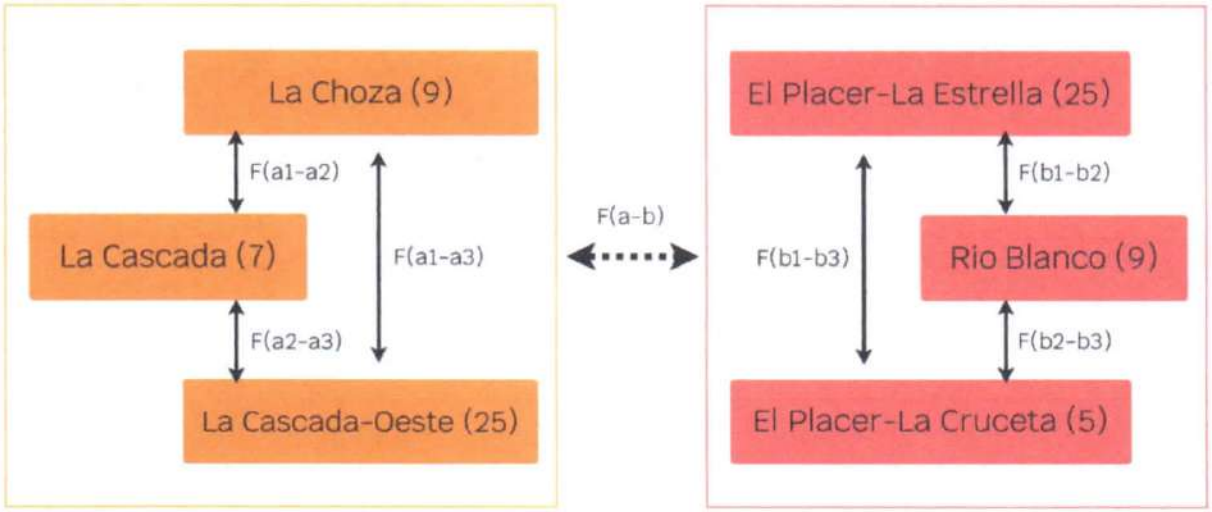


Figura 2. Diseño de muestras para estimar la heterocigocidad dentro y entre agrupaciones reproductivas, así como el flujo genético entre morfos de *Oophaga lehmanni*. El color del cuadro indica el morfo de coloración de la especie. El número entre paréntesis se refiere al número de muestras a incluir en el análisis genético.

La extracción de ADN genómico fue realizada utilizando el *kit Qiagen DNeasy Blood & Tissue*, incorporando ajustes específicos para el procesamiento de tejidos sólidos y muestras obtenidas mediante hisopado bucal. Dada la heterogeneidad del material biológico y las características operativas de los equipos disponibles, fue necesario estandarizar tiempos de lisis, volúmenes de elución y condiciones de centrifugación con el fin de optimizar la recuperación del ADN (Figuras 3, 4 y 5).

La cuantificación del ADN se efectuó mediante fluorometría utilizando el sistema *Qubit 2.0* y el *kit dsDNA High Sensitivity*. En algunos casos, se realizaron ajustes en los volúmenes de dilución para asegurar que las lecturas se mantuvieran dentro del rango óptimo del ensayo. Las variaciones observadas en la concentración de ADN entre las muestras son esperables y coherentes con estudios que emplean material biológico heterogéneo. Dichas variaciones se asocian principalmente al tipo de muestra procesada (tejido sólido vs. hisopado bucal), la cantidad inicial de material biológico disponible, el estado de conservación de las muestras, el tiempo de almacenamiento previo a la extracción, así como a posibles diferencias en la eficiencia de lisis y recuperación del ADN. La Tabla 1 muestra en detalle los pasos asociados

al protocolo completo de procesamiento, extracción y cuantificación del ADN. La Tabla 2 muestra las concentraciones finales de ADN medidas en la totalidad de las muestras procesadas.

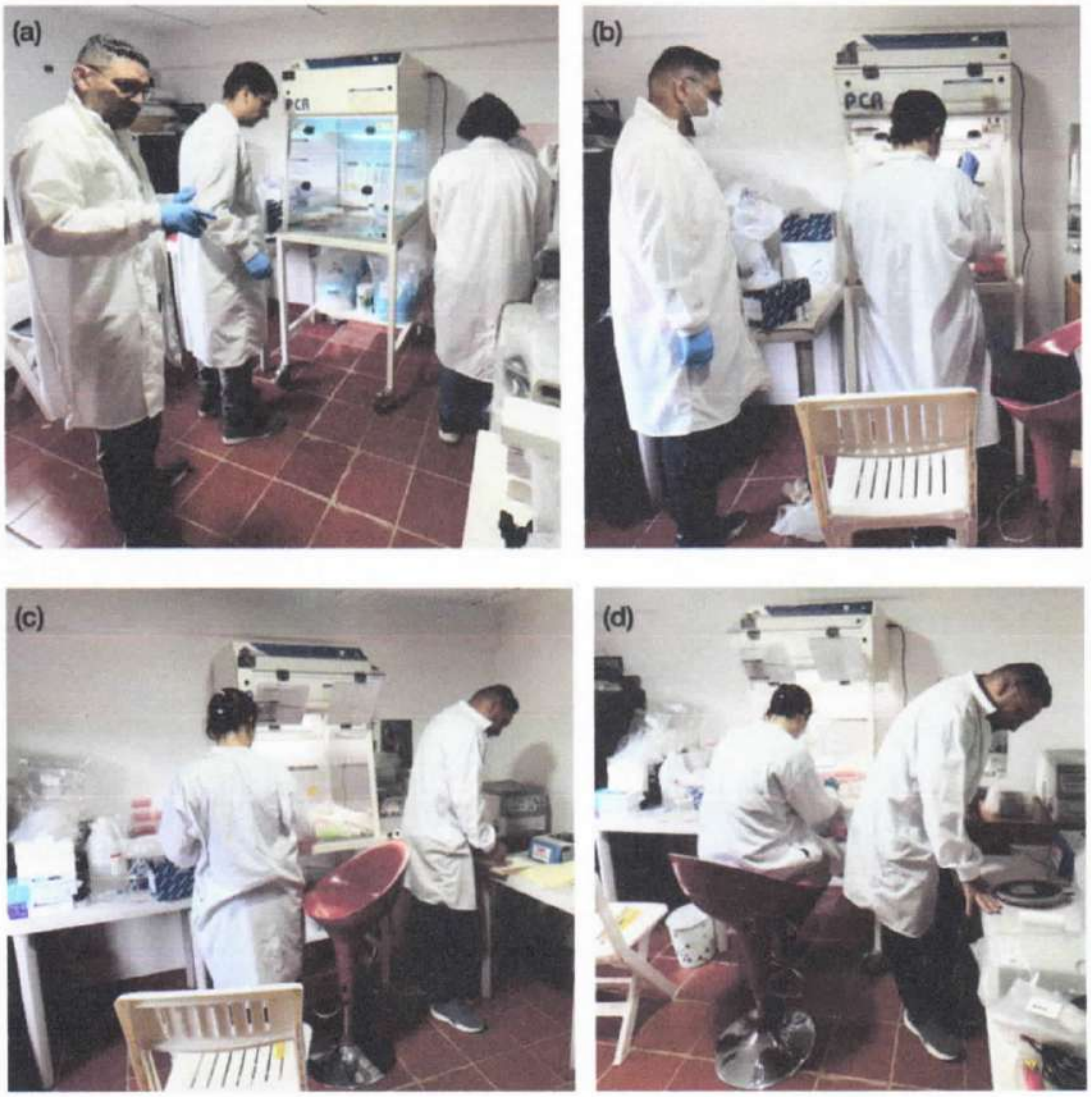


Figura 3. Equipo de trabajo durante la extracción y cuantificación de ADN total de las muestras.



Figura 4. Sistema de almacenamiento y organización de muestras de tejido/hisopado y ADN en tubos Eppendorf. Etapa de rotulado y verificación de códigos para garantizar la trazabilidad durante procesamientos posteriores.



Figura 5. Equipos y reactivos empleados durante las fases de extracción y cuantificación del ADN genómico, incluyendo el sistema de fluorometría, los reactivos asociados, las micropipetas y el kit de extracción de ADN.

Tabla 1. Protocolo de procesamiento, extracción y cuantificación de ADN de muestras de *Oophaga lehmanni* durante el proyecto.

Actividad	Descripción técnica detallada	Justificación	Resultado / Producto
Organización y verificación de muestras biológicas	Revisión, rotulación y clasificación de 94 muestras biológicas (tejidos: piel, músculo, dedos; y swabs bucales) preservadas en etanol	Garantizar trazabilidad, evitar contaminación cruzada y asegurar correspondencia muestra–código	Muestras organizadas y listas para procesamiento
Estandarización del protocolo de extracción por tipo de muestra	Evaluación y ajuste del protocolo Qiagen DNeasy Blood & Tissue Kit para dos matrices biológicas diferentes (tejido sólido y swabs bucales)	Los swabs y tejidos presentan diferencias en cantidad y liberación de ADN	Protocolo ajustado y diferenciado por tipo de muestra
Eliminación de etanol residual de muestras	Evaporación completa del etanol de preservación previo a la lisis, especialmente en tejidos y swabs	El etanol inhibe la actividad de Proteinasa K y reduce el rendimiento	Muestras libres de inhibidores
Lisis enzimática de tejidos	Incubación de tejidos en Buffer ATL + Proteinasa K a 56 °C durante ~3,5 horas, con verificación visual de digestión	Maximizar liberación de ADN genómico de tejidos animales	Lisados homogéneos
Lisis enzimática de swabs bucales	Incubación de swabs bucales en Buffer ATL + Proteinasa K a 56 °C durante incubación prolongada (overnight)	Los swabs requieren mayor tiempo por menor carga celular	ADN liberado desde fibras del hisopo
Remoción de swabs post-lisis	Retiro de las fibras de algodón tras centrifugación breve para recuperar el lisado	Evitar retención de ADN en el hisopo y facilitar pasos posteriores	Lisado limpio para purificación
Ajuste de condiciones de unión del ADN	Adición de Buffer AL y etanol al lisado para favorecer la unión del ADN a la membrana de sílica	Paso crítico para la captura eficiente del ADN	ADN listo para purificación
Transferencia a columnas de sílica	Carga del lisado completo en columnas DNeasy, utilizando una o dos cargas según volumen	Garantizar transferencia total del ADN	ADN unido a la membrana
Lavado de la membrana – AW1	Lavado con Buffer AW1 y centrifugación	Eliminación de proteínas y contaminantes	Membrana limpia

Actividad	Descripción técnica detallada	Justificación	Resultado / Producto
Lavado de la membrana – AW2	Lavado con Buffer AW2 y centrifugación extendida	Eliminación de sales y etanol residual	ADN purificado
Spin seco adicional	Centrifugación adicional para secado completo de la membrana	Prevenir arrastre de etanol que afecte cuantificación y secuenciación	Membrana seca
Elución del ADN	Elución del ADN en Buffer AE precalentado, con volúmenes de 100–200 µL según muestra	Optimizar concentración final para secuenciación	ADN genómico eludido
Almacenamiento del ADN	Conservación del ADN eludido a –20 °C en crioviales	Preservar integridad del ADN	Banco de ADN generado
Preparación para cuantificación	Preparación de tubos Qubit con Working Solution y alícuotas de ADN	Garantizar mediciones precisas	Tubos listos para lectura
Cuantificación fluorométrica	Cuantificación de ADN mediante Qubit 2.0 usando Qubit™ dsDNA HS Assay Kit	Método específico y preciso para ADN doble cadena	Concentraciones obtenidas (ng/mL y µg/mL)
Validación de calidad para secuenciación	Evaluación de concentraciones obtenidas frente a requerimientos de ddRAD-seq	Determinar aptitud de las muestras	Muestras clasificadas como aptas / revisables
Registro y sistematización de datos	Organización de resultados de cuantificación en tablas digitales	Trazabilidad y análisis posterior	Base de datos consolidada
Generación de insumos para envío a secuenciación	Preparación de información técnica para servicios de secuenciación (ddRAD-seq)	Facilitar la fase posterior del proyecto	ADN listo para envío

Tabla 2. Resultados de la cuantificación de ADN por fluorometría para la totalidad de las muestras e *O. lehmmani*. El código 1 referencia a la colección de tejidos, dentro de la Colección de Prácticas Zoológicas de la Universidad del Valle. El código 2 es interno para facilitar marcaje de tubos.

Código_1	Código_2	Conc. ADN ng/mL	Conc. ADN µg/mL	Elución con AE (µL)
CDT 4140	95	357	7,40	200
CDT 4153	88	422	8,62	
CDT 4148	83	173	3,36	
CDT 4161	96	293	6,16	
CDT 4165	102	273	5,48	
CDT 4164	99	261	5,36	
CDT 3766	18_C	106	2,12	
CDT 3768	83_C	95,3	1,91	
CDT 3632	13	91,7	1,83	
CDT 3770	85_C	119	2,38	
1		92,3	1,85	
2		246	4,92	
3		402	8,04	
4		204	4,08	
CDT 5787	516	145	2,90	
CDT 5788	517	225	4,50	
CDT 5793	506	221	4,42	
CDT 5789	508	401	8,22	
CDT 5802	507	550	11,0	
CDT 5796	509	283	5,6	
CDT 5791	608	239	4,78	
CDT 5792	607	238	4,76	
CDT 5799	19	294	5,88	
5		232	4,64	
6		129	2,58	
7		214	4,28	

Código_1	Código_2	Conc. ADN ng/mL	Conc. ADN µg/mL	Elución con AE (µL)
8		215	4,30	
CDT 3920	204_C	474	9,48	
CDT 3633	14	264	5,28	
CDT 3754	67_C	540	10,8	200
CDT 3773	88_C	402	8,04	
9		234	4,78	100
10		324	6,48	
40		> 600		
30		> 600		
CDT 3910	61_C	> 600		
CDT 3906	56_C	> 600		
CDT 3908	58_C	> 600		
CDT 3636	11	> 600		
CDT 4123	149_P	> 600		
CDT 4120	146_P	> 600		
CDT 4154	89_P	> 600		
CDT 4147	82_P	> 600		
CDT 4146	81_P	> 600		
20		309	6,18	
12		447	8,94	
11		520	10,4	
CDT 3909	59-C	> 600		
CDT 3783	98-C	> 600		
CDT 3638	42+1	540	10,8	
CDT 3644	7	> 600		
CDT 3634	30	> 600		
CDT 4152	87_P	> 600		
CDT 4162	97_P	> 600		
CDT 4160	95_P	467	9,34	

Código_1	Código_2	Conc. ADN ng/mL	Conc. ADN µg/mL	Elución con AE (µL)
CDT 3730	42_P	540	10,8	
CDT 4167	2000_P	459	9,18	
CDT 3645	70	> 600		
CDT 3919	203-C	> 600		100
CDT 3772	87-C	> 600		
CDT 3900	48-C	> 600		
CDT 3907	57-C	> 600		
CDT 3901	49-C	> 600		
CDT 3913	105-C	> 600		
CDT 3739	49_P	> 600		
CDT 3741	51_P	> 600		
CDT 3729	41_P	> 600		
CDT 4135	13_P	550	11,0	
CDT 3742	52_P	600	12,0	
CDT 3735	46_P	530	10,6	
CDT 4143	78_P	600	12,0	
CDT 4166	103_P	540	10,8	
D1		560	11,2	
D2		500	10,0	
D3		560	11,2	
D4		498	9,96	
D5		346	6,92	
D6		491	9,82	
D7		389	7,78	
D8		570	11,4	
D9		469	9,38	
CDT 3731	43_P	> 600		
CDT 4159	94_P	> 600		
CDT 3747	58_P	> 600		

Código_1	Código_2	Conc. ADN ng/mL	Conc. ADN µg/mL	Elución con AE (µL)
CDT 3637	80	> 600		
CDT 3646		> 600		
CDT 3749	62_C	> 600		
CDT 3911	103_C	> 600		
CDT 3761	75_C	600	12,0	
LM_1		> 600		
LM_2		> 600		
LM_3		> 600		
LM_4_1		> 600		
LM_4_2		> 600		100
LM_5_1		> 600		
LM_5_2		> 600		
N25048	Morfo_Amarillo	406	8,12	
N25046	Morfo_Rojo	336	6,72	
N25052	Morfo_Amarillo	550	11,0	
N25042	Morfo_Rojo	364	7,28	

Para obtener los SNPs analizados en este estudio se empleó la técnica de secuenciación por reducción de representación del genoma conocida como RADseq (*Restriction-site Associated DNA sequencing*). El principio de esta metodología es el siguiente: el ADN extraído de cada individuo se corta en fragmentos reproducibles mediante enzimas de restricción, proteínas que reconocen secuencias específicas del genoma y lo dividen en los mismos sitios en todos los individuos de la misma especie. Los fragmentos resultantes son masivamente secuenciados mediante plataformas de nueva generación, como Illumina, que producen millones de lecturas cortas de ADN por muestra (Baird et al., 2008).

Al comparar esas lecturas entre individuos, se identifican las posiciones del genoma donde la "letra" del ADN difiere de un individuo a otro: esas diferencias son precisamente los SNPs. El

proceso completo, desde la extracción de tejido hasta la obtención de la matriz de genotipos, puede completarse en pocas semanas para cientos de individuos simultáneamente, lo que hace de RADseq una herramienta extraordinariamente eficiente para estudios de conservación a escala de campo (Andrews et al., 2016).

Frente a metodologías más antiguas como los microsatélites o el ADN mitocondrial (Betancourth-Cundar et al. 2020), RADseq ofrece ventajas decisivas para responder las tres preguntas de este informe. En primer lugar, genera simultáneamente miles de marcadores distribuidos por todo el genoma, en lugar de los 10–20 marcadores típicos de estudios con microsatélites; esa densidad de información aumenta dramáticamente la precisión de las estimaciones de heterocigosidad, Fst y distancia genética, reduciendo el error estadístico asociado a muestras pequeñas; éste es un problema frecuente en especies amenazadas con poblaciones reducidas (Davey et al., 2011).

En segundo lugar, RADseq no requiere un genoma de referencia previamente ensamblado, lo que lo hace aplicable a especies no modelo como *O. lehmanni*. En tercer lugar, el costo por muestra ha disminuido hasta niveles accesibles para proyectos de conservación institucionales, con protocolos estandarizados que permiten procesar hasta 96 individuos en una sola corrida de secuenciación mediante el uso de códigos de barras moleculares individuales (*barcodes*) (Peterson et al., 2012). Finalmente, los SNPs generados por RADseq son marcadores bialélicos codominantes que se distribuyen en regiones tanto neutras como potencialmente adaptativas del genoma, lo que permite no sólo estimar la estructura poblacional histórica sino también detectar *loci* bajo selección natural: información crítica para identificar adaptaciones locales que deben preservarse en cada morfo (Hohenlohe et al., 2010).

La matriz de genotipos utilizada para los análisis de este proyecto es el producto final de un flujo de trabajo bioinformático que transforma las lecturas crudas de secuenciación en datos genéticos interpretables. Las lecturas se filtran por calidad, se demultiplexan por individuo

según su código de barras, y se ensamblan en *loci* mediante el programa *STACKS* (Catchen et al., 2013) o *ipyrad* (Eaton & Overcast, 2020), los dos entornos bioinformáticos más utilizados para RADseq en estudios de diversidad y estructura poblacional. En este proceso se aplican criterios de filtrado que eliminan *loci* con datos faltantes excesivos, *loci* con frecuencia alélica minoritaria muy baja (*minor allele frequency*, MAF < 0.05) y *loci* con más de dos alelos, que podrían indicar errores de secuenciación o parálogos genómicos (O'Leary et al., 2018). El resultado es una matriz de genotipos codificada en formato *dosage* (0 = homocigoto referencia, 1 = heterocigoto, 2 = homocigoto alternativo) para cada individuo y cada SNP: exactamente el formato analizado para resolver las preguntas de esta investigación.

3.2 Garantizar las condiciones de manejo y bienestar de la población bajo cuidado humano de *Oophaga lehmanni*

La garantía de condiciones adecuadas de bienestar se fundamentó en la estandarización de recintos bioseguros diseñados para replicar funciones ecológicas esenciales del microhábitat natural. Estos recintos incorporaron sistemas de drenaje eficientes, control de variables ambientales y elementos estructurales como bromelias, que facilitaron la expresión de comportamientos reproductivos y territoriales. El diseño de los terrarios incluyó gradientes microclimáticos, ventilación controlada y disposición estratégica de refugios, lo que contribuyó a reducir el estrés y favorecer la conducta natural de la especie.

El componente sanitario se estructuró a partir de protocolos estrictos de bioseguridad. Se implementaron cuarentenas obligatorias para individuos de ingreso, exámenes coproparasitológicos seriados, monitoreo dermatológico y desinfección sistemática de instalaciones y utensilios. La organización de flujos unidireccionales de trabajo, junto con el uso permanente de barreras físicas, permitió minimizar el riesgo de transmisión de patógenos emergentes. El seguimiento periódico de la condición corporal, el peso y el estado cutáneo facilitó la detección temprana de alteraciones clínicas, manteniendo las tasas de morbilidad y mortalidad dentro de rangos compatibles con programas de conservación.

El manejo nutricional se orientó a garantizar un aporte balanceado mediante la oferta diversificada de presas vivas y la suplementación controlada de calcio y vitaminas, ajustada a las diferentes etapas de desarrollo. El monitoreo del crecimiento juvenil, la calidad de las posturas y la supervivencia larval se empleó como indicador de la eficacia del régimen alimenticio. De manera complementaria, la gestión genética del stock ex situ se articuló con los resultados del componente genómico, lo que permitió planificar emparejamientos con base en criterios de parentesco y diversidad, con el fin de conservar la mayor proporción posible de variabilidad genética presente en las poblaciones naturales.

Se implementó un sistema de monitoreo continuo y trazabilidad individual sustentado en registros clínicos, reproductivos y fotográficos, garantizando la disponibilidad de información confiable para la evaluación del programa. La integración de estos elementos permitió consolidar un modelo técnico orientado no solo al mantenimiento de individuos bajo cuidado humano, sino a la preservación de su valor biológico y evolutivo en el marco de una estrategia integral de recuperación poblacional.

3.3 Liberar individuos de *Oophaga lehmanni* en el marco del programa de reproducción con fines de conservación.

Como parte del programa de reproducción y reintroducción de *O. lehmanni* con fines de conservación, se llevó a cabo un evento de liberación el 8 de octubre de 2025 en el predio del señor Freddy Rebolledo, ubicado en el sector Rioblanco, dentro del área de distribución natural de la especie. En esta jornada se liberó un total de siete (7) individuos, previamente seleccionados con base en su condición sanitaria, desarrollo morfológico y aptitud para la reintroducción.

La cantidad de individuos liberados en esta oportunidad fue considerablemente menor en comparación con eventos anteriores, situación asociada a un descenso en el reclutamiento dentro del programa de reproducción. Esta variación es consistente con la dinámica propia

de los sistemas de reproducción bajo cuidado humano, en los que la supervivencia y el éxito reproductivo pueden fluctuar debido a la alta susceptibilidad de los individuos a cambios ambientales, sanitarios y fisiológicos, condición ampliamente documentada en programas de conservación de anfibios.

Los individuos seleccionados para la liberación presentaron tallas superiores a 25 mm de longitud rostro-cloacal, criterio que permitió garantizar el adecuado desarrollo fisiológico y la consolidación del patrón de coloración característico de la especie, facilitando su identificación posterior mediante técnicas de foto-identificación. El transporte a la localidad se realizó en horario crepuscular, con el fin de reducir el estrés térmico. Cada individuo fue dispuesto en un recipiente individual de tamaño adecuado para permitir su movilidad, acondicionado con material húmedo que favoreció la estabilidad microclimática durante el traslado.

Una vez en el área de liberación, los individuos fueron ubicados en un recinto previamente instalado, con dimensiones aproximadas superiores a 2 metros de altura, 2 metros de ancho y 7 metros de profundidad, construido con materiales que permitieron el intercambio de aire y la regulación de las condiciones ambientales. Esta estructura funcionó como un espacio de aclimatación temporal, permitiendo la adaptación progresiva de los individuos a las condiciones del entorno natural. Durante este período, el equipo técnico realizó un seguimiento comportamental orientado a verificar la estabilización de los individuos, evidenciada en la selección de sitios de percha, la manifestación de actividad acústica y el mantenimiento de una adecuada condición corporal.

De manera complementaria, miembros de la comunidad local, en calidad de aliados estratégicos del proceso, participaron en el monitoreo del recinto y en la provisión de condiciones básicas de humedad y alimentación, fortaleciendo la corresponsabilidad en las acciones de conservación. Posteriormente, el comité técnico evaluó la información recopilada durante la fase de aclimatación y, una vez verificado el estado sanitario y la aptitud

física de los individuos mediante revisión veterinaria, se procedió a su liberación permanente en el área seleccionada. Este procedimiento se desarrolló bajo criterios de manejo adaptativo, priorizando la supervivencia y la integración funcional de los individuos al ecosistema receptor.

4 ACTIVIDADES Y PRODUCTOS

Actividad	Producto
Análisis genético	Informe técnico del análisis genético
Garantizar las condiciones de manejo y bienestar de la población bajo cuidado humano	Informe técnico sobre el manejo de individuos bajo cuidado profesional
Salida de campo para liberación y toma de muestras	Informe de actividades sobre evento de liberación y toma de muestras

5 RESULTADOS

5.1 Informe técnico del análisis genético

Heterocigosidad: ¿tiene la especie suficiente variabilidad genética para sobrevivir?

La heterocigosidad mide qué tan diverso es el genoma de los individuos de una población. La heterocigosidad esperada (He) representa el nivel de diversidad que existiría si la población se reprodujera al azar sin ninguna perturbación; la heterocigosidad observada (Ho) es la diversidad que realmente se mide en los individuos muestreados. Cuando Ho es notablemente inferior a He, ello indica que los individuos se aparean con parientes cercanos (consanguinidad) o que la población ha sufrido una reducción severa de tamaño en el pasado (Allendorf et al., 2013). El coeficiente Fis (calculado como 1-(Ho / He)) cuantifica ese déficit: valores cercanos a cero indican reproducción al azar, mientras que valores positivos revelan

consanguinidad. Los resultados de nuestro análisis (Figura 6) muestran un contraste marcado entre los dos morfos. El morfo amarillo presenta valores de Ho prácticamente iguales a He en sus tres localidades (Choza, Cascada Este, Cascada Oeste), con Fis ≈ 0, lo que indica una reproducción libre y sin restricciones. El morfo rojo, en cambio, muestra en las tres localidades (Placer Estrella, Rio Blanco, Placer Cruceta) una Ho consistentemente inferior a He, con Fis ≈ 0.14–0.16.

Este nivel de consanguinidad es biológicamente significativo: la literatura establece que valores de Fis superiores a 0.10 en poblaciones silvestres son una señal de alerta para la viabilidad a largo plazo, pues la acumulación de alelos deletéreos en individuos consanguíneos reduce la supervivencia y la reproducción (Keller & Waller, 2002). Por lo tanto, el morfo rojo se encuentra en mayor riesgo genético que el morfológico amarillo y requiere atención prioritaria.

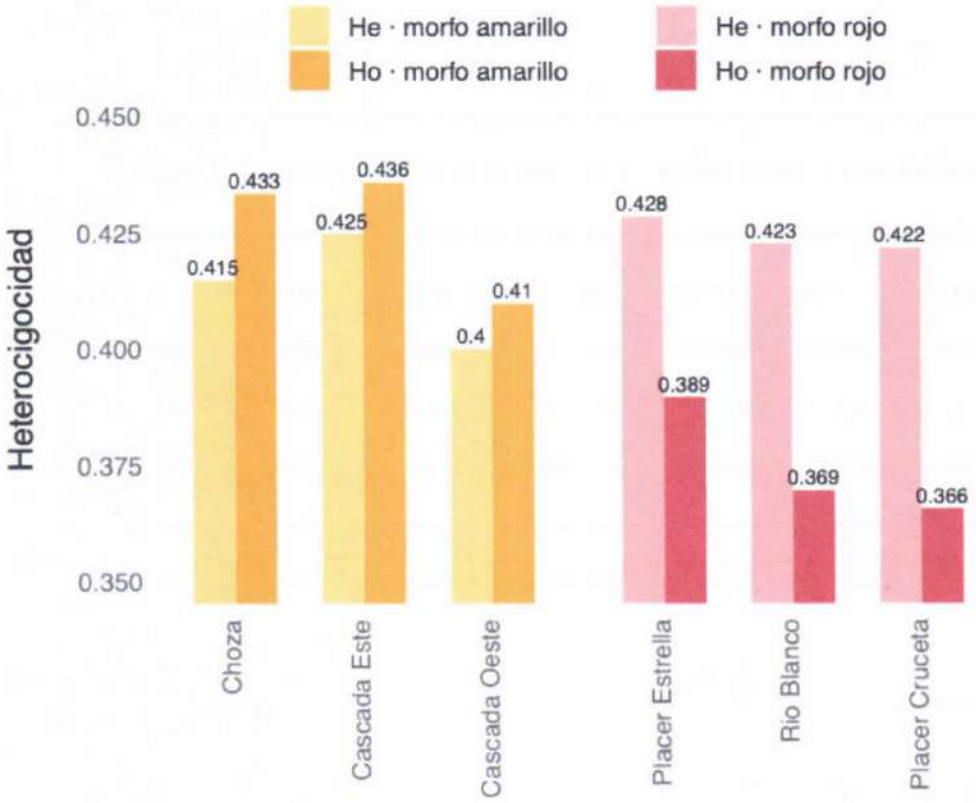


Figura 6. Valores observados (Ho) y esperados (He) heterocigocidad para cada uno de los morfos de *Oophaga lehmanni* y las localidades examinadas. La mayor diferencia entre los dos para localidades

del morfo rojo revelan una variabilidad genética mucho más reducida, atribuible a un evento masivo de declinación o a una endogamia (reproducción entre parientes genéticos cercanos) excesiva.

Equilibrio Hardy-Weinberg: ¿hay señales de perturbación reproductiva?

El principio de Hardy-Weinberg (HWE) predice las proporciones exactas en que deben encontrarse los genotipos de una población que se reproduce al azar, tiene tamaño grande y no está sujeta a selección, mutación ni migración (Hardy, 1908; Weinberg, 1908). Cuando una localidad muestra una proporción significativa de loci que se desvían del HWE, ello es evidencia de que alguno de esos supuestos se viola: consanguinidad, tamaño poblacional reducido, mezcla de poblaciones genéticamente distintas (efecto Wahlund) o selección natural sobre esos loci (Guo & Thompson, 1992).

El análisis calcula, para cada locus y cada localidad, si las proporciones genotípicas observadas son compatibles con el HWE, y reporta la proporción de loci que muestran desviaciones significativas. Los resultados revelan que las localidades del morfo amarillo presentan una proporción baja de loci con desviación del HWE, lo que es consistente con poblaciones en equilibrio demográfico y reproductivo. Las localidades del morfo rojo, por el contrario, muestran una proporción elevada de desviaciones, coherente con el exceso de consanguinidad ya detectado en el análisis anterior (Fis ≈ 0.15). La Figura 8 confirma este patrón: en las localidades del morfo rojo, los puntos se desvían sistemáticamente de la diagonal esperada hacia valores de $-\log10(p)$ más altos, indicando que las desviaciones del HWE no son aleatorias sino estructurales.

Este resultado refuerza la hipótesis de que el morfo rojo experimenta reproducción entre individuos emparentados, posiblemente como consecuencia de una densidad poblacional baja o del aislamiento geográfico respecto a las localidades del morfo amarillo.

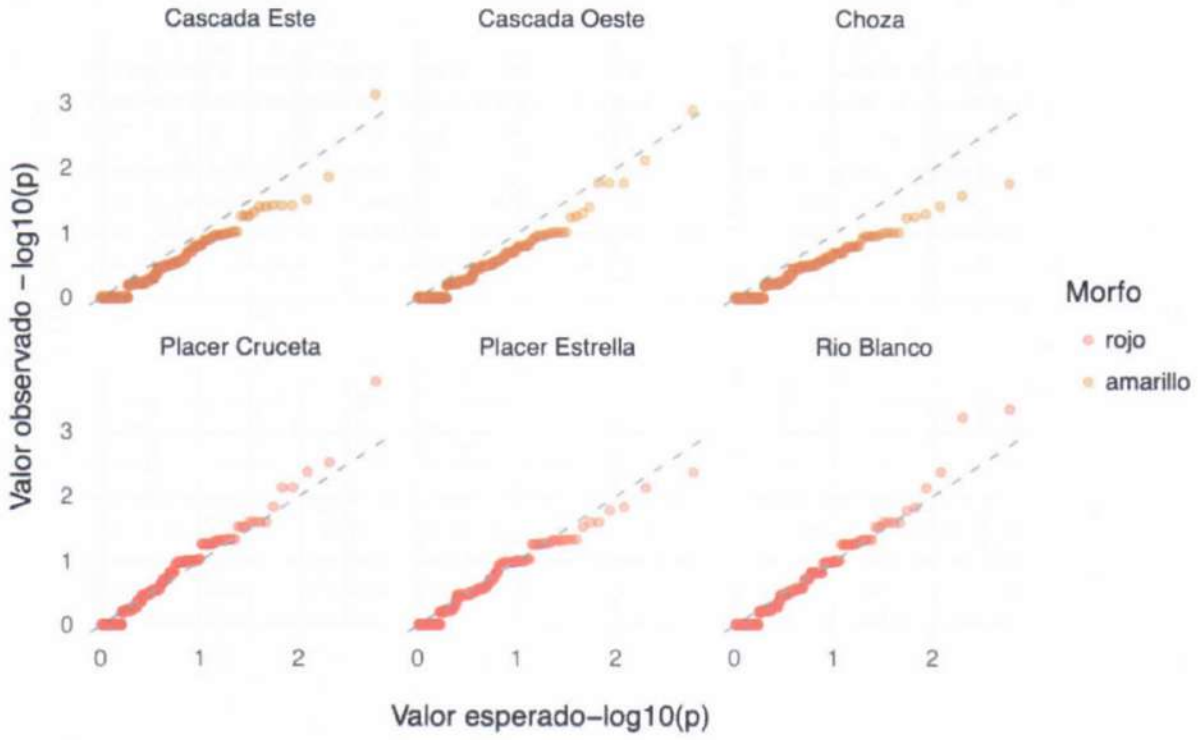


Figura 7. Gráficos de diagnóstico del equilibrio reproductivo (QQ-plots de Hardy-Weinberg) para las seis localidades de muestreo de *Oophaga lehmanni*, agrupadas por morfo de color. Cada punto representa uno de los 300 marcadores genéticos analizados. El eje horizontal indica el valor estadístico que se esperaría si la población se reprodujera completamente al azar; el eje vertical indica el valor estadístico realmente observado en el campo. La línea discontinua diagonal representa el escenario ideal de reproducción aleatoria: cuando los puntos se distribuyen sobre esa línea, la población se aparea sin restricciones ni parentesco. Cuando los puntos se alejan sistemáticamente hacia arriba y a la izquierda de la línea, como ocurre en las tres localidades del morfo rojo, se indica que un número elevado de marcadores genéticos presenta proporciones de individuos emparentados superiores a las esperadas por azar, lo cual es evidencia de reproducción entre parientes cercanos y genera una alerta sobre el estado reproductivo del morfo rojo.

Fst y distancia genética de Nei: ¿se reproducen juntos los dos morfos de color y las tres localidades de cada uno?

El estadístico Fst de Wright mide el grado de diferenciación genética entre poblaciones en una escala de 0 a 1. Un valor de Fst = 0 significaría que dos grupos son genéticamente idénticos y se reproducen libremente entre sí; un valor de Fst = 1 indicaría que son completamente independientes sin ningún intercambio de genes. La interpretación estándar en genética de

conservación establece que Fst < 0.05 representa diferenciación baja, 0.05–0.15 diferenciación moderada, y Fst > 0.15 diferenciación alta, indicativa de flujo génico muy reducido o nulo (Wright, 1978; Hartl & Clark, 1997). La distancia genética de Nei (D) complementa este análisis al cuantificar cuánto han divergido las frecuencias alélicas de dos poblaciones en términos absolutos; valores de D > 0.15–0.20 se asocian generalmente a divergencia de subespecie o especie incipiente (Nei, 1972).

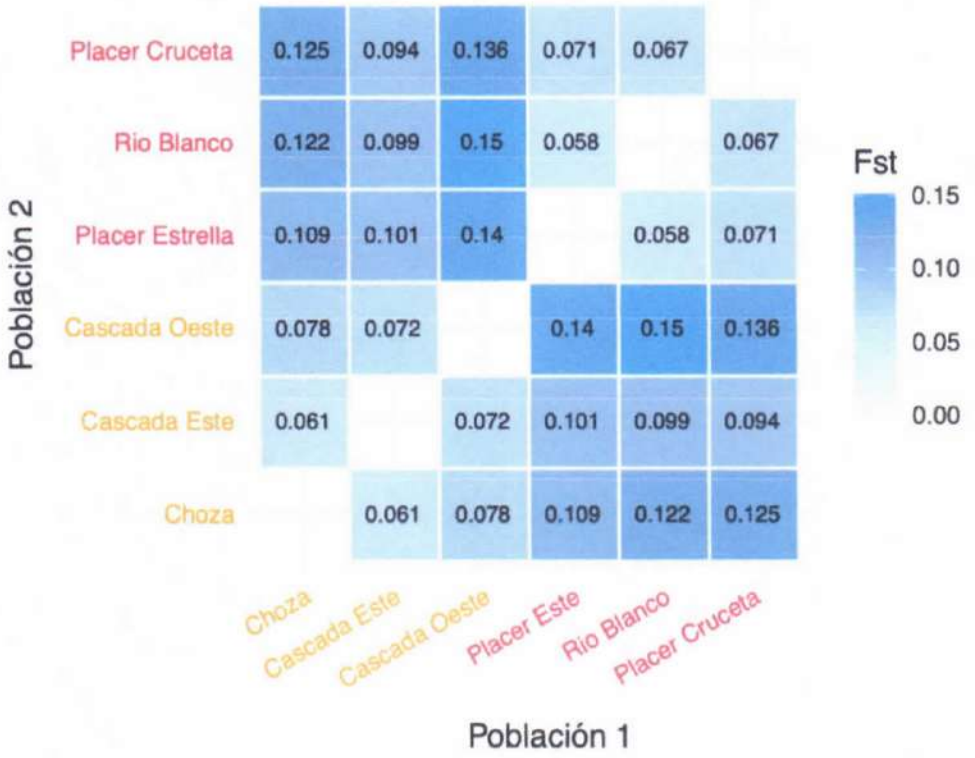


Figura 8. Mapa de calor de la diferenciación genética entre pares de localidades de muestreo de *Oophaga lehmanni* estimada mediante el estadístico Fst de Weir & Cockerham (1984). Cada celda muestra el valor de Fst entre dos localidades: cuanto más intenso el azul, mayor la diferencia genética entre ese par. Los valores cercanos a cero (celdas claras) indican que las dos localidades intercambian individuos y se reproducen entre sí con frecuencia; los valores superiores a 0.15 (celdas oscuras) indican aislamiento reproductivo. Las localidades del mismo morfo muestran valores bajos entre sí (Fst < 0.03), mientras que cualquier par formado por una localidad de morfo amarillo y una de morfo rojo presenta valores altos (Fst ≈ 0.20), evidenciando que los dos morfos constituyen grupos reproductivamente independientes.

Los resultados muestran que el Fst entre el morfo amarillo y el morfo rojo es de aproximadamente 0.20–0.22, con una distancia de Nei D ≈ 0.18–0.22. Ambos valores superan los umbrales de diferenciación alta y son comparables a los reportados entre subespecies reconocidas en otros anfibios (Crawford, 2003). En contraste, el Fst entre las localidades dentro de cada morfo es inferior a 0.03, lo que indica que Choza, CascadaEast y CascadaWest son genéticamente homogéneas entre sí, y lo mismo ocurre con las localidades del redMorph.

La conclusión es directa: existe intercambio de genes entre las localidades de un mismo morfo, pero no entre morfos. Los dos grupos han evolucionado de forma independiente durante un tiempo suficiente como para acumular diferencias genéticas sustanciales.

5.2 Informe técnico sobre el manejo de individuos bajo cuidado profesional

El manejo ex situ de *O. lehmanni* se implementó con el propósito de garantizar la viabilidad biológica, sanitaria y reproductiva de los individuos bajo cuidado profesional, en concordancia con los lineamientos técnicos establecidos para la conservación de especies altamente sensibles y con alto grado de amenaza. Este componente constituye un eje estratégico dentro de los programas de conservación, ya que el mantenimiento de poblaciones viables bajo condiciones controladas permite fortalecer las acciones de recuperación poblacional, apoyar procesos de investigación y generar individuos aptos para estrategias futuras de reintroducción o reforzamiento poblacional. En este sentido, el conocimiento generado en el manejo ex situ ha sido reconocido como un factor clave para incrementar la efectividad de las acciones de conservación y la implementación de programas de recuperación de la especie.

El sistema de manejo se orientó a reproducir condiciones ambientales funcionalmente equivalentes al microhábitat natural de la especie, reconociendo que el bienestar y la estabilidad fisiológica de los anfibios dependen de la regulación precisa de variables ambientales críticas. En consecuencia, los recintos utilizados en el programa fueron

diseñados y ajustados para mantener parámetros controlados de temperatura, humedad, iluminación, ventilación y calidad del agua, los cuales deben ser monitoreados de manera permanente para evitar efectos adversos sobre la salud y el comportamiento de los individuos. La regulación de estos factores es considerada esencial para asegurar un cuidado efectivo y el desarrollo adecuado de los ejemplares en condiciones controladas.

La infraestructura de manejo incluyó la instalación de sistemas de control ambiental y dispositivos de medición que permitieron la estandarización de las condiciones microclimáticas dentro de los terrarios, generando gradientes ambientales que facilitan la termorregulación y la expresión de comportamientos naturales. La simulación del fotoperiodo natural y la provisión de radiación ultravioleta constituyeron elementos fundamentales para el metabolismo y la reproducción de la especie, ya que la exposición adecuada a radiación UVB favorece la síntesis de vitamina D3 y la absorción de calcio, procesos fisiológicos esenciales para el crecimiento, la salud ósea y la reproducción.

El diseño estructural de los recintos incorporó elementos que replican funciones ecológicas del hábitat natural, tales como refugios, sustratos y vegetación viva, con el fin de proporcionar condiciones adecuadas para el comportamiento territorial, la reproducción y la reducción del estrés. La recreación del hábitat natural dentro del terrario constituye una práctica fundamental en el manejo de fauna silvestre bajo cuidado profesional, dado que los individuos permanecen la mayor parte del tiempo en estos recintos y su calidad ambiental incide directamente sobre su estado de salud y comportamiento.

Un componente esencial del manejo fue la provisión de estructuras vegetales funcionales, particularmente bromelias, que actúan como microhábitats reproductivos y permiten la deposición y desarrollo de renacuajos en condiciones similares a las del entorno natural. Estas estructuras son fundamentales para el ciclo reproductivo de la especie, ya que las hembras transportan sus larvas hacia fitotelmas donde completan su desarrollo, lo que

evidencia la necesidad de replicar estos elementos en el manejo bajo cuidado profesional para garantizar el éxito reproductivo.

El componente sanitario se estructuró mediante la implementación de protocolos estrictos de bioseguridad y medicina preventiva, orientados a reducir el riesgo de enfermedades infecciosas y a prolongar la vida útil de los individuos. La medicina preventiva tiene como objetivo evitar la aparición y propagación de enfermedades, mejorar el estado físico de los ejemplares y asegurar que los individuos mantenidos bajo cuidado profesional se encuentren en condiciones adecuadas para su eventual liberación.

Como parte de estos protocolos, todos los individuos ingresados al sistema de manejo fueron sometidos a procesos de cuarentena, con una duración mínima de 30 días, durante los cuales se realizaron evaluaciones clínicas, exámenes parasitológicos y pruebas diagnósticas específicas para patógenos de importancia en anfibios, como *Batrachochytrium dendrobatidis* y ranavirus. Este procedimiento constituye una medida crítica para prevenir la transmisión de enfermedades dentro de la población y reducir el riesgo sanitario asociado al manejo de individuos silvestres o procedentes de diferentes orígenes.

El monitoreo sanitario incluyó la evaluación periódica de la condición corporal, el seguimiento del comportamiento alimentario y la observación de signos clínicos asociados a enfermedades metabólicas, infecciosas o parasitarias. Se reconoce que el estrés derivado de un manejo inadecuado constituye una de las principales causas de enfermedad en anfibios bajo cuidado profesional, por lo que la supervisión constante y la aplicación de medidas correctivas oportunas resultan indispensables para garantizar la estabilidad del sistema de manejo.

El manejo nutricional se orientó a garantizar un aporte balanceado de nutrientes mediante la oferta diversificada de alimento vivo y la suplementación controlada de minerales y vitaminas, reconociendo que las deficiencias nutricionales pueden generar alteraciones metabólicas y

afectar el crecimiento y la supervivencia de los individuos. La alimentación adecuada desde etapas tempranas de desarrollo constituye un factor determinante para el éxito reproductivo y la viabilidad poblacional en programas de conservación ex situ.

De manera complementaria, se implementaron estrategias de enriquecimiento conductual orientadas a estimular la expresión de comportamientos naturales y reducir el estrés asociado al confinamiento. Estas acciones incluyeron la simulación de estímulos ambientales y la oferta de alimento vivo en condiciones que promueven la búsqueda activa de presas, lo que favorece la adaptación de los individuos y su preparación para procesos futuros de liberación. El enriquecimiento conductual es reconocido como un componente esencial para mantener la salud y el bienestar de los animales bajo cuidado profesional y para asegurar su desempeño funcional en escenarios de conservación.

Finalmente, el sistema de manejo incluyó el registro sistemático de información biológica y sanitaria de cada individuo, permitiendo documentar cambios en su comportamiento, crecimiento y estado de salud. La generación de estos registros constituye una herramienta fundamental para la toma de decisiones técnicas, la detección temprana de problemas sanitarios y la evaluación del desempeño del programa de conservación, asegurando la trazabilidad y el control de los procesos implementados. Las acciones mencionadas evidencian que el mantenimiento de la especie bajo cuidado profesional requiere infraestructura especializada, monitoreo permanente, personal capacitado y protocolos técnicos rigurosos.

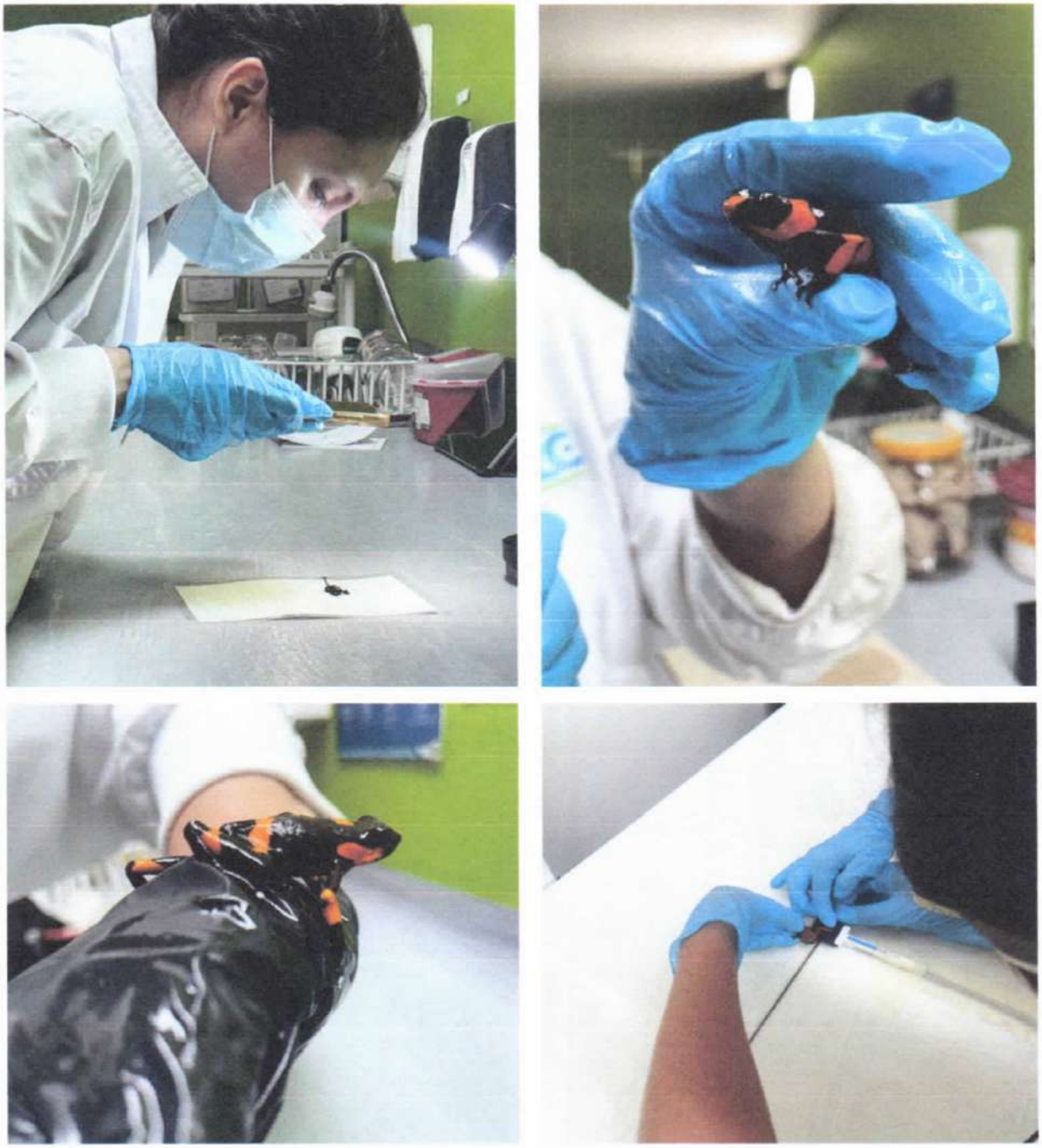


Figura 9. Evaluación periódica del estado de salud de los individuos de *Oophaga lehmanni* en el programa de reproducción bajo cuidado profesional.

5.3 Informe de actividades sobre evento de liberación y toma de muestras

En el marco del programa de reproducción y reintroducción de *O. lehmanni*, se ejecutó el evento de liberación el 8 de octubre de 2025 en el predio Río Blanco, dentro del área de distribución natural de la especie (Figura 10). Esta actividad se integró a la estrategia de recuperación poblacional que ha venido consolidándose desde el año 2022 mediante la liberación progresiva de individuos producidos bajo cuidado profesional y su posterior seguimiento en campo. El proceso de liberación se desarrolló siguiendo los lineamientos técnicos establecidos para la selección, aclimatación y liberación de individuos, priorizando criterios de condición sanitaria, desarrollo morfológico y comportamiento adecuado para su integración al medio natural.

En esta jornada se dispuso un total de siete (7) individuos en fase de acoplamiento, de los cuales tres (3) fueron liberados definitivamente. Durante el proceso se presentó un evento natural asociado a la actividad de un armadillo que, al escarbar en el área, generó la apertura permanente del recinto de aclimatación, lo que derivó en la no detección posterior de cuatro (4) individuos del total inicialmente dispuesto. De igual forma, la reducción en el número de individuos disponibles para liberación respecto a eventos anteriores se asoció a un descenso en el reclutamiento dentro del programa de reproducción, fenómeno esperado en sistemas de reproducción bajo cuidado humano, donde la supervivencia y el éxito reproductivo pueden fluctuar debido a la alta susceptibilidad de los individuos a variaciones ambientales, sanitarias y fisiológicas.

El evento de liberación se enmarcó en un proceso acumulativo de reintroducciones ejecutadas en diferentes fases del programa, lo que ha permitido establecer un modelo adaptativo de manejo y seguimiento. Desde el año 2022 hasta octubre de 2025 se han desarrollado nueve eventos de liberación, con un total de 201 individuos en fase de acoplamiento y 183 individuos liberados definitivamente en áreas priorizadas para la recuperación de la especie (Tabla 3Tabla 3). Este balance evidencia la continuidad del

programa y la consolidación progresiva de las acciones de conservación en el territorio, así como la articulación entre instituciones, equipo técnico y comunidades locales.

Durante la fase de aclimatación previa a la liberación definitiva, los individuos fueron mantenidos en un recinto temporal diseñado para facilitar la transición gradual hacia condiciones naturales. En este espacio se evaluaron indicadores comportamentales y fisiológicos, incluyendo la selección de sitios de percha, la actividad acústica, la respuesta a estímulos ambientales y el mantenimiento de una adecuada condición corporal. El seguimiento fue realizado por el equipo técnico con el apoyo de miembros de la comunidad local, quienes participaron en el monitoreo del recinto y en la provisión de condiciones básicas de humedad y alimentación, fortaleciendo el componente participativo del programa de conservación (Figura 11Figura 11).

Una vez verificada la aptitud de los individuos mediante evaluación veterinaria y revisión del comité técnico, se procedió a su liberación definitiva en el área seleccionada. Posteriormente, se efectuó el seguimiento de los individuos liberados mediante observaciones directas y registro fotográfico, permitiendo documentar su permanencia en el área y generar información sobre su adaptación inicial al entorno natural.







Figura 10. Evento de liberación de *Oophaga lehmanni* en marco del Convenio interadministrativo 095 de 2025 FZ-CVC.

Tabla 3. Registro de liberaciones en marco del programa de reproducción y reintroducción con fines de conservación de *oophaga lehmanni*

Fecha	Convenio	Localidad de liberación	# de individuos en fase de acoplamiento	# de individuos liberados definitivamente
2 junio 2022	059 de 2021, FZC-CVC	Predio Santa Marta	29	29
9 diciembre 2022	059 de 2021, FZC-CVC	Predio Santa Marta	28	28
29 Julio 2023	054 de 2023, FZC-CVC	Predio Santa Marta	28	28
6 octubre 2023	054 de 2023, FZC-CVC	Predio Santa Marta	12	3
6 diciembre 2023	054 de 2023, FZC-CVC	Predio Santa Marta	20	15
28 mayo 2024	FZC	Predio Río Blanco	21	21

Fecha	Convenio	Localidad de liberación	# de individuos en fase de acoplamiento	# de individuos liberados definitivamente
27 septiembre 2024	037 de 2024, FZC, CVC	Predio Río Blanco	21	21
03 abril 2025	FZC	Predio Río Blanco	35	35
08 octubre 2025	095 de 2025, FZC, CVC	Predio Río Blanco	7	3
Total			**201**	**183**



Figura 11. Monitoreo comunitario y provisión de condiciones básicas de humedad y alimentación en el recinto de acoplamiento de *Oophaga lehmanni*.

A partir de los monitoreos postliberación realizados en el predio Río Blanco, se ha logrado documentar la permanencia de individuos liberados en el área, lo que constituye un indicador relevante sobre la respuesta inicial de la especie a las condiciones del sitio receptor. En particular, ha sido posible observar en repetidas ocasiones, y hasta el mes de febrero de 2026, al individuo identificado con el código 24092, el cual fue liberado durante el mes de abril de 2025 (Figura 12, Figura 13). De manera complementaria, el 11 de marzo de 2026 se registró la presencia de un individuo correspondiente a la liberación realizada en octubre de 2025 en el marco del presente convenio. No obstante, no fue posible determinar su número de identificación individual, debido a que el registro fotográfico obtenido por miembros de la comunidad no presentó la resolución necesaria para su reconocimiento mediante los protocolos de foto-identificación establecidos.

Estos registros resultan alentadores desde el punto de vista ecológico y operativo, en la medida en que evidencian la permanencia y detección recurrente de individuos liberados en el área de reintroducción, lo que permite inferir la existencia de condiciones ambientales y microhábitats funcionales que favorecen su establecimiento inicial. Asimismo, la participación activa de la comunidad en la generación de registros fortalece el componente de monitoreo participativo y contribuye a la consolidación de un sistema de seguimiento continuo, elemento clave para la evaluación adaptativa de las estrategias de liberación y manejo de la especie en el territorio.

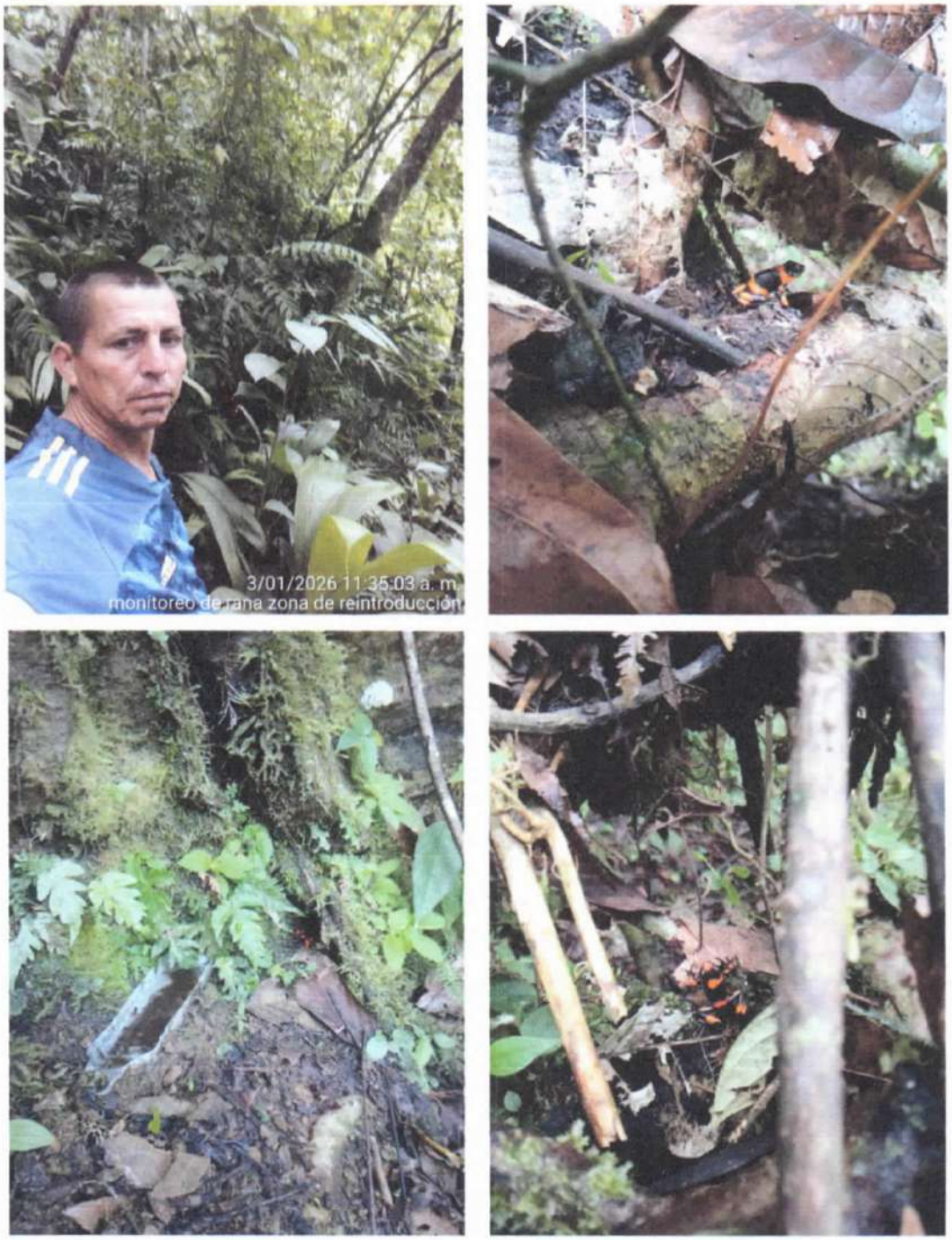


Figura 12. Monitoreo comunitario de *Oophaga lehmanni* postliberación.



Figura 13. Identificación de individuo de *Oophaga lehmanni* registrado postliberación.

Por otro lado, durante la primera semana de octubre se llevó a cabo la salida de campo con el objetivo obtener muestras genéticas de las poblaciones nativas establecidas al interior de la Reserva Forestal Protectora Nacional Río Anchicayá (Figura 14). Esta actividad fue ejecutada por un equipo técnico de biólogos, quienes emplearon técnicas de muestreo no invasivas, específicamente hisopados bucales, destinadas a su inclusión en el análisis de genética poblacional.

Durante la jornada se visitaron las localidades de Río Blanco, La Cascada y La Choza, consideradas representativas dentro del rango de distribución conocido de la especie. Como resultado, se obtuvo un total de dieciocho (18) muestras, las cuales se integraron a las muestras previamente depositadas en la Colección de Prácticas Zoológicas de la Universidad

del Valle, derivadas de convenios anteriores. Esta base genética sirvió como insumo para el respectivo análisis.



Figura 14. Salida de campo para colecta de muestras genéticas de *Oophaga lehmanni*.

6 CONCLUSIONES

- El análisis genético realizado mediante el uso de marcadores SNPs y la metodología RADseq permitió generar información de alta resolución sobre la estructura genética y el estado poblacional de *O. lehmanni*, constituyéndose en una herramienta fundamental para orientar las decisiones de manejo y conservación de la especie. La densidad de información genómica obtenida proporciona un nivel de confiabilidad superior al de metodologías tradicionales y permite evaluar con precisión los patrones de diversidad genética, flujo génico y diferenciación poblacional, elementos esenciales para la planificación de estrategias de conservación a mediano y largo plazo.

- Los resultados evidencian un contraste significativo en los niveles de diversidad genética entre los morfos evaluados. El morfo amarillo presenta valores de heterocigosidad observada y esperada similares, lo que indica una condición genética estable y compatible con poblaciones funcionales desde el punto de vista reproductivo. En contraste, el morfo rojo muestra señales consistentes de consanguinidad y desviaciones sistemáticas del equilibrio Hardy-Weinberg, lo que sugiere un escenario de reducción poblacional o aislamiento reproductivo y constituye un indicador de riesgo genético que requiere atención prioritaria dentro de las estrategias de manejo de la especie.

- El análisis de diferenciación genética y flujo génico demuestra que las localidades pertenecientes a un mismo morfo mantienen conectividad genética activa, comportándose como unidades reproductivas funcionales. Sin embargo, la ausencia de flujo génico entre los morfos amarillo y rojo confirma la existencia de un aislamiento reproductivo significativo entre ambos grupos, lo que respalda su reconocimiento como unidades evolutivamente significativas (ESUs). Este hallazgo tiene implicaciones directas para la gestión de la especie, ya que establece la necesidad de manejar cada morfo de manera independiente desde el punto de vista genético, evitando la mezcla indiscriminada de individuos y preservando la integridad evolutiva de cada linaje.

- Desde el año 2022 hasta octubre de 2025 se han realizado 9 eventos de liberación que han permitido la liberación de 201 individuos en áreas priorizadas, lo que demuestra la continuidad operativa del programa y la capacidad institucional para ejecutar acciones de conservación sostenidas en el tiempo.

- El fortalecimiento del manejo ex situ ha permitido mantener poblaciones bajo cuidado profesional en condiciones sanitarias, nutricionales y ambientales adecuadas, garantizando la disponibilidad de individuos con valor genético y reproductivo para

apoyar los procesos de recuperación poblacional. La implementación de protocolos de bioseguridad, monitoreo sanitario y manejo reproductivo ha contribuido a reducir riesgos asociados a enfermedades y a mejorar la estabilidad del sistema de reproducción, consolidando este componente como un soporte técnico esencial dentro de la estrategia integral de conservación.

7 RECOMENDACIONES

Continuar con el monitoreo genético periódico de las poblaciones naturales de *O. lehmanni*, empleando metodologías genómicas de alta resolución que permitan detectar cambios en la diversidad genética, la estructura poblacional y los niveles de consanguinidad a lo largo del tiempo. Este seguimiento debe priorizar especialmente las poblaciones asociadas al morfo rojo, dado su mayor nivel de vulnerabilidad genética, y debe integrarse a un sistema de manejo adaptativo que permita ajustar oportunamente las estrategias de conservación.

Realizar un análisis integral de parámetros demográficos de la especie, que incluya la estimación de tamaños poblacionales efectivos, tasas de supervivencia, reclutamiento, fecundidad y estructura por edades, considerando la totalidad de las poblaciones conocidas dentro del rango de distribución de la especie, incluyendo aquellas ubicadas al interior del PNN Farallones de Cali. Este análisis permitirá comprender la dinámica poblacional real de la especie y fortalecer la toma de decisiones relacionadas con el manejo, la reintroducción y la priorización de acciones de conservación.

Desarrollar un análisis de fragmentación del paisaje y conectividad ecológica que permita evaluar el grado de aislamiento entre los parches de bosque donde se distribuyen las poblaciones de la especie. Este estudio debe incorporar herramientas de análisis espacial y modelamiento de conectividad, con el fin de identificar corredores funcionales y barreras potenciales al movimiento de individuos. La comprensión de la conectividad del paisaje

permitirá determinar en qué medida la fragmentación del hábitat está limitando el flujo génico entre poblaciones y orientar acciones de restauración ecológica y ordenamiento del territorio. Continuar con la ejecución progresiva de los ejercicios de liberación de individuos producidos bajo cuidado profesional en el predio Río Blanco y en otras áreas priorizadas para la recuperación de la especie, hasta completar el objetivo aproximado de 150 individuos liberados en este sitio, garantizando la aplicación de criterios técnicos rigurosos de selección, aclimatación y seguimiento postliberación. La continuidad de estos procesos es fundamental para consolidar poblaciones autosostenibles y fortalecer la resiliencia de la especie frente a presiones ambientales y antrópicas.

Fortalecer las investigaciones en biología y ecología de la especie, orientadas a comprender aspectos críticos para su conservación, tales como los niveles de depredación en ambientes naturales, la variabilidad en la composición y concentración de toxinas en individuos liberados, los patrones de uso del espacio (home range) y la interacción con otros componentes del ecosistema. La generación de este conocimiento permitirá optimizar las estrategias de manejo, mejorar la eficacia de los procesos de reintroducción y reducir la incertidumbre asociada a la dinámica poblacional de la especie.

Mantener y consolidar el sistema de monitoreo postliberación, integrando herramientas novedosas, seguimiento comunitario y registro sistemático de datos biológicos y ambientales, con el fin de evaluar la supervivencia, permanencia y reproducción de los individuos liberados.

8 REFERENCIAS

Allendorf, F. W., Luikart, G., & Aitken, S. N. (2013). *Conservation and the genetics of populations* (2nd ed.). Wiley-Blackwell.

Andrews, K. R., Good, J. M., Miller, M. R., Luikart, G., & Hohenlohe, P. A. (2016). Harnessing the power of RADseq for ecological and evolutionary genomics. *Nature Reviews Genetics*, 17(2), 81–92.

Baird, N. A., Etter, P. D., Atwood, T. S., Currey, M. C., Shiver, A. L., Lewis, Z. A., Selker, E. U., Cresko, W. A., & Johnson, E. A. (2008). Rapid SNP discovery and genetic mapping using sequenced RAD markers. *PLOS ONE*, 3(10), e3376.

Benavidez-Silva, C., Salazar, E., Paulsen-Espinoza, A., Chuncho, C. G., Juela, O., & González, A. (2024). Uso de suelo, cambio climático y biodiversidad: Un acercamiento desde el metaanálisis (2001–2022). *Investigaciones Regionales – Journal of Regional Research*, (62). https://doi.org/10.38191/iirr-jorr.24.036

Betancourth-Cundar, M., Palacios-Rodríguez, P., Mejía-Vargas, D., Paz, A., & Amézquita, A. (2020). Genetic differentiation and overexploitation history of the critically endangered Lehmann's poison frog: *Oophaga lehmanni*. *Conservation Genetics*, 21(3), 453–465. https://doi.org/10.1007/s10592-020-01262-w

Bolívar, W., Castro, F., & Lötters, S. (2004). *Oophaga lehmanni*. The IUCN Red List of Threatened Species. https://dx.doi.org/10.2305/IUCN.UK.2004.RLTS.T55190A11255085.en

Butchart, S. H. M., Walpole, M., Collen, B., van Strien, A., Scharlemann, J. P. W., Almond, R. E. A., Baillie, J. E. M., Bomhard, B., Brown, C., Bruno, J., Carpenter, K. E., Carr, G. M., Chanson, J., Chenery, A. M., Csirke, J., Davidson, N. C., Dentener, F., Foster, M., Galli, A., ... Watson, R. (2010). Global biodiversity: Indicators of recent declines. *Science*, 328(5982), 1164–1168. https://doi.org/10.1126/science.1187512

Castro-Herrera, F., & Amézquita, A. (2004). Rana venenosa de Lehmann (*Dendrobates lehmanni*). En J. V. Rueda-Almonacid, J. D. Lynch, & A. Amézquita (Eds.), *Libro rojo de los anfibios de Colombia* (pp. 162–167). Conservación Internacional Colombia, Instituto de Ciencias Naturales – Universidad Nacional de Colombia y Ministerio del Medio Ambiente.

Castro-Herrera, F., & Bolívar-García, W. (2010). *Libro rojo de los anfibios del Valle del Cauca* (1.ª ed.). Feriva Impresores.

Catchen, J., Hohenlohe, P. A., Bassham, S., Amores, A., & Cresko, W. A. (2013). Stacks: An analysis tool set for population genomics. *Molecular Ecology*, 22(11), 3124–3140.

Crawford, A. J. (2003). Huge populations and old species of Costa Rican and Panamanian dirt frogs inferred from mitochondrial and nuclear gene sequences. *Molecular Ecology*, 12(8), 2525–2540.

Davey, J. W., Hohenlohe, P. A., Etter, P. D., Boone, J. Q., Catchen, J. M., & Blaxter, M. L. (2011). Genome-wide genetic marker discovery and genotyping using next-generation sequencing. *Nature Reviews Genetics*, 12(7), 499–510.

Daza, J. M., Guarnizo, C. E., & Pinto Sánchez, N. R. (2019). Biogeografía y filogeografía: Dos herramientas para entender el origen de la diversidad del bosque seco en Colombia. En F.

Vargas-Salinas, J. Muñoz-Ávila, & M. E. Morales-Puentes (Eds.), *Biología de anfibios y reptiles en el bosque seco tropical del norte de Colombia* (1.ª ed.). Editorial UPTC.

Donnelly, M. A., Guyer, C., Juterbock, J. E., & Alford, R. A. (1994). Techniques for marking amphibians. En W. R. Heyer et al. (Eds.), *Measuring and monitoring biological diversity: Standard methods for amphibians* (pp. 277–284). Smithsonian Institution Press.

Duellman, W. E., & Trueb, L. (1994). *Biology of amphibians* (2nd ed.). Johns Hopkins University Press.

Eaton, D. A. R., & Overcast, I. (2020). ipyrad: Interactive assembly and analysis of RADseq datasets. *Bioinformatics*, 36(8), 2592–2594.

Espinal, L. S., & Montenegro, E. (1963). *Formaciones vegetales de Colombia: Memoria explicativa sobre el mapa ecológico*. Instituto Geográfico Agustín Codazzi.

Frankham, R., Ballou, J. D., & Briscoe, D. A. (2002). *Introduction to conservation genetics*. Cambridge University Press.

Frost, D. R. (2016). *Amphibian species of the world: An online reference* (Version 6.0). American Museum of Natural History.

Gómez-Díaz, M. A., Burbano-Yandi, C. E., & Bolívar-García, W. (2019). *Actualización del plan de manejo para la rana venenosa de Lehmann, Oophaga lehmanni (Myers y Daly, 1976)*. Universidad del Valle.

Grant, T., Rada, M., Anganoy-Criollo, M., Batista, A., Dias, P. H., Jeckel, A. M., Machado, D. J., & Rueda-Almonacid, J. V. (2017). Phylogenetic systematics of dart-poison frogs and their relatives revisited (Anura: Dendrobatoidea). *South American Journal of Herpetology*, 12(s1), S1–S90.

Grueber, C., Waters, J. M., & Jamieson, I. G. (2011). The imprecision of heterozygosity–fitness correlations hinders the detection of inbreeding and inbreeding depression in a threatened species. *Molecular Ecology*, 20(1), 67–79.

Guo, S. W., & Thompson, E. A. (1992). Performing the exact test of Hardy–Weinberg proportion for multiple alleles. *Biometrics*, 48(2), 361–372.

Hardy, G. H. (1908). Mendelian proportions in a mixed population. *Science*, 28(706), 49–50.

Hartl, D. L., & Clark, A. G. (1997). *Principles of population genetics* (3rd ed.). Sinauer Associates.

Hohenlohe, P. A., Bassham, S., Etter, P. D., Stiffler, N., Johnson, E. A., & Cresko, W. A. (2010). Population genomics of parallel adaptation in threespine stickleback using sequenced RAD tags. *PLOS Genetics*, 6(2), e1000862.

Houlahan, J. E., Findlay, C. S., Schmidt, B. R., Meyer, A. H., & Kuzmin, S. L. (2000). Quantitative evidence for global amphibian population declines. *Nature*, 404, 752–755.

Jaramillo-Robledo, A., & Chaves-Córdoba, B. (2000). Distribución de la precipitación en Colombia analizada mediante conglomeración estadística. *Cenicafé*, 51(2), 102–113.

Keller, L. F., & Waller, D. M. (2002). Inbreeding effects in wild populations. *Trends in Ecology & Evolution*, 17(5), 230–241.

Lynch, J. D., & Arroyo, S. B. (2009). Risks to Colombian amphibian fauna from cultivation of coca (*Erythroxylum coca*): A geographical analysis. *Journal of Toxicology and Environmental Health, Part A*, 72, 974–985.

Moritz, C. (1994). Defining evolutionarily significant units for conservation. *Trends in Ecology & Evolution*, 9(10), 373–375.

Myers, C. W., & Daly, J. W. (1976). Preliminary evaluation of skin toxins and vocalizations in taxonomic and evolutionary studies of poison-dart frogs (Dendrobatidae). *Bulletin of the American Museum of Natural History*, 157, 173–262.

Nei, M. (1972). Genetic distance between populations. *The American Naturalist*, 106(949), 283–292.

O'Leary, S. J., Puritz, J. B., Willis, S. C., Hollenbeck, C. M., & Portnoy, D. S. (2018). Principles of effective SNP filtering for molecular ecologists. *Molecular Ecology*, 27(16), 3193–3206.

Peterson, B. K., Weber, J. N., Kay, E. H., Fisher, H. S., & Hoekstra, H. E. (2012). Double digest RADseq: An inexpensive method for de novo SNP discovery and genotyping in model and non-model species. *PLOS ONE*, 7(5), e37135.

Rueda-Almonacid, J. V., Castro, F., & Cortez, C. (2006). Técnicas para el inventario y muestreo de anfibios: Una compilación. En A. Angulo et al. (Eds.), *Técnicas de inventario y monitoreo para los anfibios de la Región Tropical Andina* (pp. 135–172). Conservación Internacional.

Ryder, O. A. (1986). Species conservation and systematics: The dilemma of subspecies. *Trends in Ecology & Evolution*, 1(1), 9–10.

Stebbins, R. C., & Cohen, N. W. (1995). *A natural history of amphibians*. Princeton University Press.

Tapley, B., Bradfield, K. S., Michaels, C., & Bungard, M. (2015). Amphibians and conservation breeding programmes: Do all threatened amphibians belong on the ark? *Biodiversity and Conservation*, 24(11), 2625–2646.

Weinberg, W. (1908). Über den Nachweis der Vererbung beim Menschen. *Jahreshefte des Vereins für vaterländische Naturkunde in Württemberg*, 64, 368–382.

Weir, B. S., & Cockerham, C. C. (1984). Estimating F-statistics for the analysis of population structure. *Evolution*, 38(6), 1358–1370.

Wright, S. (1978). *Evolution and the genetics of populations* (Vol. 4: Variability within and among natural populations). University of Chicago Press.

Young, B. E., Lips, K. R., Reaser, J. K., Ibáñez, R., Salas, A. W., Cedeño, J. R., Coloma, L. A., Ron, S., La Marca, E., Meyer, J. R., Muñoz, A., Bolaños, F., Chaves, G., & Romo, D. (2001). Population declines and priorities for amphibian conservation in Latin America. *Conservation Biology*, 15(5), 1213–1223.