

**UNIVERSIDAD DE CONCEPCIÓN
CAMPUS LOS ÁNGELES
ESCUELA DE CIENCIAS Y TECNOLOGÍAS
DEPARTAMENTO DE CIENCIAS Y TECNOLOGÍA VEGETAL**



**PRIORIZACIÓN DE ESPECIES DE *COPIAPOA* PARA LA CONSERVACIÓN MEDIANTE
LA ESTIMACIÓN DE SU DIVERSIDAD FILOGENÉTICA**

**MEMORIA DE TÍTULO PARA
OPTAR AL TÍTULO DE INGENIERA
EN BIOTECNOLOGÍA VEGETAL**

PAULINA IVONNE JAHNSEN PEÑA

LOS ÁNGELES – CHILE

2023

**“PRIORIZACIÓN DE ESPECIES DE *COPIAPOA* PARA LA CONSERVACIÓN MEDIANTE
LA ESTIMACIÓN DE SU DIVERSIDAD FILOGENÉTICA”**

Alumna

Paulina Jahnsen Peña

Profesor Guía

Dr. Pablo Guerrero Martin

Profesora Co-Guía

MSc. Carol Peña Hernández

Evaluador Externo

Dr. Ricardo Segovia Cortes

Jefe de Carrera

Pedro Quiroz Hernández

Director de Departamento

Dra. Marely Cuba Díaz

AGRADECIMIENTOS

Al final de estos casi siete años de formación académica, no puedo comenzar mis expresiones de gratitud sin antes agradecer a Dios primeramente por darme la fuerza, la entereza y perseverancia para no darme por vencida durante el camino.

Agradezco a mis profesores tutores Dr. Pablo Guerrero y MSc. Carol Peña por la oportunidad y confianza que me brindaron durante el desarrollo de mi Memoria de Título. Su ayuda fue fundamental en todos los aspectos, agradezco la motivación constante y por permitirme aprender de ustedes y hacerme sentir capaz de aprender un área desconocida pero emocionante. Les debo a ustedes mi profundo interés en la conservación y en especial, en las cactáceas.

Agradezco a mi madre, Luz Peña, puesto que su amor, apoyo y oraciones me permitieron seguir hasta el final de mi carrera. A mi papá José Antonio, gracias por apoyarme y creer en mí. A mis hermanos Pablo, Vania y Laura por siempre sacarme una sonrisa y por contenerme. A mi mami Silvia, a mi madrina Silvia Liliana y a mis tíos José y Leonardo por brindarme su apoyo tanto a mi como a mi familia. A mis mascotas (Tritón, Perla, Ashira, Wanda y especialmente a mi gatito Ciro) por alegrarme mis días.

Agradezco a mis amigas, que fueron parte fundamental de mi sobrevivencia universitaria, Feña, Ixchel y Paula, mil gracias a todas por las conversaciones y experiencias vividas junto a ustedes. Al laboratorio BIOMAS agradezco el haberme incluido, recibido y apoyado en todo el proceso que me llevó hasta este punto. Hago especial mención a Angie, Mica, Fran, Paci y Bea por ser un pilar dentro del laboratorio.

Agradezco a cada uno de mis docentes de mi carrera, a las autoridades, jefe de carrera y psicóloga, puesto que de todos me llevo una enseñanza.

Finalizo mis agradecimientos mencionando los “Proyectos FONDECYT: 1211441 y IEB-BASAL: FB210006” por su valioso apoyo financiero para realizar este trabajo.

Resumen

La biodiversidad a nivel mundial está siendo afectada por diversas causas, no estando exentas de este riesgo las cactáceas. El género *Copiapoa* es endémico de Chile, donde se incluyen 32 cactáceas. Se ha demostrado que *Copiapoa* presentan diversos factores que ponen en riesgo su conservación por lo que se proponen especies prioritarias de conservación de este género a través de la obtención de la filogenia actualizada y la estimación de su diversidad filogenética. Por lo anterior, se analizaron secuencias disponibles en bases de datos de las especies disponibles, a las que se le sumó secuencias nuevas para los marcadores *rpl32-trnL* y *ycf1* en las especies para las cuales no se encontraban disponibles. Se caracterizó la filogenia de *Copiapoa* a través de la secuenciación de ADN y se estimaron valores de diversidad filogenética de Faith (1992) y distintividad evolutiva para determinar las especies prioritarias de conservación. Se sustentó la hipótesis dando como resultado 9 cactáceas como prioritarias a ser conservadas, de manera que se sugieren otros factores a analizar como la ubicación geográfica a fin de plantear un plan de conservación eficiente y efectivo.

Palabras clave: cactáceas, *Copiapoa*, conservación, filogenia, diversidad filogenética.

Abstract

The biodiversity at a global level is being affected by various causes, and cacti are not exempt from this risk. The genus *Copiapoa* is endemic to Chile, which includes 32 species of cacti. It has been demonstrated that *Copiapoa* species exhibit various factors that put their conservation at risk. Therefore, prioritized conservation species of this genus are proposed through the acquisition of an updated phylogeny and the estimation of their phylogenetic diversity. To achieve this, existing DNA sequences of the species were analyzed, and new sequences were added for the *rpl32-trnL* and *ycf1* markers. The phylogeny of *Copiapoa* was characterized through DNA sequencing, and values of Faith's phylogenetic diversity and evolutionary distinctiveness were estimated to determine the prioritized conservation species. The hypothesis was supported, resulting in 9 cacti identified as prioritized for conservation. It is suggested that other factors, such as geographic location, be considered for analysis in order to propose an efficient and effective conservation plan.

Keywords: cacti, *Copiapoa*, conservation, phylogeny, phylogenetic diversity.

Índice

Resumen	4
Índice de figuras	7
Índice de tablas	8
I. Introducción	9
II. Marco Teórico	11
2.1 Crisis en la conservación de las cactáceas	11
2.2 Diversidad filogenética, distintividad evolutiva y su implicancia en conservación	13
2.3 Caracterización del género <i>Copiapoa</i>	14
III. Hipótesis de trabajo	17
IV. Objetivos	17
4.1 Objetivo general	17
4.2 Objetivos específicos	17
V. Metodología	18
5.1 Revisión secuencias <i>Copiapoa</i>	18
5.2 Métodos moleculares	19
5.3 Inferencia filogenética	20
5.4 Cálculo de diversidad filogenética y distintividad evolutiva	21
VI. Resultados	23
6.1 Revisión secuencias <i>Copiapoa</i>	23
6.3 Establecimiento de prioridades en conservación	26
VII. Discusión	30

VIII. Conclusiones36

Bibliografía.....37

Anexos.....47

Índice de figuras

Figura 1 Filogenia <i>Copiapoa</i> 94.....	24
Figura 2 Filogenia <i>Copiapoa</i> 40.....	25
Figura 3 Heatmap de distancias filogenéticas	26
Figura 4 Distintividad evolutiva de las especies de <i>Copiapoa</i>	27
Figura 5 Diversidad filogenética de <i>Copiapoa</i>	28

Índice de tablas

Tabla 1 Mayor índice de diversidad filogenética (PD) en las cactáceas de <i>Copiapoa</i>	29
Tabla 2 Combinación tres criterios de evaluación (Distintividad Evolutiva, Diversidad Filogenética y Peligro crítico).....	32

I. Introducción

Actualmente la principal causal de pérdida de biodiversidad es debido a procesos como la modificación de hábitat, cambio climático y pérdida de hábitat (Barnosky et al. 2011). El 31% de las cactáceas están en riesgo de extinción donde procesos como agricultura, acuicultura y el uso de recursos biológicos para desarrollo humano incrementan la amenaza (Goettsch et al. 2015).

El 94% de todas las cactáceas en el mundo podrían conservarse con sólo 10 países, al agrupar en base a los patrones de diversidad esos países, Chile pertenecería a uno de los tres grupos importantes para la conservación de los cactus en el mundo siendo parte del mismo grupo junto a México, Argentina, Perú, Bolivia y Costa Rica (Ortega-Baes and Godínez-Alvarez 2006).

El Desierto de Atacama alberga una vegetación con gran cantidad de especies endémicas y amenazas (Gómez-Silva and Batista-García 2022), por lo que es una región de importancia continental para la conservación de la biota (Pizarro-Araya et al. 2023). La vegetación atacameña es esencial para el paisaje por su belleza natural, pero también lo es para investigación bioquímica y para aplicaciones biotecnológicas (Gómez-Silva and Batista-García 2022).

Copiapoa (Cactaceae) es un género endémico del hotspot de biodiversidad de Chile Central, donde se ha demostrado que dos tercios de las especies necesitan recircunscripción y reevaluación de sus estados de conservación (Larridon et al. 2015). Este género incluye alrededor de 30 especies endémicas del Desierto de Atacama (Duarte et al. 2014; Larridon et al. 2015), donde presentan diversos factores, como la recolección ilegal de especies (Nuwer 2021) que ponen en riesgo la conservación de estas.

El establecimiento de prioridades de conservación basado en la diversidad filogenética no se ha implementado con frecuencia (Isaac et al. 2007). Sin embargo, se establece que maximizar la diversidad filogenética es un componente clave en el establecimiento de prioridades de conservación (Vane-Wright et al. 1991). Por lo anterior, se pretende proponer especies dentro del género *Copiapoa* como prioritarias para su conservación a través de la obtención de su filogenia y estimación de su diversidad filogenética según los criterios de

Faith (1992). La estimación de la diversidad filogenética contribuye a la protección de la diversidad biológica cuando se tienen recursos limitados, de manera que se asignen prioridades que refleje el valor de la diversidad taxonómica protegiendo aquellos taxones que tengan la mayor diversidad filogenética basada en la información cladística (Faith 1992).

Para alcanzar el objetivo, se analizaron secuencias de un trabajo previo de Larridon et al. (2015) para completar las secuencias con los marcadores *rpl32-trnL* y *ycf1* teniendo en consideración la lista actualizada de taxones de Walter and Guerrero (2022) para el género *Copiapoa*. Se espera establecer las prioridades de conservación basada en los resultados de diversidad filogenética de Faith (1992), siendo prioritarios aquellas especies con un índice de diversidad filogenética lo más cercano a 1.

II. Marco Teórico

2.1 Crisis en la conservación de las cactáceas

El Desierto de Atacama es un desierto hiperárido no polar costero de casi 1000 km ubicado en América del Sur (Bull et al. 2016) y es también considerado el más antiguo y seco de la Tierra (Sun et al. 2018). Este desierto al igual que el centro mediterráneo de Chile constituyen zonas áridas que han permitido diversificar linajes adaptados a esas condiciones (Guerrero et al. 2013; Jara-Arancio et al. 2014), albergando gran diversidad de cactáceas donde la mayoría son endémicas (Guerrero et al. 2011; Duarte et al. 2014).

En estas zonas hay altos niveles de endemismo y tasas de modificación del paisaje y, es por estas razones, que son consideradas como un punto crítico de biodiversidad global para la conservación (Myers et al. 2000) ya que contempla muchos tipos de vegetación a lo largo de todo su gradiente de aridez (Arroyo et al. 2008), abarcando taxones únicos, vulnerables y geográficamente restringidos (Scherson et al. 2020). Debido a que sólo un 1,82% de los hotspot son zonas áridas (Olson et al. 2001), se suele dejar a los desiertos sin prioridad de conservación de biodiversidad tanto a nivel nacional como internacional (Scherson et al. 2020) a pesar de que la vegetación adaptada a esas condiciones áridas se le considera relevante por su potencial evolutivo, ecológico y económico frente al cambio global (Ward 2016).

A pesar de que el conocimiento de la biodiversidad en esta zona de Chile se ha incrementado, aún existen brechas en grupos no carismáticos y plantas no leñosas como las cactáceas (Ortega-Baes et al. 2010; Gurvich et al. 2014). Hasta el año 2020 se estimaba que la ciencia conocía un aproximado de 345.777 plantas vasculares, de las cuáles se estima que el porcentaje de especies amenazadas oscila entre un 22% hasta un 37% (Bachman et al. 2017). Dentro de este porcentaje que incluye angiospermas, se encuentra la familia Cactaceae. La familia Cactaceae, es altamente diversificada con especies xerófitas que suelen habitar en ambientes áridos y semiáridos del continente americano debido a que es su centro de origen y diversificación (Hernández-Hernández et al. 2014).

Está casi confinada a la región Neotropical (Zappi and Taylor 2004), donde países como México, Argentina, Perú, Brasil, Bolivia, Estados Unidos, Chile, Cuba, Costa Rica y Paraguay concentran alrededor del 94% de todas las especies de cactáceas en América (Ortega-Baes and Godínez-Alvarez 2006).

Aproximadamente el 31% de las cactáceas a nivel mundial están amenazadas (Goettsch et al. 2015). Tanto es su nivel de amenaza, que el 6,7% de las especies dentro de este grupo están calificadas en peligro crítico, un 12% en peligro y un 9,4% calificadas como vulnerables (Schussler et al. 2010). A pesar de esto, se han evaluado las amenazas para grandes grupos de animales a diferencia de las plantas (Schussler et al. 2010), puesto que estas últimas en relación con los animales son especies menos carismáticas y por tanto se dificulta la obtención de fondos para estos estudios. Sin embargo, dentro de las plantas existen grupos taxonómicos más carismáticos que otros donde se destaca el interés por las Cactaceae con relación a otros grupos (Moreira-Muñoz 2011). A pesar de que las cactáceas son consideradas un grupo carismático, las especies pertenecientes a esta familia presentan problemas en su conservación al ser objeto de recolección ilegal e inevitablemente esto conduce a la disminución de las especies (IUCN Red List | IUCN 2015).

En un estudio realizado por Pérez-Quezada y Rodrigo (2018), se realizó una evaluación de especies animales y vegetales en Chile según el Reglamento para la Clasificación de Especies Silvestres según Estado de Conservación (RCE). En esta evaluación se encontraron que 109 especies de plantas suculentas, 100 de ellas pertenecen a la familia Cactaceae donde 84% de ellas están clasificadas como amenazadas y una de ellas extinta a nivel nacional.

Dado el porcentaje de cactáceas amenazadas a nivel nacional, surge la necesidad de conservarlas debido a que son especies clave de biomas áridos y semiáridos de América debido que brindan refugio y recursos para los ecosistemas (Guerrero et al. 2019) y, en algunos casos, juegan papeles ecológicos fundamentales ya que al tener la capacidad de almacenar agua proporcionan esa fuente de humedad para muchas especies (Delgado-Fernández et al. 2017).

Esta necesidad de conservar especies surge debido a que gran parte de la diversidad biológica del planeta se está extinguiendo como consecuencia directa o indirecta de las

acciones humanas (Frankham 2010), de manera que organizaciones como la Unión Internacional para la Conservación de la Naturaleza IUCN reconoce la necesidad de conservar la biodiversidad en tres niveles: diversidad de ecosistemas, diversidad de especies y diversidad genética (Frankham 2010).

La genética de la conservación es la aplicación de la genética para comprender y reducir el riesgo de extinción de poblaciones y especies, permite comprender factores como el peligro de extinción, realizar un manejo genético para minimizar riesgos, priorizar especies y/o ecosistema para conservación, y posibilita el uso de marcadores genéticos para ayudar a resolver incertidumbres taxonómicas en especies amenazadas, etc. (Frankham 2019). En conservación, el estado de especies amenazadas está muchas veces presente en la legislación, gobiernos y agencias internacionales, donde las evaluaciones y planes se basan a menudo en el recuento de especies (Isaac et al. 2004). Sin embargo, la incertidumbre entre las especies es un desafío complicando algunos estudios de biodiversidad (Hey et al. 2003). Por lo que, se proponen estrategias de conservación en base a estudios ecológicos y genéticos que permitan enfrentar la crisis global de pérdida de biodiversidad (Médail and Baumel 2018). Estos estudios genéticos son de vital importancia para especies vegetales amenazadas y especialmente endémicas (Pimm and Joppa 2015).

2.2 Diversidad filogenética, distintividad evolutiva y su implicancia en conservación

Ha habido incrementos significativos en estudios moleculares y geográficos como herramientas para evaluar la biodiversidad a través de la riqueza de taxones, endemismo, identificación de áreas de conservación, entre otros (Van Jaarsveld et al. 1998). Esto se lleva a cabo utilizando diferentes índices evolutivos o basados en filogenias (Scherson et al. 2020). Un índice filogenético utilizado es la diversidad filogenética (PD) de Faith (1992), que permite medir la historia evolutiva de una unidad de biodiversidad en un árbol filogenético, de manera que un valor de PD más alto representa un conjunto de taxones que presenten ramas más largas o la dispersión dentro de la filogenia (Scherson et al. 2020). Se ha utilizado este método para asignar prioridades de conservación (Scherson et al. 2020) al igual que la distintividad evolutiva o filogenética que se centra en la posición y características únicas y

particulares de ciertas ramas en relación con el resto de las especies del árbol filogenético (Tucker et al. 2012), de manera que incorporando este índice podría mejorar las acciones de conservación (Morrison et al. 2009).

En cactáceas, se han construido filogenias con el fin de esclarecer y delimitar géneros cuando la historia taxonómica de estos ha sido confusa (Cruz et al. 2016), también se ha construido la filogenia de una tribu cuando los límites entre géneros o el número de especies dentro de cada género y sus relaciones entre sí han sido motivo de debate (Vázquez-Sánchez et al. 2013), se ha investigado la filogenia cuando tanto la evolución como la diversidad de un género no se ha estudiado mediante un enfoque molecular (Larridon et al. 2015). Guerrero et al. (2019) intentaron reducir la incertidumbre taxonómica de *Eriosyce* basada en la filogenia, similar a lo reportado por Breslin et al. (2021) donde se reconstruyó la filogenia molecular de un clado Mammilloid, y similar a lo realizado por Franco-Estrada et al. (2021) corroborar la monofilia de *Peniocereus* y sus relaciones dentro del género.

Se requiere tener filogenias debido a que se ha utilizado como herramienta en diferentes áreas como la sistemática y taxonomía, cuyo fin es la aplicación de esta en la determinación del valor filogenético para establecer prioridades de conservación, definir áreas de hábitat críticas, clarificar estados taxonómicos, y también para comprender procesos genéticos a nivel de especie, entre otros (Vane-Wright et al. 1991; Faith 1992; Byrne 2003). Por lo anterior, el uso de la diversidad filogenética (PD) en conjunto con otros enfoques basados en especies representa un avance en la evaluación de especies o áreas geográficas a conservar (Veron et al. 2017). Otro enfoque es la evaluación de riesgo de extinción de especies de plantas según criterios como los de la IUCN a modo de priorización de especies (Pressey et al. 2013).

2.3 Caracterización del género *Copiapoa*

Copiapoa Britton & Rose es un género de cactáceas endémicas del Desierto de Atacama que cuenta con 32 especies y 7 subespecies (Larridon et al. 2015). El género *Copiapoa* está restringido a una franja latitudinal en Chile entre Tocopilla (22°S) y las lomas costeras al norte del Valle del Choapa (31°20'S) desde el nivel del mar hasta los 1300 m de altitud. Se

distribuye en la zona costera del Desierto de Atacama en la parte norte de uno de los hotspot de biodiversidad conocido como los Bosques Valdivianos de Lluvia Invernal de Chile (Arroyo et al. 2005). La mayoría de las especies de *Copiapoa* son endémicas de esa zona y algunas especies dentro del género tienen un rango de distribución extremadamente limitado (Larridon et al. 2015), donde las zonas con mayor diversidad de *Copiapoa* se encuentran en la Quebrada Botija, Quebrada Tigrillos, Parque Nacional Pan de Azúcar, Paposos, entre otras (Larridon et al. 2015).

Se ha descrito el género en términos generales donde sus especies presentan tallos simples, globulares a cilíndricos, y en especies como *C. esmeraldana* y *C. hypogaea* como parcialmente geófitas. El tamaño oscila entre 2 cm en especies de cuerpo solitario y de hasta 2 m de diámetro en las que forman montículos, y su color varía en cada especie. Las raíces son fibrosas o pivotantes extendidas y una particularidad del género es la lanosidad suave presente en el ápice de la planta. Las espinas varían en número (desde ninguna a muchas), color y forma, y las espinas centrales suelen estar más desarrolladas que las espinas marginales (Hoffmann and Walter 2004). Presentan flores apicales escondidas entre la lanosidad que pueden ser amarillas con segmentos rojizos (salvo en *C. taltalensis* cuya flor es roja), pueden ser campanuladas a embudiliformes con tubo floral corto y ancho. Presentan ovario corto, turbinado y desnudo, sus frutos son pequeños y suaves y, sus semillas son negras, brillantes y son dispersadas por hormigas (Hoffmann and Walter 2004).

Britton & Rose (1922) describieron el género definiéndolo con cuerpo globoso, espinoso y de flores amarillas. Inicialmente estaba formado por sólo 6 especies, entre 1930 y 1980, Backeberg (1966) y Ritter (1980) principalmente describieron 46 nuevas especies (Larridon et al. 2015). Hasta el trabajo de Larridon et al. (2015) las nuevas propuestas y delimitaciones de especies publicadas, se basaron principalmente en afinidades morfológicas.

Ritter (1980) es el primero en proponer una clasificación infra-genérica sugiriendo dos subgéneros de *Copiapoa*: *Pilocopiapoa* y *Copiapoa*. Doweld (2022) propuso tres subgéneros: *Pilo-copiapoa*, *Echinopoa* y *Copiapoa*. Ambas clasificaciones basadas en caracteres morfológicos y anatómicos de las semillas (Larridon et al. 2015). Autores como Barthlott and Hunt (1993), Anderson (2001) y Hunt et al. (2016), han propuesto la inclusión del género *Copiapoa* en la tribu Notocactaeae. Esto fue contradicho por filogenias moleculares que indican a dicho género como una rama aislada dentro de la familia (Neyffer

2022; Arakaki et al. 2011; Bárcenas et al. 2011; Hernández-Hernández et al. 2011). Además, Neyffeler and Eggli (2010), lo han considerado un género “huérfano” debido a que su ubicación tribal y filogenética es incierta dentro Cactoideae. Se considera este género como monofilético con una variación genética muy baja en marcadores cloroplastidales y nucleares (Larridon et al. 2015).

La incertidumbre taxonómica que ha presentado el género *Copiapoa*, tiene implicaciones en la conservación del grupo ya que el género se ve en gran medida amenazado por diversos factores como la ampliación de caminos costeros, la indiscriminada recolección de individuos, la desertificación y erosión, entre otras causas (Larridon et al. 2014). A raíz de la histórica ambigüedad taxonómica, las relaciones filogenéticas poco claras con otros géneros, y reevaluación del estado de conservación de cada una de las especies pertenecientes al género, se hace precisa una mejor comprensión de su filogenia actualizada para luego proponer prioridades de conservación.

III. Hipótesis de trabajo

El género *Copiapoa* se ve amenazado por una gran antropización de su hábitat y por el tráfico ilegal, lo que ha llevado a que las especies del género se encuentren gravemente amenazadas de extinción. Esto junto a la alta riqueza de especies genera la necesidad de priorizar especies para su conservación. El uso de información evolutiva permite generar una valorización de las especies en cuanto a su diversidad e historia evolutiva única. Si bien el género *Copiapoa* posee baja diversidad filogenética, la inferencia filogenética basada en dos marcadores (marcadores *rpl32-trnL* y *ycf1*) para la obtención de una filogenia molecular permitirá establecer un ranking de prioridades de conservación.

IV. Objetivos

4.1 Objetivo general

Generar un ranking de priorización de especies de *Copiapoa* basado en la estimación de la diversidad filogenética y distintividad evolutiva del género endémico a través de la obtención de la filogenia molecular.

4.2 Objetivos específicos

- Inferir la filogenia completa del género *Copiapoa* mediante el análisis bayesiano de secuencias disponibles en Genbank para los marcadores *rpl32-trnL* y *ycf1* junto con la generación de secuencias propias.
- Estimar índices de diversidad filogenética y distintividad evolutiva de las especies del género *Copiapoa*.
- Generar ranking de especies prioritarias de conservación a través del análisis filogenético en el género *Copiapoa*.

V. Metodología

5.1 Revisión secuencias *Copiapoa*

Se revisaron las secuencias de los marcadores *rpl32-trnL* y *ycf1* reportados por Larridon et al. (2015), que incluyó 109 individuos: 16 corresponden al grupo externo (de los géneros *Blossfeldia*, *Calymmanthium*, *Eriocyce*, *Eulychnia*, *Parodia*, *Pereskia* y *Rhipsalis*) y los 93 restantes a *Copiapoa*. Para efectos de este trabajo, se seleccionaron las especies que estuvieran completas para los dos marcadores seleccionados desde la base de datos de GeneBank y se omitieron aquellas que no lo estuvieran de manera que se pudiera enviar a secuenciar las especies que no estuvieran completas de algún marcador.

Se elaboró una matriz de datos en base a los números de accesión de GeneBank para los marcadores *rpl32-trnL* y *ycf1* de todas las especies del género adicionando las secuencias nuevas generadas en esta memoria de título (ver Anexo 1 y 2). El listado de especies que se usaron fue en base a la propuesta taxonómica del catálogo actualizado de Walter and Guerrero (2022).

Se realizaron dos análisis; uno con todas las secuencias disponibles para ambos marcadores (ver Anexo 1) completando un total de 94 muestras (7 muestras de especies *Copiapoa* generadas en este estudio, 84 desde GeneBank de *Copiapoa* y 3 especies conformando el outgroup) para inferir la filogenia completa y actualizada de *Copiapoa* y, además, se realizó otro análisis con 40 muestras (7 muestras de especies *Copiapoa* generadas en este estudio, 30 desde GeneBank de *Copiapoa* y 3 especies conformando el outgroup) para utilizarlo en los análisis de diversidad filogenética y distintividad evolutiva (ver Anexo 2).

5.2 Métodos moleculares

Para las especies de *Copiapoa* cuyas secuencias faltantes establecidas en la sección anterior de la metodología, fueron recolectadas y secuenciadas para completar la matriz genética para ambos marcadores usados. El material vegetal fue obtenido a partir de muestras del Laboratorio BIOMAS (Biogeografía, Macroevolución y Sistemática) del cactario de Hualpén ubicado en la Estación Biológica de la Universidad de Concepción junto a muestras previamente colectadas en terrenos y almacenadas en el Laboratorio de Sistemática Molecular Vegetal de la Universidad de Concepción a -80°C . Se realizó una desinfección previa de raíz y/o tallo de los cactus con etanol al 70% y dos lavados consecutivos con agua destilada antes de seguir con el protocolo de extracción normalmente utilizado en el laboratorio. Luego de la desinfección y extracción de ADN, se cuantificó la cantidad de ADN de cada extracción en espectrofotómetro de microvolúmenes UV-Vis Thermo Scientific™ NanoDrop™ One y luego se verificó la calidad del ADN mediante electroforesis en gel de agarosa.

Se seleccionó un intrón no codificante *rpl32-trnL* y un gen *ycf1* por el uso de estos marcadores en estudios anteriores en cactáceas y en una amplia gama de otras familias de plantas (Larridon et al. 2015). La amplificación y secuenciación se realizó usando los pares de cebadores: *rpl32F* y *trnL* (Shaw et al. 2007) y, *Ycf1-4182F* y *Ycf1-5248R* (Franck et al. 2012). Las reacciones de PCR se llevaron a cabo en un termociclador de 96 pocillos Veriti™ de Applied Biosystems™ luego de estandarizar un protocolo de PCR obtenido a partir de diversas pruebas y gradientes. Luego, los productos de PCR fueron enviados a AUSTRAL-omics para secuenciación SANGER de las muestras cuyo proceso incluyó un servicio previo de purificación.

Tras el envío de las secuencias, se realizó una edición de consensos entre forward y reverse de cada especie por cada marcador usando Geneious Prime® 2023.1.1, para esto se utilizó la función pairwise align y se seleccionó la opción genious alignment. Luego, se cortaron los extremos automáticamente con la función trim ends y se editaron manualmente los consensos. Las secuencias consenso a su vez se subieron a la plataforma BankIt del National Center for Biotechnology Information (NCBI).

Se exportaron los consensos en formato fasta desde Geneious Prime® 2023.1.1 para luego realizar un alineamiento múltiple de las secuencias consenso obtenidas previamente junto a las secuencias de Larridon et al. (2015) en la plataforma online MAFFT v.7 (Katoh et al. 2018; Kuraku et al. 2013).

En MEGA X (Molecular Evolutionary Genetics Analysis) v.10.1.7 (Kumar et al. 2018), se realizó nuevamente un alineamiento con la función de Muscle y se exportaron los alineamientos en formato fasta. Además, se realizó un test para ver el mejor modelo de sustitución nucleotídica en cada marcador. Finalmente, en BioEdit Sequence Alignment v.7.2.5 (Hall 1999) se editaron los alineamientos múltiples de cada marcador.

Luego, se realizó una concatenación de los alineamientos múltiples de ambos marcadores usando el software Concatenator (Vences et al. 2021) para luego exportar la concatenación en formato nexus y finalmente realizar el análisis bayesiano.

5.3 Inferencia filogenética

El análisis bayesiano se realizó en MrBayes v.3.2.3 (Ronquist et al. 2012) definiendo como outgroup *b_liliputana* para enraizar el árbol filogenético. Se especificó el inicio y termino de cada marcador (*rp132*= 1-1336; *ycf1*= 1337-2366), se especificaron las particiones para cada marcador aplicando el mejor modelo de sustitución nucleotídica (GTR: nst = 6), se fijaron los parámetros del análisis Markov Chain Monte Carlo (MCMC) (mcmc ngen=20000000 printfreq=1000 samplefreq=1000 nchains=4 tem=0.2 savebrlens=yes checkfreq=5000 diagnfreq=1000 stopval=0.01 stoprule=yes) y se configuró la construcción del consenso del árbol filogenético a partir de las cadenas MCMC (sumt relburnin=yes burnfrac=0.25 contype=allcompat). Finalmente, se editó el árbol obtenido en FigTree v.1.4.4 (Rambaut 2007).

Lo anterior fue realizado para la obtención de dos versiones de árboles filogenéticos; una filogenia fue obtenida utilizando una secuencia consenso por cada cactácea junto a 1 secuencia consenso por cada especie outgroup (*Eriosyce aurata*, *Blossfeldia liliputana* y *Calymmanthium substerile*) completando un total de 40 secuencias (Anexo 2), y otro árbol filogenético obtenido con toda las secuencias disponibles para los marcadores provenientes

desde GeneBank en conjunto a las secuencias obtenidas en este trabajo completando un total de 94 secuencias (Anexo 1).

Se utilizó el software R v.4.3.0 (R Core Team (2022) y Rstudio v.4.3.0 (RStudio Team. (2022) donde se instalaron los paquetes “ape” (Paradis and Schliep 2019), “gplots” (Warnes et al. 2022), “ggplot2” (Wickham 2016) y “picante” (Kembel et al. 2010) para calcular y visualizar una matriz de distancias filogenéticas y la distintividad evolutiva obtenida a partir de la filogenia de *Copiapoa* con 37 secuencias excluyendo las 3 especies que conformaron el grupo externo.

5.4 Cálculo de diversidad filogenética y distintividad evolutiva

Para el establecimiento de prioridades de conservación, se analizará la diversidad filogenética de Faith (PD por sus siglas en inglés) debido a que es una métrica que representa el número relativo de nuevas características que surgen a lo largo de la historia evolutiva en virtud de que la suma de las longitudes de las ramas de la filogenia es una medida que cuanta historia evolutiva se perdería si no se conservan ciertos taxones (Faith 1992).

Para esto, se utilizó el software R v.4.3.0 (R Core Team (2022) y Rstudio v.4.3.0 (RStudio Team. (2022) donde se instalaron los paquetes “ape” (Paradis and Schliep 2019) y “picante” (Kembel et al. 2010) en RStudio con la función `install.packages()` junto a `dependencies = T` para instalar los paquetes asociados a los de interés. Específicamente el paquete “picante” es el que permitirá obtener la diversidad filogenética de Faith (1992) con tres criterios: (i) la matriz de distancia, (ii) el árbol filogenético, y (iii) el árbol no enraizado con la función (`include.root = FALSE`).

Se llamó al paquete “ape” (`library(ape)`) para luego colocar la ruta de archivo en el objeto `ruta_archivo` para ubicar el árbol filogenético en formato `nex.con.tre`. Luego, se colocó en el objeto `arbol` la función `read.nexus(file = ruta_archivo)`. Se creó el objeto `especies` para seleccionar aquellas que se requirieron para el estudio y en este caso, para las 32 especies de *Copiapoa* y sus subespecies (Ej: `c(“C_leonensis”, “C_serpentisulcata”, “C_australis”, etc.)`). Luego, se creó el objeto `arbol_copiapoa` y con la función `drop.tip` se creó el árbol

excluyendo las especies que conformaron el outgroup para considerar sólo las cactáceas de interés en el análisis.

Luego, se creó el objeto `matriz_distancia` con la función `cophenetic.phylo` para el objeto anterior `arbol_copiapoa`. Con la función `print` para el objeto `matriz_distancia` se obtuvo la matriz (Anexo 3) que se necesita para obtener la diversidad filogenética de Faith (1992) junto al árbol filogenético que ya se importó en RStudio.

Finalmente, se llamó al paquete “picante” (`library(picante)`) para obtener la diversidad filogenética. Para esto, se creó el objeto PD donde al usar la función `pd` del paquete, se obtuvo la diversidad filogenética con los objetos creados `matriz_distancia` y `arbol_filogenetico` de la siguiente manera: `pd(matriz_distancia, arbol_copiapoa, include.root = FALSE)`. Con los resultados del objeto PD se obtuvieron los valores de PD (Phylogenetic Diversity) que se visualizan en el Anexo 4.

Para calcular la distintividad evolutiva, se creó el objeto `evol_dist` para usar la función `evol.distinct(arbol_copiapoa)`, se ajustaron los nombres de las especies del objeto `evol_dist` con la función `factor(evol_dist$Species, levels = evol_dist$Species)`. Finalmente, se llamó al paquete “ggplot2” para graficar la distintividad evolutiva de la siguiente manera: `ggplot(evol_dist, aes(x = reorder(Species, w), y = w)) + geom_bar(stat = "identity", fill = "lightblue") + labs(x = "Species", y = "Evolutionary Distinctiveness", title = "") + geom_text(aes(label = round(w, 4)), vjust = -0.5, size = 3) + theme_bw() + theme(axis.text.x = element_text(angle = 45, hjust = 1))`.

VI. Resultados

6.1 Revisión secuencias *Copiapoa*

De acuerdo con la revisión de secuencias del género, todas las secuencias para el marcador *ycf1* estaban completas. Por el contrario, para el marcador *rpl32-trnL* faltaron las secuencias de *Copiapoa leonensis*, *C. serpentisulcata*, *C. australis*, *C. calderana*, *C. marginata*, *C. longispina*, *C. atacamensis* y *C. taltalensis*.

No se pudo secuenciar *Copiapoa atacamensis* luego de su purificación, por lo que se usó la secuencia disponible en GeneBank la cual carecía de *rpl32-trnL* (ver Anexo 1 y 2).

6.2 Árbol filogenético

Los grupos externos están compuestos por *Eriosyce aurata*, *Blossfeldia liliputana* y *Calymmanthium substerile* (Figura 1 y Figura 2). Se observa que existe una relación más estrecha entre *Copiapoa* y *Calymmanthium substerile* en comparación con las dos especies que conformaron parte del outgroup (*E. aurata* y *B. liliputana*) en ambos árboles.

El género *Copiapoa* forma un clado monofilético en ambos árboles, donde las especies con menor valor de soporte de nodo dentro del árbol con 94 muestras (Figura 1) fueron *Copiapoa leonensis* con *C. hypogaea*, ambas con *C. atacamensis*, *C. serpentisulcata* con *C. cinerascens*, *C. humilis* subsp. *humilis* con *C. humilis* subsp. *varispinata*, ambas con *C. humilis* subsp. *tocopillana*. Las subespecies de *humilis* en conjunto tienen soporte de nodo con valor 1 al igual que las subespecies de *cinerea* siendo estas las especies con mejor soporte de nodo al ser cercano a 1.

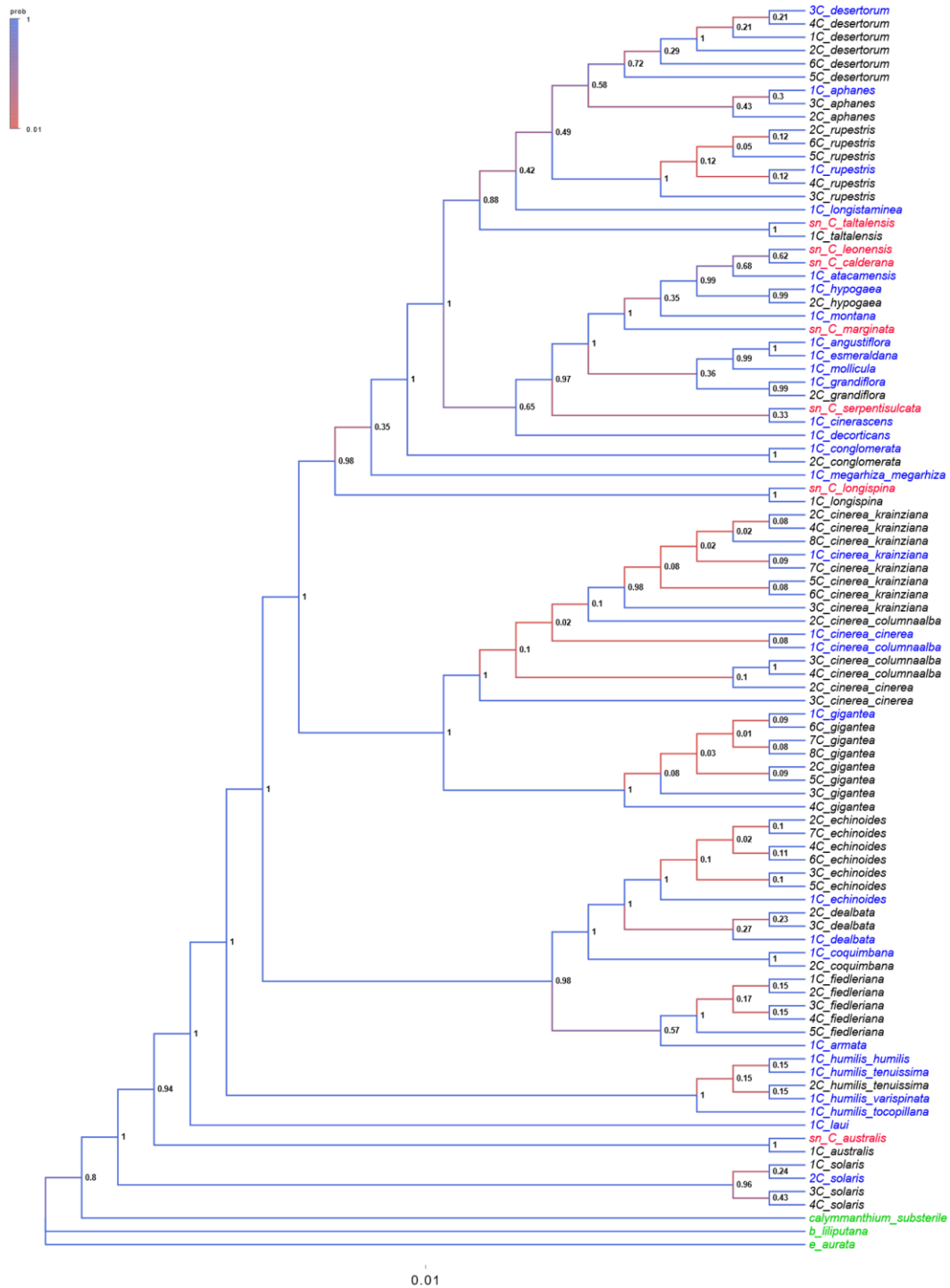


Figura 1 Filogenia *Copiapoia* 94 muestras basada en dos marcadores moleculares (*rpl32-trnL* y *ycf1*) ilustrando el valor de soporte de probabilidad *a posteriori* de las ramas obtenido tras el análisis bayesiano. En negro, taxones de *Copiapoia*: 30 taxones desde GenBank y 7 taxones nuevos generados en este trabajo. En verde 3 taxones de especies outgroup.

En la Figura 2 se ilustra el árbol de 40 muestras que fue utilizado para los análisis de diversidad filogenética y distintividad evolutiva. Se observa que las especies con menor valor de soporte de nodo fueron *Copiapoa hypogaea* al relacionarse con *C. atacamensis*, *C. calderana* y *C. leonensis*. También se observa a *C. marginata*, *C. grandiflora*, *C. aphanes*, *C. rupestris*, *C. longistaminea* y *C. armata* con valores de soporte de nodo inferior a 0,40. Similar a lo que ocurre con *C. cinerea* subsp. *columna-alba* en relación con sus pares de cinerea y similar a *C. humilis* subsp. *tocopillana* y *C. humilis* subsp. *varispinata* en relación con sus pares de humilis. Al igual que en la filogenia de la Figura 1, las subespecies de humilis en conjunto tienen soporte de nodo con valor 1 al igual que las subespecies de cinerea.

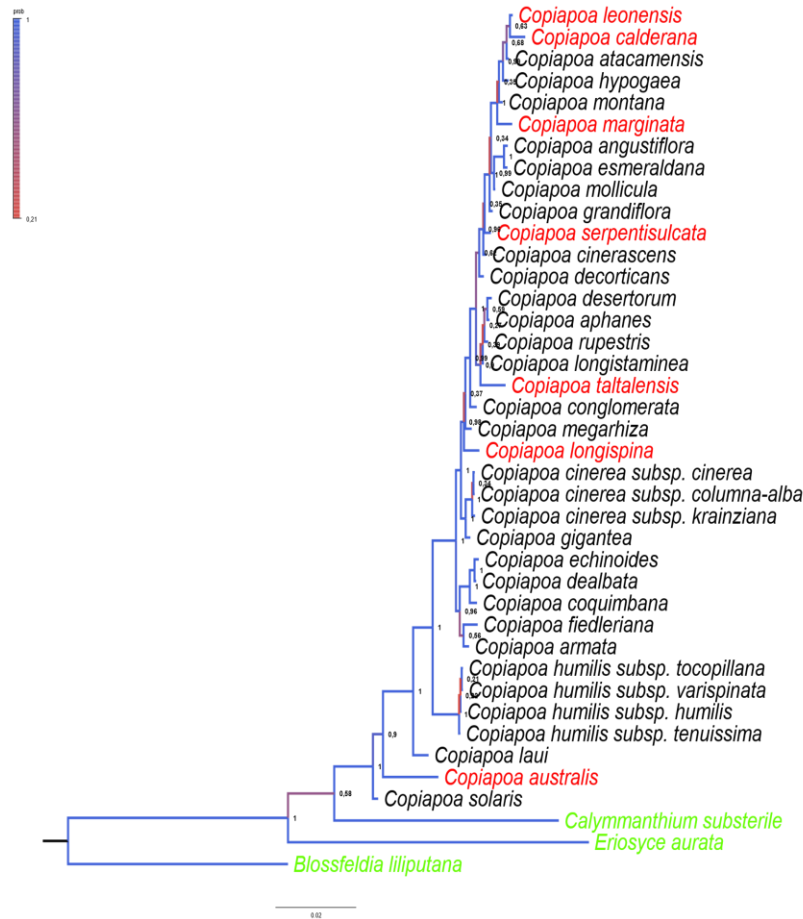


Figura 2 Filogenia *Copiapoa* 40 muestras basada en dos marcadores moleculares (*rpl32-trnL* y *ycf1*) ilustrando el valor de soporte de probabilidad *a posteriori* de las ramas obtenido tras el análisis bayesiano. En negro, taxones de *Copiapoa*: 30 taxones desde GenBank y 7 taxones nuevos generados en este trabajo. En verde 3 taxones de especies outgroup.

6.3 Establecimiento de prioridades en conservación

Para el establecimiento de prioridades de conservación, se tomó como referencia el cálculo de diversidad filogenética basado en tres criterios, donde se usó una filogenia de 40 muestras (Figura 2) y se obtuvieron las siguientes ilustraciones de matriz de distancias filogenéticas y distintividad evolutiva:

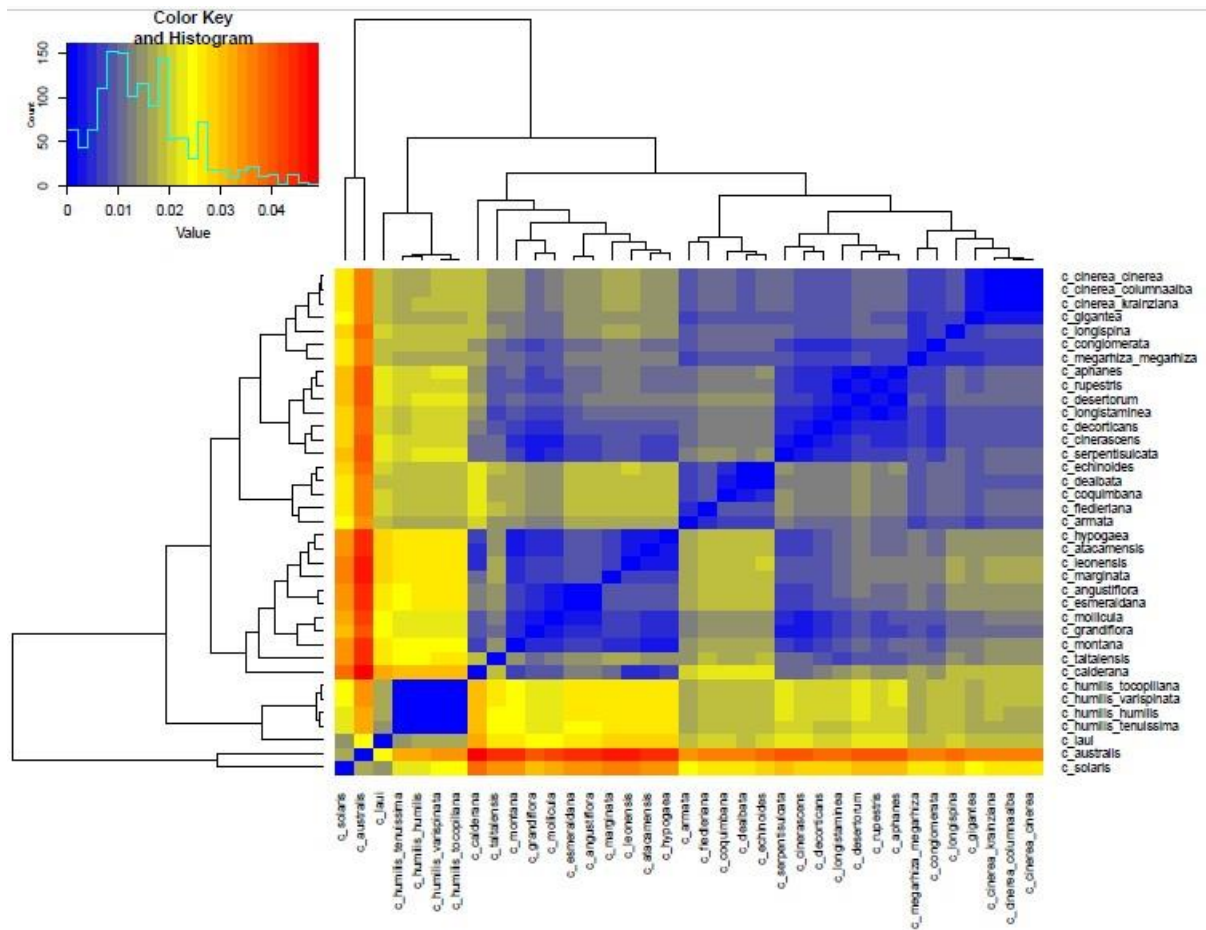


Figura 3 Heatmap de distancias filogenéticas

La figura anterior representa gráficamente las similitudes y diferencias entre especies del género *Copiapoa* en función a sus relaciones evolutivas. Los colores representan los diferentes niveles de distancia filogenética entre especies, donde los valores cercanos a

ceros y, en este caso, visualizados en color azul o dentro de las tonalidades azules, sugieren una mayor similitud o una distancia más corta entre las cactáceas. Los valores más alejados a cero y cercanos a 0,05 son visualizados con los colores desde el amarillo hasta el rojo y representarían cactáceas más distantes filogenéticamente.

En la Figura 4 se observa la distintividad evolutiva de cada una de las especies del género *Copiapoa*, se observa que las cactáceas con mayor distintividad evolutiva son: *C. australis*, *C. laui*, *C. taltalensis*, *C. humilis* subsp. *tenuissima*, *C. longispina*, *C. fiedleriana*, *C. marginata*, *C. calderana*, *C. coquimbana* y *C. armata*.

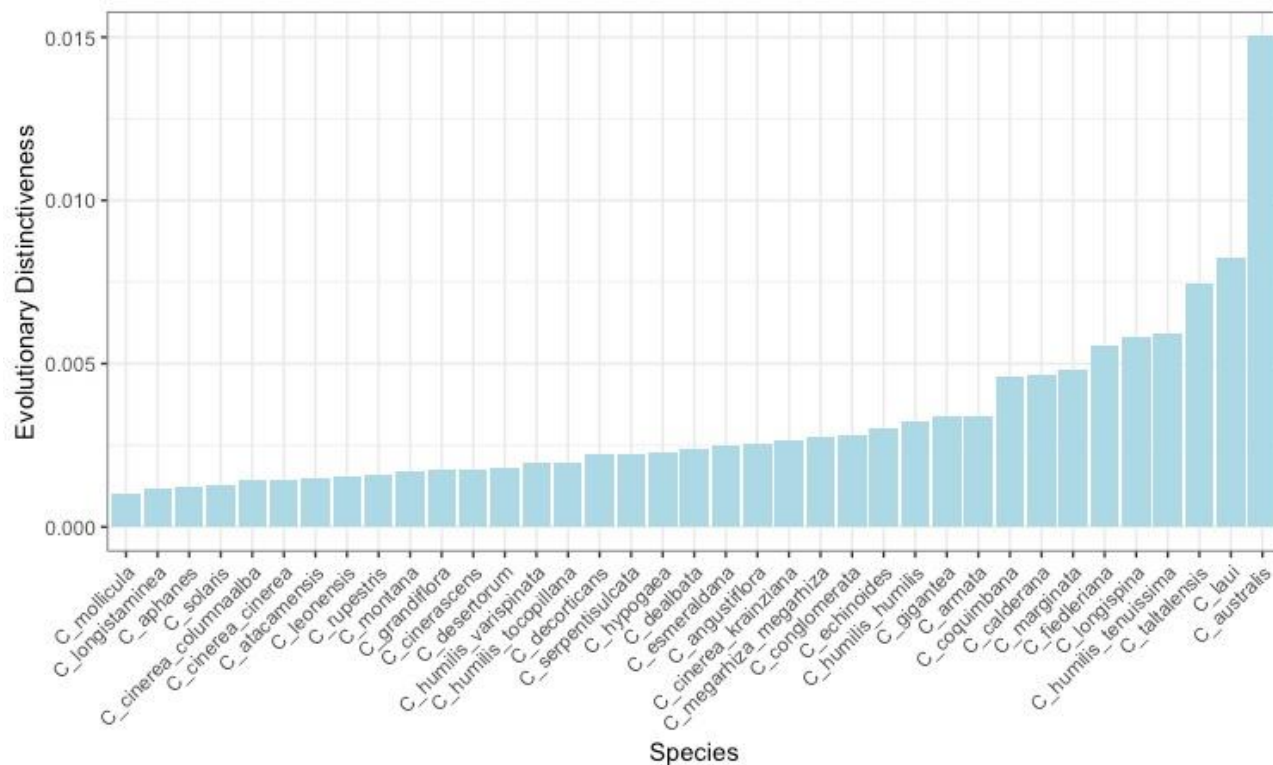


Figura 4 Distintividad evolutiva de las especies de *Copiapoa*

Los resultados de diversidad filogenética de Faith se detallan en el Anexo 4 y se visualizan en la Figura 5:

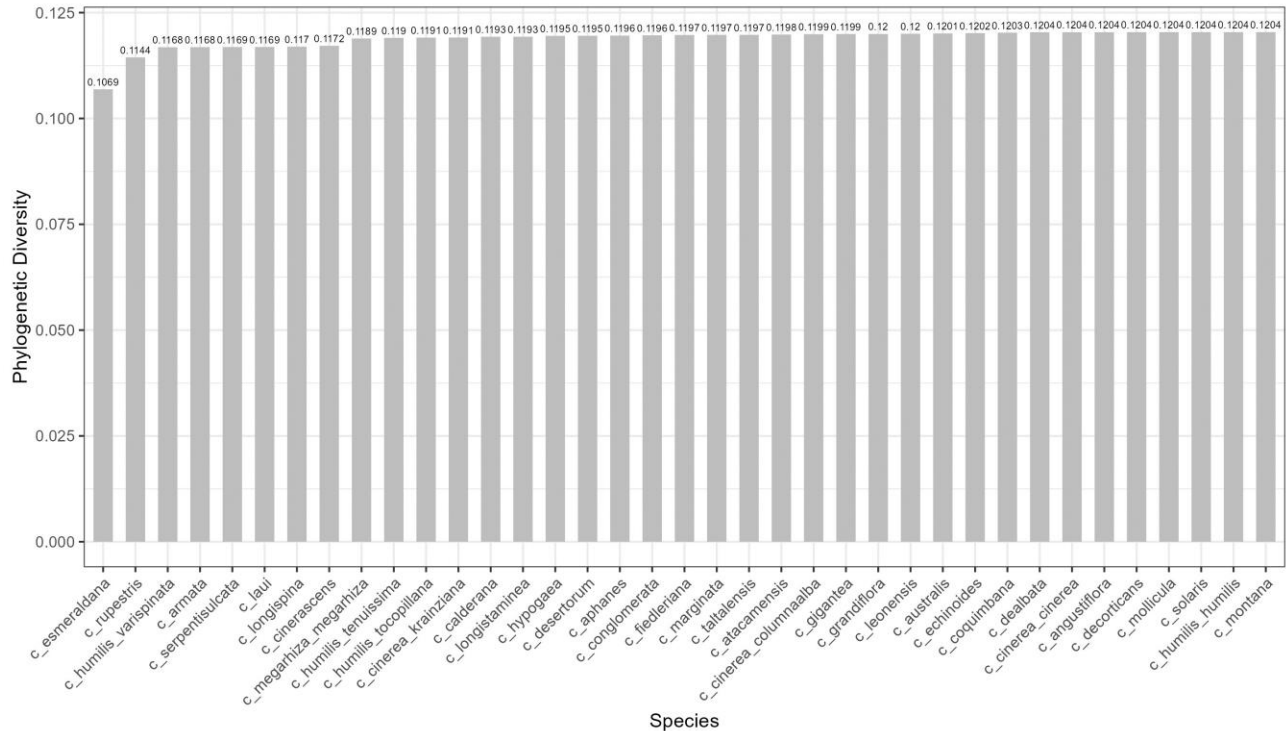


Figura 5 Diversidad filogenética de *Copiapoa*

Como se observa en la Figura 5, casi todas las especies tienen niveles de diversidad filogenética similares, de manera que oscilan entre un 0,10 a 0,12. Considerando que un alto índice de diversidad de filogenética es un valor cercano a 1 (Chao et al. 2014), las especies con menor índice de diversidad filogenética son:

1. *Copiapoa laui* con 0.1168445
2. *Copiapoa solaris* con 0.1168825
3. *Copiapoa fiedleriana* con 0.1171666

Las cactáceas que tienen mayor diversidad filogenética fueron las que sus valores fueron más cercanos a 0,13:

Tabla 1 Mayor índice de diversidad filogenética (PD) en las cactáceas de *Copiapoa*

Especie	PD
<i>Copiapoa humilis</i> subsp. <i>humilis</i>	0.1203897
<i>Copiapoa longistaminea</i>	0.1203860
<i>Copiapoa cinerea</i> subsp. <i>columna-alba</i>	0.1203854
<i>Copiapoa humilis</i> subsp. <i>tenuissima</i>	0.1203826
<i>Copiapoa humilis</i> subsp. <i>varispinata</i>	0.1203823
<i>Copiapoa humilis</i> subsp. <i>tocopillana</i>	0.1203759
<i>Copiapoa mollicula</i>	0.1203672
<i>Copiapoa cinerea</i> subsp. <i>cinerea</i>	0.1203591
<i>Copiapoa dealbata</i>	0.1202637
<i>Copiapoa aphanes</i>	0.1201528
<i>Copiapoa atacamensis</i>	0.1200888
<i>Copiapoa leonensis</i>	0.1200002

VII. Discusión

De acuerdo con la filogenia obtenida a partir de secuencias de GeneBank en conjunto con las secuencias propias hasta un total de 94, se comparó la filogenia obtenida por Larridon et al. (2015) en relación con la actualizada. De la obtenida en este trabajo se observan valores de soporte de nodo cercano a 1 en una minoría de las relaciones entre especies a diferencia de los soportes de Larridon et al. (2015). De manera similar, se observaron diferencias entre las dos filogenias obtenidas en este trabajo, donde en la filogenia de la Figura 2 se obtuvieron valores de soporte de nodo más bajo que en la filogenia de la Figura 1. Lo anterior puede ser por causas multifactoriales como lo es el uso de más caracteres o taxones, otra estrategia de muestreo, marcadores más informativos, el tipo de datos analizados (moleculares o morfológicos), entre otros (Bremer et al. 1999). Esto sustenta los resultados al comparar ambas filogenias (Figura 1 y 2) al ser la primera una filogenia más completa al tener más muestras por especie.

Se ha demostrado que el porcentaje de soporte de nodo se correlaciona positivamente con el número de caracteres y negativamente con el número de taxones (Bremer et al. 1999). La estrecha relación entre *Copiapoa* y *Calymmanthium substerile* dentro de los árboles filogenético se ha observado con anterioridad (Korotkova et al. 2010), pero la morfología y distribución de ambos géneros es muy distinta (Walter and Guerrero 2022)

A pesar de lo anterior, la filogenia actualizada de la Figura 1 es consistente en las relaciones entre especies y muy similar a la obtenida por Larridon et al. (2015). Las diferencias entre la posición de algunas especies se debe a que la filogenia actualizada no contiene el híbrido *C. cinerea x gigantea* y que además se verificó la nomenclatura de las especies en base al catálogo actualizado por Walter and Guerrero (2022).

Algunas especies tienen atributos evolutivos particulares por lo que su extinción representaría una pérdida importante (Vane-Wright et al. 1991), uno de esos atributos es la distintividad evolutiva (“Evolutionary distinctness” (ED)) lo que permite visualizar que tan aislada está una especie dentro de su árbol filogenético (Vane-Wright et al. 1991). En este sentido, en la figura 4 se observa que las especies con mayor distintividad evolutiva son *C. australis*, *C. laui*, *C. taltalensis*, *C. humilis* subsp. *tenuissima*, *C. longispina*, *C. fiedleriana*,

C. marginata, *C. calderana*, *C. coquimbana* y *C. armata*. Sin embargo, no se sabe si considerando la distintividad evolutiva se puede guiar la priorización de especies amenazadas o si se puede guiar la planificación de la conservación en base a este índice Faith (1992).

La filogenética de la conservación moderna se basan en dos artículos de Vane-Wright et al. (1991) y Faith (1992), donde el enfoque de sus métricas difiere en su enfoque puesto que Vane-Wright et al. (1991) mide la distintividad de una especie respecto de otras y Faith (1992), suma las longitudes de las ramas del árbol filogenético. Según esta última métrica, en este estudio se obtuvieron valores de diversidad filogenética de Faith (1992) (PD) relativamente bajos, menores a 0,2 siendo *Copiapoa laui*, *C. solaris* y *C. fiedleriana* las cactáceas con menor valor de PD. PD es la suma de las longitudes de las ramas filogenéticas que conectan todas las especies, de manera que al agregar más especies se agrega más longitud de rama y por tanto aumenta el PD captando la importancia de la historia evolutiva y la riqueza de especies entre sí (Swenson and Worthy 2018). Existen varias razones por la cual las especies podrían presentar un bajo índice de diversidad filogenética, se podría deber a especiación reciente o localizada (Massante et al. 2019), al tamaño y aislamiento de poblaciones (Helmus and Ives 2012), restricciones ecológicas debido a que PD puede capturar interacciones que afectan el ecosistema (Srivastava et al. 2012), entre otros. En el caso de *Copiapoa*, tienen rangos de distribución extremadamente limitados (Larridon et al. 2015) y el hecho de que se vea en gran medida amenazadas sus especies por la ampliación de caminos, la recolección ilegal de individuos, desertificación, etc. (Larridon et al. 2014), podrían ser razones para atribuir sus bajos niveles de diversidad filogenética.

Es posible cuantificar las amenazas a la diversidad filogenética combinando la métrica de PD (diversidad filogenética) junto a las categorías de amenaza de la Lista Roja de la IUCN, ya que con sus estimaciones de probabilidad de extinción se podrían calcular las cantidades de PD amenazadas o en peligro, y de esta manera, podemos calcular las cantidades de PD que se encuentran amenazadas o en peligro (Faith et al. 2018). En este sentido y según los resultados de este estudio, las cactáceas que tienen mayor diversidad filogenética y están catalogadas en Peligro Crítico según los criterios de la IUCN propuestas por Villalobo (2023)

son: *Copiapoa humilis* subsp. *humilis*, *C. humilis* subsp. *tenuissima*, *C. humilis* subsp. *varispinata*, *C. humilis* subsp. *tocopillana*, *C. mollicula*, *C. aphanes* y *C. leonensis*.

Ahora bien, las prioridades de las especies pueden ser estimadas en base a suposiciones simples como la distintividad evolutiva, la estimación de pérdida de diversidad filogenética o en base a los criterios de la IUCN de probabilidad de extinción (Faith et al. 2018). Con lo anterior, se fundamentan los criterios utilizados en este trabajo y bajo este contexto, al combinar estos índices. Las especies prioritarias por distintividad evolutiva, mayor diversidad filogenética y que estén en peligro crítico según lo propuesto por Villalobo (2023) serían:

Tabla 2 Combinación tres criterios de evaluación (Distintividad Evolutiva, Diversidad Filogenética y Peligro crítico)

Distintividad Evolutiva	Diversidad Filogenética	En Peligro Crítico según criterios IUCN (Villalobo 2023)
<i>C. australis</i>	<i>Copiapoa humilis</i> subsp. <i>humilis</i>	<i>C. australis</i>
<i>C. laui</i>	<i>Copiapoa longistaminea</i>	<i>C. cinerea</i> subsp. <i>krainziana</i>
<i>C. taltalensis</i>	<i>Copiapoa cinerea</i> subsp. <i>columna-alba</i>	<i>C. conglomerata</i>
<i>C. humilis</i> subsp. <i>tenuissima</i>	<i>Copiapoa humilis</i> subsp. <i>tenuissima</i>	<i>C. decorticans</i>
<i>C. longispina</i>	<i>Copiapoa humilis</i> subsp. <i>varispinata</i>	<i>C. desertorum</i>
<i>C. fiedleriana</i>	<i>Copiapoa humilis</i> subsp. <i>tocopillana</i>	<i>C. humilis</i> subsp. <i>humilis</i>
<i>C. marginata</i>	<i>Copiapoa mollicula</i>	<i>C. humilis</i> subsp. <i>tocopillana</i>
<i>C. calderana</i>	<i>Copiapoa cinerea</i> subsp. <i>cinerea</i>	<i>C. humilis</i> subsp. <i>varispinata</i>

<i>C. coquimbana</i>	<i>Copiapoa dealbata</i>	<i>C. humilis</i> subsp. <i>tenuissima</i>
<i>C. armata</i>	<i>Copiapoa aphanes</i>	<i>C. leonensis</i>
	<i>Copiapoa atacamensis</i>	<i>C. longispina</i>
	<i>Copiapoa leonensis</i>	<i>C. mollicula</i>
		<i>C. solaris</i>
		<i>C. aphanes</i>
		<i>C. angustiflora</i>
		<i>C. esmeraldana</i>

Al seleccionar aquellas especies que cumplen más de un criterio de evaluación, las especies prioritarias serían: *C. aphanes*, *C. australis*, *C. leonensis*, *C. longispina*, *C. mollicula*, *C. humilis* subsp. *humilis*, *C. humilis* subsp. *tenuissima*, *C. humilis* subsp. *tocopillana* y *C. humilis* subsp. *varispinata*.

Copiapoa aphanes se distribuye al sur y al este de Taltal (Larridon et al. 2015), *C. australis* se distribuye con una extensión de presencia muy acotada cerca de Huasco, *C. leonensis* se distribuye al norte de Caldera, *C. longispina* se encuentra tierra adentro en las cercanías de Copiapó, *C. mollicula* se encuentran principalmente en el Parque Nacional Pan de Azúcar y, *C. humilis* y sus subespecies se concentran al norte de Taltal.

Dada las especies mencionadas, se podría establecer un ranking de las 9 especies prioritarias del género *Copiapoa* según los criterios ya mencionados basado en la distribución geográfica. Todas las especies cumplieron al menos dos criterios para ser colocadas en este ranking, que se encabezaría con *C. humilis* subsp. *tenuissima* al ser la única en estar presente en las tres categorías de la Tabla 2. De lo anterior, se desprende que todas las subespecies de *C. humilis* debieran ser consideradas como prioritarias en futuros planes de conservación. La especie que segunda en priorización sería *C. australis* al considerarse como una especie relictica que consta con una población de menos de 2000 individuos en una extensión de presencia extremadamente pequeña (<1000 km²) según lo reportado por Larridon et al. (2015) y además es la especie con mayor distintividad evolutiva dentro del género *Copiapoa*.

La tercera especie en la lista de prioridades es *C. aphanes* debido a que se ubica en Taltal junto a las subespecies del complejo *humilis* y tiene una distribución muy reducida. La cuarta prioridad es *C. leonensis* por su cercanía a Caldera, seguido por *C. longispina* que se ubica entre Copiapó y Huasco y finalmente *C. mollicula* al encontrarse sólo frente a Chañaral.

La diversidad filogenética ha sido utilizada como complemento en diversos estudios de conservación (Amaral et al. 2022; Prado et al. 2010; Mi et al. 2012). Amaral et al. (2022) realizaron un mapeo de patrones de biodiversidad a través de taxones y ambientes para sugerir áreas de importancia a ser conservadas. Usaron métricas como la diversidad filogenética (PD) para identificar zonas con altos niveles de PD que estuviera legalmente protegidas, donde se encontró que Chile comprende una parte sustancial de PD en conjunto a otros países donde sólo se está protegiendo menos del 10% de la biodiversidad de cactáceas (Amaral et al. 2022).

En otro estudio de Prado et al. (2010), se evaluó la diversidad filogenética como parte de otras métricas para comprender los patrones de diversidad en 82 cactáceas en la península de Baja California. Se encontró un importante porcentaje de diversidad filogenética (85,9%) que al sumarlo al nivel de endemismo de las cactáceas estudiadas permitió identificar especies prioritarias (Prado et al. 2010).

Mi et al. (2012) propusieron un enfoque (species rank abundance–stdPD (SAPD) curve) para evaluar la contribución de las especies raras en los valores de PD, donde sus resultados al integrar la métrica de distintividad evolutiva con la distribución de abundancia de rango de especies tenía una capacidad similar para evaluar la contribución de las especies de manera individual en comparación con la PD (Mi et al. 2012).

La elección de métricas e índices depende y se condiciona a la pregunta biológica que se desea responder, por lo que la diversidad filogenética (PD), distintividad evolutiva (ED), la riqueza de especies filogenética, entre otros, pueden contribuir a evaluar especies rara (Mi et al. 2012).

Los programas de conservación se benefician al incluir factores genéticos (Vandergast et al. 2022), y dado que existen diferentes criterios para seleccionar especies, ambientes o áreas como objetivos prioritarios, se podrían incluir en futuros análisis los patrones de distribución espacial de diversidad para priorizar un área con un alta concentración de

especies con distribución restringida o un área con una alta concentración de especies amenazadas (Lavor et al. 2020). Utilizar estos otros factores podría permitir obtener un plan de conservación basado en los criterios que este trabajo ha establecido y compararlo con la distribución geográfica de las especies de manera que sea un área la que se pueda conservar, esto debido a que más de la mitad de las especies de *Copiapoa* están con problemas de conservación y es necesario priorizar.

VIII. Conclusiones

Según las métricas e índices evaluadas en este estudio, el ranking de especies prioritarias basado en los índices de diversidad filogenética, en la métrica de distintividad evolutiva y en la categorización de peligro crítico propuesta en otro estudio, se debiera priorizar las siguientes especies (en orden de urgencia): *C. humilis* subsp. *tenuissima*, *C. humilis* subsp. *humilis*, *C. humilis* subsp. *tocopillana*, *C. humilis* subsp. *varispinata*, *C. australis*, *C. aphanes*, *C. leonensis*, *C. longispina* y *C. mollicula*.

Alrededor de un 24% de las especies del género *Copiapoa* están en este ranking como prioridad según los criterios mencionados, sin embargo, estas 9 especies tienen distribuciones relativamente cercanas y otras no. Por lo que, analizar la distribución geográfica de estas especies permitiría elegir zonas de mayor urgencia en la conservación. Se sugiere comenzar por evaluar Taltal y sus cercanías debido a que allí están todas las subespecies *humilis* y, además, en las cercanías se encuentra *C. aphanes*.

La hipótesis del presente trabajo, en efecto se cumple puesto que todas las especies del género *Copiapoa* presentaron bajos índices de diversidad filogenética en comparación a otros estudios en cactáceas donde se utilizó este índice, esto se sustenta del hecho de que cerca de un cuarto de ellas resultaron ser prioridad en conservación bajo los tres criterios evaluados.

La diversidad filogenética y la distintividad evolutiva son métricas utilizadas para potenciar una propuesta integral de conservación de especies, por tanto, es necesario integrar más factores a evaluar para obtener un plan de conservación del género de manera integral, eficiente y efectiva. Este trabajo propicia nuevas investigaciones donde se sugiere incluir evaluar la distribución de las 9 especies rankeadas con la finalidad de obtener una zona prioritaria del género *Copiapoa*.

Bibliografía

- Amaral DT, Bonatelli IAS, Romeiro-Brito M, Moraes EM, Franco FF (2022) Spatial patterns of evolutionary diversity in Cactaceae show low ecological representation within protected areas. *Biol Conserv* 273:109677. <https://doi.org/10.1016/J.BIOCON.2022.109677>
- Anderson EF (2001) *The cactus family*. Timber Press (OR)
- Arakaki M, Christin PA, Nyffeler R, Lendel A, Eggli U, Ogburn RM, Spriggs E, Moore MJ, Edwards EJ (2011) Contemporaneous and recent radiations of the world's major succulent plant lineages. *Proc Natl Acad Sci U S A* 108:8379–8384. https://doi.org/10.1073/PNAS.1100628108/SUPPL_FILE/ST05.DOC
- Arroyo MTK, Armesto JJ, Squeo FA (2008) Conservación de especies amenazadas a nivel global y regional. In Squeo FA, Arancio G, Gutiérrez JR [eds.] *Libro Rojo de la flora nativa y de los sitios prioritarios para su conservación: Región de Atacama*, 3–12. Ediciones Universidad de La Serena, La Serena, Chile.
- Arroyo MTK, Marquet P, Marticorena C, Simonetti J, Cavieres L, Squeo F, and Rozzi R (2005) Chilean winter rainfall—Valdivian forests. In Mittermeier RA, Robles Gil P, Hoffmann M, Pilgrim J, Brooks T, Goettsch Mittermeier C, Lamoreux J, Da Fonseca GAB [eds.] *Hotspots revisited: Earth's biologically richest and most endangered terrestrial ecoregions*, 99–103. University of Chicago Press, Chicago, USA.
- Bachman S, Lughadha N, Rivers M (2017). Quantifying progress toward a conservation assessment for all plants. *Conservation Biology*, 32. <https://doi.org/10.1111/cobi.13071>
- Backeberg C (1966) *Das Kakteenlexikon. Enumeratio diagnostica cactacearum*. Gustav Fischer Verlag, Jena, Germany.
- Bárcenas RT, Yesson C, Hawkins JA (2011) Molecular systematics of the Cactaceae. *Cladistics* 27:470–489. <https://doi.org/10.1111/J.1096-0031.2011.00350.X>
- Barnosky AD, Matzke N, Tomiya S, Wogan GOU, Swartz B, Quental TB, Marshall C, McGuire JL, Lindsey EL, Maguire KC, Mersey B, Ferrer EA (2011) Has the Earth's sixth mass extinction already arrived? *Nature* 471:51–57. <https://doi.org/10.1038/NATURE09678>

- Barthlott W, Hunt DR (1993) *Cactaceae*. In Kubitzki K, Rohwer JG, Bittrich V [eds.] The families and genera of vascular plants, vol. 2, 161–197. Springer Verlag, Berlin, Germany.
- Bremer B, Jansen RK, Oxelman B, Backlund M, Lantz H, Kim KJ (1999) More Characters or More Taxa for a Robust Phylogeny—Case Study from the Coffee Family (Rubiaceae). *Syst Biol* 48:413–435. <https://doi.org/10.1080/106351599260085>
- Breslin PB, Wojciechowski MF, Majure LC (2021) Molecular phylogeny of the Mammilloid clade (Cactaceae) resolves the monophyly of Mammillaria. *Taxon* 70:308–323. <https://doi.org/10.1002/TAX.12451>
- Britton NL, Rose JN (1922) The Cactaceae, vol. 3. Carnegie Institute, Washington D.C., USA.
- Bull AT, Asenjo JA, Goodfellow M, Gómez-Silva B (2016) The Atacama Desert: Technical Resources and the Growing Importance of Novel Microbial Diversity. *Annu Rev Microbiol* 70:215–234. <https://doi.org/10.1146/ANNUREV-MICRO-102215-095236>
- Byrne M (2003) Phylogenetics and the conservation of a diverse and ancient flora. *C R Biol* 326:73–79. [https://doi.org/10.1016/S1631-0691\(03\)00041-6](https://doi.org/10.1016/S1631-0691(03)00041-6)
- Chao A, Chiu CH, Jost L (2014) Unifying Species Diversity, Phylogenetic Diversity, Functional Diversity, and Related Similarity and Differentiation Measures Through Hill Numbers. <https://doi.org/10.1146/annurev-ecolsys-120213-091540> 45:297–324
- Cruz MÁ, Arias S, Terrazas T (2016) Molecular phylogeny and taxonomy of the genus *Disocactus* (Cactaceae), based on the DNA sequences of six chloroplast markers. <https://doi.org/10.3372/WI.46.46112> 46:145–164. <https://doi.org/10.3372/WI.46.46112>
- Delgado-Fernández, Flores E, Franklin JG&, Delgado-Fernández M, Escobar-Flores JG, Franklin K (2017) The Mexican giant cardon (*Pachycereus pringlei*) interactions with wildlife on the Baja California peninsula, Mexico. *Acta Univ* 27:11–18. <https://doi.org/10.15174/AU.2017.1274>
- Doweld AB (2002) On the phylogeny and systematics of the genus *Copiapoa* Britton et Rose. *Sukkulenty* 2001, series I–II 4: 46– 56.

- Duarte, M., Guerrero, P., Carvallo, G., & Bustamante, R. (2014). Conservation network design for endemic cacti under taxonomic uncertainty. *Biological Conservation*, 176, 236–242. <https://doi.org/10.1016/j.biocon.2014.05.028>
- Faith DP (1992) Conservation evaluation and phylogenetic diversity. *Biol Conserv* 61:1–10. [https://doi.org/10.1016/0006-3207\(92\)91201-3](https://doi.org/10.1016/0006-3207(92)91201-3)
- Faith DP, Veron S, Pavoine S, Pellens R (2018) Indicators for the expected loss of phylogenetic diversity. *Phylogenetic Diversity: Applications and Challenges in Biodiversity Science* 73–91. https://doi.org/10.1007/978-3-319-93145-6_4/TABLES/2
- Franck AR, Cochrane BJ, Garey JR (2012) Low-copy nuclear primers and *ycf1* primers in Cactaceae. *Am J Bot* 99. <https://doi.org/10.3732/AJB.1200128>
- Frankham R (2010) Challenges and opportunities of genetic approaches to biological conservation. *Biol Conserv* 143:1919–1927. <https://doi.org/10.1016/j.biocon.2010.05.011>
- Frankham R (2019) Conservation Genetics. *Encyclopedia of Ecology* 382–390. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-409548-9.10559-7>
- Franco-Estrada D, Sánchez D, Terrazas T, Arias S (2021) Phylogenetic analysis of *Peniocereus* (Cactaceae, Echinocereaceae) based on five chloroplast DNA markers. *Revista Brasileira de Botânica* 44:903–916. <https://doi.org/10.1007/S40415-021-00774-0/FIGURES/5>
- Goettsch B, Hilton-Taylor C, Cruz-Piñón G, Duffy JP, Frances A, Hernández HM, Inger R, Pollock C, Schipper J, Superina M, Taylor NP, Tognelli M, Abba AM, Arias S, Arreola-Nava HJ, Baker MA, Bárcenas RT, Barrios D, Braun P, Butterworth CA, Búrquez A, Caceres F, Chazaro-Basañez M, Corral-Díaz R, Del Valle Perea M, Demaio PH, Duarte De Barros WA, Durán R, Yancas LF, Felger RS, Fitz-Maurice B, Fitz-Maurice WA, Gann G, Gómez-Hinostrosa C, Gonzales-Torres LR, Patrick Griffith M, Guerrero PC, Hammel B, Heil KD, Hernández-Oria JG, Hoffmann M, Ishihara MI, Kiesling R, Larocca J, León-De La Luz JL, Loaiza S. CR, Lowry M, MacHado MC, Majure LC, Ávalos JGM, Martorell C, Maschinski J, Méndez E, Mittermeier RA, Nassar JM, Negrón-Ortiz V, Oakley LJ, Ortega-Baes P, Ferreira ABP, Pinkava DJ, Porter JM, Puente-Martínez R, Gamarra JR, Pérez PS, Martínez ES, Smith M, Manuel Sotomayor M Del C J, Stuart SN, Muñoz JLT, Terrazas T, Terry M, Trevisson M, Valverde T, Van Devender TR, Véliz-Pérez ME, Walter HE, Wyatt SA, Zappi D,

- Alejandro Zavala-Hurtado J, Gaston KJ (2015) High proportion of cactus species threatened with extinction. *Nature Plants* 2015 1:10 1:1–7. <https://doi.org/10.1038/nplants.2015.142>
- Gómez-Silva B, Batista-García RA (2022) The Atacama Desert: A Biodiversity Hotspot and Not Just a Mineral-Rich Region. *Front Microbiol* 13. <https://doi.org/10.3389/FMICB.2022.812842>
 - Guerrero PC, Durán AP, Walter HE (2011) Latitudinal and altitudinal patterns of the endemic cacti from the Atacama Desert to Mediterranean Chile. *J Arid Environ* 75:991–997. <https://doi.org/10.1016/J.JARIDENV.2011.04.036>
 - Guerrero PC, Majure LC, Cornejo-Romero A, Hernández-Hernández T (2019) Phylogenetic Relationships and Evolutionary Trends in the Cactus Family. *Journal of Heredity* 4–21. <https://doi.org/10.1093/jhered/esy064>
 - Guerrero PC, Walter HE, Arroyo MTK, Peña CM, Tamburrino I, De Benedictis M, Larridon I (2019) Molecular phylogeny of the large South American genus *Eriosyce* (Notocactaceae, Cactaceae): Generic delimitation and proposed changes in infrageneric and species ranks. *Taxon* 68:557–573. <https://doi.org/10.1002/TAX.12066>
 - Guerrero PC, Rosas M, Arroyo MTK, Wiens JJ (2013) Evolutionary lag times and recent origin of the biota of an ancient desert (Atacama-Sechura). *Proc Natl Acad Sci U S A* 110:11469–11474. https://doi.org/10.1073/PNAS.1308721110/SUPPL_FILE/SAPP.PDF
 - Gurvich DE, Zeballos SR, Demaio PH (2014) Diversity and composition of cactus species along an altitudinal gradient in the Sierras del Norte Mountains (Córdoba, Argentina). *undefined* 93:142–147. <https://doi.org/10.1016/J.SAJB.2014.03.018>
 - Hall TA (1999) BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT. *Nucl. Acids. Symp. Ser.* 41:95-98.
 - Helmus MR, Ives AR (2012) Phylogenetic diversity–area curves. *Ecology* 93: S31–S43. <https://doi.org/10.1890/11-0435.1>
 - Hernández-Hernández T, Brown JW, Schlumpberger BO, Eguiarte LE, Magallón S (2014) Beyond aridification: multiple explanations for the elevated diversification of cacti in the New World Succulent Biome. *New Phytologist* 202:1382–1397. <https://doi.org/10.1111/NPH.12752>

- Hernández-Hernández T, Hernández HM, De-Nova JA, Puente R, Eguiarte LE, Magallón S. 2011. Phylogenetic relationships and evolution of growth form in Cactaceae (Caryophyllales, Eudicotyledoneae). *American Journal of Botany* 98: 44–61
- Hey J, Waples RS, Arnold ML, Butlin RK, Harrison RG (2003) Understanding and confronting species uncertainty in biology and conservation. *Trends Ecol Evol* 18:597–603. <https://doi.org/10.1016/j.tree.2003.08.014>
- Hoffmann AE, Walter HE (2004) *Cactáceas en la flora silvestre de Chile*, 2nd ed. Fundación Claudio Gay, Santiago, Chile.
- Hunt D, Taylor N, Charles G (2014) *The new cactus lexicon*, 2nd ed. Atlas. DH Books, Milborne Port, UK
- Isaac NJB, Mallet J, Mace GM (2004) Taxonomic inflation: Its influence on macroecology and conservation. *Trends Ecol Evol* 19:464–469. <https://doi.org/10.1016/j.tree.2004.06.004>
- Isaac NJB, Turvey ST, Collen B, Waterman C, Baillie JEM (2007) Mammals on the EDGE: Conservation priorities based on threat and phylogeny. *PLoS One* 2. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0000296>
- IUCN (2015) 2014 Annual Report of the Species Survival Commission and the Global Species Programme. *Species*, 56, 212. In www.naturebureau.co.uk
- Jara-Arancio P, Arroyo MTK, Guerrero PC, Hinojosa LF, Arancio G, Méndez MA (2014) Phylogenetic perspectives on biome shifts in *Leucocoryne* (Alliaceae) in relation to climatic niche evolution in western South America. *J Biogeogr* 41:328–338. <https://doi.org/10.1111/JBI.12186>
- Katoh K, Rozewicki J, Yamada KD (2018) MAFFT online service: Multiple sequence alignment, interactive sequence choice and visualization. *Brief Bioinform* 20:1160–1166. <https://doi.org/10.1093/bib/bbx108>
- Kembel SW, Cowan PD, Helmus MR, Cornwell WK, Morlon H, Ackerly DD, Blomberg SP, Webb CO (2010) Picante: R tools for integrating phylogenies and ecology. *Bioinformatics* 26:1463-1464
- Korotkova N, Zabel L, Quandt D, Barthlott W (2010) A phylogenetic analysis of Pfeiffera and the reinstatement of *Lymanbensonia* as an independently evolved

- lineage of epiphytic Cactaceae within a new tribe Lymanbensonieae. <https://doi.org/10.3372/WI.40.40201>
- Kumar S, Stecher G, Li M, Knyaz C, Tamura K (2018) MEGA X: Molecular Evolutionary Genetics Analysis across Computing Platforms. *Mol Biol Evol* 35:1547. <https://doi.org/10.1093/MOLBEV/MSY096>
 - Kuraku S, Zmasek CM, Nishimura O, Katoh K (2013) aLeaves facilitates on-demand exploration of metazoan gene family trees on MAFFT sequence alignment server with enhanced interactivity. *Nucleic Acids Res* 41:W22–W28. <https://doi.org/10.1093/NAR/GKT389>
 - Larridon I, Shaw K, Cisternas MA, Paizanni Guillén A, Sharrock S, Oldfield S, Goetghebeur P, Samain MS (2014) Is there a future for the Cactaceae genera *Copiapoa*, *Eriocyce* and *Eulychnia*? A status report of a prickly situation. *Biodiversity and Conservation* 2014 23:5 23:1249–1287. <https://doi.org/10.1007/S10531-014-0664-Z>
 - Larridon I, Walter HE, Guerrero PC, Duarte M, Cisternas MA, Hernández CP, Bauters K, Asselman P, Goetghebeur P, Samain MS (2015) An integrative approach to understanding the evolution and diversity of *Copiapoa* (Cactaceae), a threatened endemic Chilean genus from the Atacama Desert. *Am J Bot* 102:1506–1520. <https://doi.org/10.3732/AJB.1500168>
 - Lavor P, Pereira MA, Pinto MP, Versieux LM, Calvente A (2020) Conservation, spatial distribution, and endemism of *Pilosocereus* cacti in xeric environments of the Neotropics. *J Nat Conserv* 55:125825. <https://doi.org/10.1016/J.JNC.2020.125825>
 - Massante JC, Götzenberger L, Takkis K, Hallikma T, Kaasik A, Laanisto L, Hutchings MJ, Gerhold P (2019) Contrasting latitudinal patterns in phylogenetic diversity between woody and herbaceous communities. *Scientific Reports* 2019 9:1 9:1–10. <https://doi.org/10.1038/s41598-019-42827-1>
 - Médail F, Baumel A (2018) Using phylogeography to define conservation priorities: The case of narrow endemic plants in the Mediterranean Basin hotspot. *Biol Conserv* 224:258–266. <https://doi.org/10.1016/J.BIOCON.2018.05.028>
 - Merklinger FF, Böhnert T, Arakaki M, Weigend M, Quandt D, Luebert F (2021) Quaternary diversification of a columnar cactus in the driest place on earth. *Am J Bot* 108:184–199. <https://doi.org/10.1002/AJB2.1608>

- Mi X, Swenson NG, Valencia R, John Kress W, Erickson DL, Pérez ÁJ, Ren H, Su SH, Gunatilleke N, Gunatilleke S, Hao Z, Ye W, Cao M, Suresh HS, Dattaraja HS, Sukumar R, Ma K (2012) The contribution of rare species to community phylogenetic diversity across a global network of forest plots. *American Naturalist* 180:17–30. https://doi.org/10.1086/665999/ASSET/IMAGES/LARGE/FG6_ONLINE.JPEG
- Moreira-Muñoz A (2011) Cactaceae, a Weird Family and Postmodern Evolution. 197–220. https://doi.org/10.1007/978-90-481-8748-5_7
- Morrison WR, Lohr JL, Duchon P, Wilches R, Trujillo D, Mair M, Renner SS (2009) The impact of taxonomic change on conservation: Does it kill, can it save, or is it just irrelevant? *Biol Conserv* 142:3201–3206. <https://doi.org/10.1016/J.BIOCON.2009.07.019>
- Myers N, Mittermeyer RA, Mittermeyer CG, Da Fonseca GAB, Kent J (2000) Biodiversity hotspots for conservation priorities. *Nature* 2000 403:6772 403:853–858. <https://doi.org/10.1038/35002501>
- Nuwer R (2021) Global Cactus Traffickers Are Cleaning Out the Deserts. *The New York Times*. <https://www.nytimes.com/2021/05/20/science/cactus-trafficking-chile.html>. Accessed 30 July 2023
- Nyffeler R (2002) Phylogenetic relationships in the cactus family (Cactaceae) based on evidence from trnK/matK and trnL-trnF sequences. *American Journal of Botany* 89: 312– 326.
- Nyffeler R, Eggli U (2010) A farewell to dated ideas and concepts—Molecular phylogenetics and a revised suprageneric classification of the family Cactaceae. *Schumannia* 6: 109– 149.
- Olson DM, Dinerstein E, Wikramanayake ED, Burgess ND, Powell GV, Underwood ED, D’Amico JA, et al. (2001) Terrestrial Ecoregions of the World: A New Map of Life on Earth: A new global map of terrestrial ecoregions provides an innovative tool for conserving biodiversity, *BioScience*, 51: 933–938 [https://doi.org/10.1641/0006-3568\(2001\)051\[0933:TEOTWA\]2.0.CO;2](https://doi.org/10.1641/0006-3568(2001)051[0933:TEOTWA]2.0.CO;2)
- Ortega-Baes P, Godínez-Alvarez H (2006) Global diversity and conservation priorities in the cactaceae. *Biodivers Conserv* 15:817–827. <https://doi.org/10.1007/S10531-004-1461-X/METRICS>

- Ortega-Baes P, Sühling S, Sajama J, Sotola E, Alonso-Pedano M, Bravo S, Godínez-Alvarez H (2010) Diversity and conservation in the cactus family. *Desert Plants: Biology and Biotechnology* 157–173. https://doi.org/10.1007/978-3-642-02550-1_8/COVER
- Paradis E, Schliep K (2019) ape 5.0: an environment for modern phylogenetics and evolutionary analyses in R. *Bioinformatics* 35:526–528. <https://doi.org/10.1093/BIOINFORMATICS/BTY633>
- Pérez-Quezada J, Rodrigo P (2018) Metodologías aplicadas para la conservación de la biodiversidad en Chile. In: <https://repositorio.uchile.cl/handle/2250/171793> Accessed 10 Jun 2022
- Pimm SL, Joppa LN (2015) How Many Plant Species are There, Where are They, and at What Rate are They Going Extinct? <https://doi.org/10.1034/172012018> 100:170–176. <https://doi.org/10.3417/2012018>
- Pizarro-Araya J, Villalobos E V., Alfaro FM, Moreira-Muñoz A (2023) Conservation efforts in need of survey improvement in epigeal beetles from the Atacama coast, Chile. *J Arid Environ* 214:104995. <https://doi.org/10.1016/J.JARIDENV.2023.104995>
- Prado A, Hawkins JA, Yesson C, Bárcenas RT (2010) Multiple diversity measures to identify complementary conservation areas for the Baja California peninsular cacti. *Biol Conserv* 143:1510–1520. <https://doi.org/10.1016/J.BIOCON.2010.03.033>
- Pressey RL, Mills M, Weeks R, Day JC (2013) The plan of the day: Managing the dynamic transition from regional conservation designs to local conservation actions. *Biol Conserv* 166:155–169. <https://doi.org/10.1016/J.BIOCON.2013.06.025>
- R Core Team (2022) R: A language and environment for statistical computing (Version 4.3.0) [Software]. Viena, Austria: R Foundation for Statistical Computing.
- Rambaut A (2007) FigTree v.1.4.4 Tree Figure Drawing Tool, Institute of Evolutionary Biology In: <http://tree.bio.ed.ac.uk>
- Ritter F (1980) Kakteen in Südamerika, Band 3. Friedrich Ritter Selbstverlag [self-published], Spangenberg, Germany.
- Ronquist, F, Teslenko M, van der Mark P, Ayres DL, Darling A, Höhna S, Larget B, et al. (2012) MrBayes 3.2: Efficient Bayesian phylogenetic inference and model choice across a large model space. *Systematic Biology* 61: 539– 542.

- RStudio Team (2022) RStudio: Integrated Development Environment for R (Version 4.3.0) [Software]. Boston, MA, USA: RStudio, PBC.
- Scherson RA, Luebert F, Pliscoff P, Fuentes-Castillo T (2020) Flora of the hot deserts: emerging patterns from phylogeny-based diversity studies. *Am J Bot* 107:1467–1469. <https://doi.org/10.1002/AJB2.1555>
- Schussler EE, Link-Pérez MA, Weber KM, Dollo VH (2010) Exploring plant and animal content in elementary science textbooks. *J Biol Educ* 44:123–128. <https://doi.org/10.1080/00219266.2010.9656208>
- Shaw J, Lickey EB, Schilling EE, Small RL (2007) Comparison of whole chloroplast genome sequences to choose noncoding regions for phylogenetic studies in angiosperms: the tortoise and the hare III. *Am J Bot* 94:275–288. <https://doi.org/10.3732/AJB.94.3.275>
- Srivastava DS, Cadotte MW, Macdonald AAM, Marushia RG, Mirotnick N (2012) Phylogenetic diversity and the functioning of ecosystems. *Ecol Lett* 15:637–648. <https://doi.org/10.1111/J.1461-0248.2012.01795.X>
- Sun T, Bao H, Reich M, Hemming SR (2018) More than ten million years of hyper-aridity recorded in the Atacama Gravels. *Geochim Cosmochim Acta* 227:123–132. <https://doi.org/10.1016/J.GCA.2018.02.021>
- Swenson NG, Worthy SJ (2018) Phylogenetic resolution and metrics of biodiversity and signal in conservation. *Phylogenetic Diversity: Applications and Challenges in Biodiversity Science* 93–110. https://doi.org/10.1007/978-3-319-93145-6_5/FIGURES/8
- Tucker CM, Cadotte MW, Davies TJ, Rebelo TG (2012) Incorporating Geographical and Evolutionary Rarity into Conservation Prioritization. *Conservation Biology* 26:593–601. <https://doi.org/10.1111/J.1523-1739.2012.01845.X>
- Van Jaarsveld AS, Freitag S, Chown SL, Muller C, Koch S, Hull H, Bellamy C, Krüger M, Endrödy-Younga S, Mansell MW, Scholtz CH (1998) Biodiversity assessment and conservation strategies. *Science* (1979) 279:2106–2108. https://doi.org/10.1126/SCIENCE.279.5359.2106/SUPPL_FILE/975464.XHTML
- Vandergast AG, Kus BE, Smith JG, Mittelberg A (2022) Recent declines in genetic diversity with limited dispersal among coastal cactus wren populations in San Diego County, California. *Conserv Sci Pract* 4:e12780. <https://doi.org/10.1111/CSP2.12780>

- Vane-Wright RI, Humphries CJ, Williams PH (1991) What to protect?—Systematics and the agony of choice. *Biol Conserv* 55:235–254. [https://doi.org/10.1016/0006-3207\(91\)90030-D](https://doi.org/10.1016/0006-3207(91)90030-D)
- Vázquez-Sánchez M, Terrazas T, Arias S, Ochoterena H (2013) Molecular phylogeny, origin and taxonomic implications of the tribe Cacteeae (Cactaceae). <http://dx.doi.org/101080/147720002013775191>
- Vences MA, Miralles S, Brouillet J, Ducasse A, Fedosov V, Kharchev I, Kostadinov S, Kumari S, Patmanidis MD, Scherz N, Puillandre MD, Renner SS (2021) Concatenaror iTaxoTools 0.1: Kickstarting a specimen-based software toolkit for taxonomists. - *Megataxa* 6: 77-92
- Veron S, Davies TJ, Cadotte MW, Clergeau P, Pavoine S (2017) Predicting loss of evolutionary history: Where are we? *Biological Reviews* 92:271–291. <https://doi.org/10.1111/BRV.12228>
- Villalobo A (2023) Impulsores antropogénicos y abióticos del aumento del riesgo de extinción de *Copiapoa* (Cactaceae). Tesis de Magister en Ciencias y Recursos Naturales con Mención en Botánica, Universidad de Concepción, Concepción, Chile
- Walter HE, Guerrero PC (2022) Towards a unified taxonomic catalogue for the Chilean cacti: assembling molecular systematics and classical taxonomy. *Phytotaxa* 550. <https://doi.org/10.11646/PHYTOTAXA.550.2.1>
- Ward D (2016) *The biology of deserts*. Oxford University Press, New York, NY, USA
- Warnes G, Bolker B, Bonebakker L, Gentleman R, Huber W, Liaw A, Lumley T, Maechler M, Magnusson A, Moeller S, Schwartz M, Venables B (2022). *_gplots: Various R Programming Tools for Plotting Data_*. R package version 3.1.3, In: <https://CRAN.R-project.org/package=gplots>
- Wickham H (2016) *ggplot2: Elegant Graphics for Data Analysis*. Springer-Verlag New York, In: <https://ggplot2.tidyverse.org>
- Zappi D, Taylor N (2011) A new species of *Pilosocereus* subgenus *Gounellea*, *P. frewenii*, from SE Brazil. <https://doi.org/1025223/brad.n292011.a16> 2011:131–136. <https://doi.org/10.25223/BRAD.N29.2011.A16>

Anexos

ANEXO 1 Selección de secuencias para alineamientos y posterior obtención de árbol filogenético con 94 secuencias en total. EXSIS (The EXSIS Project: cactaceae ex-situ & in-situ conservation, Buin, Chile), DES (Desert Botanical Garden, Phoenix, AZ, USA), ANT (Jardín Botánico Aguas Antofagasta, Antofagasta, Chile), Larridon (I. Larridon & M. A. Cisternas obtenidas de herbario CONC, GENT), JBN (Jardín Botánico Nacional, Viña del Mar, Chile), Laboratorio BIOMAS (Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción, Concepción, Chile).

N°	Nombre científico	<i>ycf1</i>	<i>rpl32-trnL</i>	VOUCHER
1	<i>Copiapoa angustiflora</i>	LN868169	LN868067	Cultivated, EXSIS, no voucher
2	<i>Copiapoa aphanes</i>	LN868152	LN868050	Cultivated, EXSIS HW 241
3		LN868153	LN868051	Cultivated, EXSIS HW 240
4		LN868154	LN868052	Cultivated, XX-0-BR-19720862
5	<i>Copiapoa armata</i>	LN868181	LN868072	I. Larridon & M. A. Cisternas 2013-242 (CONC, GENT)
6	<i>Copiapoa atacamensis</i>	-	LN868177	Cultivated, EXSIS HW 84
7	<i>Copiapoa australis</i>	OR349204*	OR349196*	Laboratorio BIOMAS, Universidad de Concepción
8	(<i>Copiapoa humilis australis</i>)	LN868111	-	Cultivated, EXSIS HW 460
9	<i>Copiapoa calderana</i>	OR349206*	OR349198*	Laboratorio BIOMAS, Universidad de Concepción
10	<i>Copiapoa cinerascens</i>	LN868148	LN868048	I. Larridon et al. 2013-167 (CONC, GENT)
11	<i>Copiapoa cinerea</i> subsp. <i>cinerea</i>	LN868118	LN868021	Cultivated, JBN Co-ci-al-4-0092J

12		LN868119	LN868022	I. Larridon et al. 2013-056 (CONC, GENT)
13		LN868120	LN868023	I. Larridon et al. 2013-115 (CONC, GENT)
14	<i>Copiapoa cinerea</i> subsp. <i>columna-</i> <i>alba</i>	LN868121	LN868024	I. Larridon et al. 2013-140 (CONC, GENT)
15		LN868122	LN868025	I. Larridon et al. 2013-144 (CONC, GENT)
16		LN868123	LN868026	I. Larridon et al. 2013-150 (CONC, GENT)
17		LN868124	LN868027	I. Larridon et al. 2013-151 (CONC, GENT)
18	<i>Copiapoa cinerea</i> subsp. <i>krainziana</i>	LN868125	LN868028	I. Larridon et al. 2013-075 (CONC, GENT)
19		LN868126	LN868029	I. Larridon et al. 2013-077 (CONC, GENT)
20		LN868127	LN868030	I. Larridon et al. 2013-087 (CONC, GENT)
21		LN868128	LN868031	Cultivated, XX-0-BR-19720510
22		LN868130	LN868033	Cultivated, JBN Co-kr-6-0092J
23		LN868132	LN868035	Cultivated, DES 1996-0129-10-14 (F. Kattermann 1073)
24		LN868131	LN868034	Cultivated, CHE 2007-0020
25		LN868129	LN868032	Cultivated, ROT 2945
26	<i>Copiapoa</i> <i>conglomerata</i>	LN868145	LN868045	I. Larridon et al. 2013-017 (CONC, GENT)
27		LN868146	LN868046	Cultivated, ANT, no voucher
28	<i>Copiapoa</i> <i>coquimbana</i>	LN868191	LN868082	Cultivated, CL-0-GENT-19780047

29		LN868192	LN868083	Cultivated, DES 1996-0128-10-16 (E. F. Anderson 6299)
30	<i>Copiapoa dealbata</i>	LN868188	LN868079	I. Larridon & M. A. Cisternas 2013-217 (CONC, GENT)
31		LN868189	LN868080	I. Larridon & M. A. Cisternas 2013-218 (CONC, GENT)
32		LN868190	LN868081	I. Larridon & M. A. Cisternas 2013-219 (CONC, GENT)
33	<i>Copiapoa decorticans</i>	LN868147	LN868047	Cultivated, EXSIS, no voucher
34	<i>Copiapoa desertorum</i>	LN868157	LN868055	I. Larridon et al. 2013-155 (CONC, GENT)
35		LN868158	LN868056	I. Larridon et al. 2013-159 (CONC, GENT)
36		LN868159	LN868057	I. Larridon et al. 2013-160 (CONC, GENT)
37		LN868160	LN868058	I. Larridon et al. 2013-164 (CONC, GENT)
38		LN868155	LN868053	Cultivated, JBN, no voucher
39		LN868156	LN868054	Cultivated, DES 1997-0142-01 (E. F. Anderson 6359 & F. Kattermann 1087)
40	<i>Copiapoa echinoides</i>	LN868193	LN868084	I. Larridon & M. A. Cisternas 2013-192 (CONC, GENT)
41		LN868194	LN868085	I. Larridon & M. A. Cisternas 2013-194 (CONC, GENT)
42		LN868195	LN868086	I. Larridon & M. A. Cisternas 2013-199 (CONC, GENT)
43		LN868196	LN868087	I. Larridon & M. A. Cisternas 2013-204 (CONC, GENT)
44		LN868197	LN868088	I. Larridon & M. A. Cisternas 2013-209 (CONC, GENT)

45		LN868198	LN868089	I. Larridon & M. A. Cisternas 2013-214 (CONC, GENT)
46		LN868199	LN868090	Cultivated, JBN Cp-ek-ek-1-0092J
47	<i>Copiapoa esmeraldana</i>	LN868170	LN868068	Cultivated, EXSIS, no voucher
48	<i>Copiapoa fiedleriana</i>	LN868182	LN868073	I. Larridon & M. A. Cisternas 2013-215 (CONC, GENT)
49		LN868183	LN868074	I. Larridon & M. A. Cisternas 2013-220 (CONC, GENT)
50		LN868184	LN868075	I. Larridon & M. A. Cisternas 2013-222 (CONC, GENT)
51		LN868187	LN868078	Cultivated, JBN Cp-co-fl-1-40092J
52		LN868185	LN868076	Cultivated, DES 2002-0154-01-01 (F. Kattermann 57)
53	<i>Copiapoa gigantea</i>	LN868135	LN868036	I. Larridon et al. 2013-020 (CONC, GENT)
54		LN868136	LN868037	I. Larridon et al. 2013-028 (CONC, GENT)
55		LN868137	LN868038	I. Larridon et al. 2013-031 (CONC, GENT)
56		LN868138	LN868039	I. Larridon et al. 2013-034 (CONC, GENT)
57		LN868139	LN868040	I. Larridon et al. 2013-039 (CONC, GENT)
58		LN868140	LN868041	I. Larridon et al. 2013-047 (CONC, GENT)
59		LN868141	LN868042	Cultivated, ANT, no voucher
60		LN868142	LN868043	Cultivated, DES 1997-0159-01-03 (E. F. Anderson 6339 & F. Kattermann 1064)
62	<i>Copiapoa grandiflora</i>	LN868167	LN868065	Cultivated, ANT, no voucher

62		LN868168	LN868066	JBN Cp-ci-gr-10-0092JF
63	<i>Copiapoa humilis</i> subsp. <i>humilis</i>	LN868113	LN868017	Cultivated, ANT, no voucher
64	<i>Copiapoa humilis</i> subsp. <i>tenuissima</i>	LN868114	LN868018	Cultivated, Z 12 0149 /0 (F. Ritter 539)
65		LN868115	-	Cultivated, EXSIS HW 86
66	<i>Copiapoa humilis</i> subsp. <i>tocopillana</i>	LN868116	LN868019	Cultivated, ANT, no voucher
67	<i>Copiapoa humilis</i> subsp. <i>varispinata</i>	LN868117	LN868020	Cultivated, EXSIS, no voucher
68	<i>Copiapoa hypogaea</i>	LN868173	-	Cultivated, EXSIS HW 414
69		LN868174	LN868071	Cultivated, DES 1992-0061-01-02
70	<i>Copiapoa laui</i>	LN868112	LN868016	Cultivated, DES 1997-0172-01-01 (E. F. Anderson 6328 & F. Kattermann 1053)
71	<i>Copiapoa leonensis</i>	OR349205*	OR349197*	Laboratorio BIOMAS, Universidad de Concepción
72	<i>Copiapoa longispina</i>	OR349207*	OR349199*	Laboratorio BIOMAS, Universidad de Concepción
73		LN868143	-	Cultivated, EXSIS HW 548
74	<i>Copiapoa longistaminea</i>	LN868149	LN868049	Cultivated, EXSIS HW 252
75	<i>Copiapoa marginata</i>	OR349208*	OR349200*	Laboratorio BIOMAS, Universidad de Concepción
76	<i>Copiapoa megarhiza</i>	LN868144	LN868044	Cultivated, JBN Cp-me-me-2-0092J
77	<i>Copiapoa mollicula</i>	LN868171	LN868069	Cultivated, DES 1996-0133-10-02 (E. F. Anderson 6334 & F. Kattermann 1059)
78	<i>Copiapoa montana</i>	LN868172	LN868070	Cultivated, Z 90 3025 /0 (K. Knize 657)
79	<i>Copiapoa rupestris</i>	LN868161	LN868059	I. Larridon et al. 2013-120 (CONC, GENT)

80		LN868162	LN868060	I. Larridon et al. 2013-122 (CONC, GENT)
81		LN868163	LN868061	I. Larridon et al. 2013-126 (CONC, GENT)
82		LN868164	LN868062	I. Larridon et al. 2013-128 (CONC, GENT)
83		LN868165	LN868063	I. Larridon et al. 2013-130 (CONC, GENT)
84		LN868166	LN868064	I. Larridon et al. 2013-134 (CONC, GENT)
85	<i>Copiapoa serpentisulcata</i>	OR349210*	OR349202*	Laboratorio BIOMAS, Universidad de Concepción
86	<i>Copiapoa solaris</i>	LN868108	LN868013	I. Larridon et al. 2013-001 (CONC, GENT)
87		LN868109	LN868014	I. Larridon et al. 2013-006 (CONC, GENT)
88		LN868110	LN868015	I. Larridon et al. 2013-007 (CONC, GENT)
89		LN868107	-	Cultivated, ANT, no voucher
90	<i>Copiapoa taltalensis</i>	OR349211*	OR349203*	Laboratorio BIOMAS, Universidad de Concepción
91		LN868151	-	Cultivated, EXSIS HW 441
92	<i>Blossfeldia liliputana</i>	LN868092	LN867998	Cultivated, XX-0-BR-1992101023
93	<i>Calymmanthium substerile</i>	LN868106	LN868012	Cultivated, XX-0-BR-19891571
94	<i>Eriosyce aurata</i>	LN868098	LN868004	I. Larridon & M. A. Cisternas 2013-223 (CONC, GENT)

* Secuencias nuevas y originales de este trabajo subidas a la plataforma BankIt de NCBI

ANEXO 2 Selección de secuencias para alineamientos y posterior obtención de árbol filogenético con 40 secuencias en total. EXSIS (The EXSIS Project: cactaceae ex-situ & in-situ conservation, Buin, Chile), DES (Desert Botanical Garden, Phoenix, AZ, USA), ANT (Jardín Botánico Aguas Antofagasta, Antofagasta, Chile), Larridon (I. Larridon & M. A. Cisternas obtenidas de herbario CONC, GENT), JBN (Jardín Botánico Nacional, Viña del Mar, Chile), Laboratorio BIOMAS (Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción, Concepción, Chile).

N°	Nombre científico	<i>ycf1</i>	<i>rpl32-trnL</i>	VOUCHER
1	<i>Copiapoa angustiflora</i>	LN868169	LN868067	Cultivated, EXSIS, no voucher*
2	<i>Copiapoa aphanes</i>	LN868152	LN868050	Cultivated, EXSIS HW 241*
3	<i>Copiapoa armata</i>	LN868181	LN868072	I. Larridon & M. A. Cisternas 2013-242 (CONC, GENT)
4	<i>Copiapoa atacamensis</i>	LN868177	-	Cultivated, EXSIS HW 84
5	<i>Copiapoa australis</i>	OR349204*	OR349196*	Laboratorio BIOMAS, Universidad de Concepción
6	<i>Copiapoa calderana</i>	OR349206*	OR349198*	Laboratorio BIOMAS, Universidad de Concepción
7	<i>Copiapoa cinerascens</i>	LN868148	LN868048	I. Larridon et al. 2013-167 (CONC, GENT)
8	<i>Copiapoa cinerea</i> subsp. <i>cinerea</i>	LN868119	LN868022	I. Larridon et al. 2013-056 (CONC, GENT)
9	<i>Copiapoa cinerea</i> subsp. <i>columna-alba</i>	LN868121	LN868024	I. Larridon et al. 2013-140 (CONC, GENT)
10	<i>Copiapoa cinerea</i> subsp. <i>krainziana</i>	LN868125	LN868028	I. Larridon et al. 2013-075 (CONC, GENT)

11	<i>Copiapoa conglomerata</i>	LN868145	LN868045	I. Larridon et al. 2013-017 (CONC, GENT)
12	<i>Copiapoa coquimbana</i>	LN868191	LN868082	Cultivated, CL-0-GENT-19780047
13	<i>Copiapoa dealbata</i>	LN868188	LN868079	I. Larridon & M. A. Cisternas 2013-217 (CONC, GENT)
14	<i>Copiapoa decorticans</i>	LN868147	LN868047	Cultivated, EXSIS, no voucher
15	<i>Copiapoa desertorum</i>	LN868158	LN868056	I. Larridon et al. 2013-159 (CONC, GENT)
16	<i>Copiapoa echinoides</i>	LN868193	LN868084	I. Larridon & M. A. Cisternas 2013-192 (CONC, GENT)
17	<i>Copiapoa esmeraldana</i>	LN868170	LN868068	Cultivated, EXSIS, no voucher
18	<i>Copiapoa fiedleriana</i>	LN868183	LN868074	I. Larridon & M. A. Cisternas 2013-220 (CONC, GENT)
19	<i>Copiapoa gigantea</i>	LN868135	LN868036	I. Larridon et al. 2013-020 (CONC, GENT)
20	<i>Copiapoa grandiflora</i>	LN868167	LN868065	Cultivated, ANT, no voucher
21	<i>Copiapoa humilis</i> subsp. <i>humilis</i>	LN868113	LN868017	Cultivated, ANT, no voucher
22	<i>Copiapoa humilis</i> subsp. <i>tenuissima</i>	LN868114	LN868018	Cultivated, Z 12 0149 /0 (F. Ritter 539)
23	<i>Copiapoa humilis</i> subsp. <i>tocopillana</i>	LN868116	LN868019	Cultivated, ANT, no voucher
24	<i>Copiapoa humilis</i> subsp. <i>varispinata</i>	LN868117	LN868020	Cultivated, EXSIS, no voucher

25	<i>Copiapoa hypogaea</i>	LN868174	LN868071	Cultivated, DES 1992-0061-01-02
26	<i>Copiapoa laui</i>	LN868112	LN868016	Cultivated, DES 1997-0172-01-01 (E. F. Anderson 6328 & F. Kattermann 1053)
27	<i>Copiapoa leonensis</i>	OR349205*	OR349197*	Laboratorio BIOMAS, Universidad de Concepción
28	<i>Copiapoa longispina</i>	OR349207*	OR349199*	Laboratorio BIOMAS, Universidad de Concepción
29	<i>Copiapoa longistaminea</i>	LN868149	LN868049	Cultivated, EXSIS HW 252
30	<i>Copiapoa marginata</i>	OR349208*	OR349200*	Laboratorio BIOMAS, Universidad de Concepción
31	<i>Copiapoa megarhiza</i>	LN868144	LN868044	Cultivated, JBN Cp-me-me-2-0092J
32	<i>Copiapoa mollicula</i>	LN868171	LN868069	Cultivated, DES 1996-0133-10-02 (E. F. Anderson 6334 & F. Kattermann 1059)
33	<i>Copiapoa montana</i>	LN868172	LN868070	Cultivated, Z 90 3025 /0 (K. Knize 657)
34	<i>Copiapoa rupestris</i>	LN868161	LN868059	I. Larridon et al. 2013-120 (CONC, GENT)
35	<i>Copiapoa serpentisulcata</i>	OR349210*	OR349202*	Laboratorio BIOMAS, Universidad de Concepción
36	<i>Copiapoa solaris</i>	LN868109	LN868014	I. Larridon et al. 2013-006 (CONC, GENT)

37	<i>Copiapoa taltalensis</i>	OR349211*	OR349203*	Laboratorio Universidad Concepción	BIOMAS, de
38	<i>Blossfeldia liliputana</i>	LN868092	LN867998	Cultivated, 1992101023	XX-0-BR-
39	<i>Calymmanthium substerile</i>	LN868106	LN868012	Cultivated, 19891571	XX-0-BR-
40	<i>Eriogyne aurata</i>	LN868098	LN868004	I. Larridon Cisternas (CONC, GENT)	& M. A. 2013-223

* Secuencias nuevas y originales de este trabajo subidas a la plataforma BankIt de NCBI

ANEXO 4 Resultados diversidad filogenética de Faith (1992). PD entiéndase como diversidad filogenética: Phylogenetic Diversity (PD)

Especie	PD
<i>Copiapoa leonensis</i>	0.1200002
<i>Copiapoa serpentisulcata</i>	0.1191189
<i>Copiapoa australis</i>	0.1068940
<i>Copiapoa calderana</i>	0.1168780
<i>Copiapoa marginata</i>	0.1169621
<i>Copiapoa longispina</i>	0.1168276
<i>Copiapoa taltalensis</i>	0.1144291
<i>Copiapoa atacamensis</i>	0.1200888
<i>Copiapoa cinerea</i> subsp. <i>cinerea</i>	0.1203591
<i>Copiapoa cinerea</i> subsp. <i>columna-alba</i>	0.1203854
<i>Copiapoa cinerea</i> subsp. <i>krainziana</i>	0.1199595
<i>Copiapoa gigantea</i>	0.1195106
<i>Copiapoa desertorum</i>	0.1195749
<i>Copiapoa rupestris</i>	0.1197103
<i>Copiapoa aphanes</i>	0.1201528
<i>Copiapoa echinoides</i>	0.1196325
<i>Copiapoa fiedleriana</i>	0.1171666
<i>Copiapoa humilis</i> subsp. <i>humilis</i>	0.1203897
<i>Copiapoa humilis</i> subsp. <i>tenuissima</i>	0.1203826
<i>Copiapoa humilis</i> subsp. <i>tocopillana</i>	0.1203759
<i>Copiapoa humilis</i> subsp. <i>varispinata</i>	0.1203823
<i>Copiapoa dealbata</i>	0.1202637
<i>Copiapoa solaris</i>	0.1168825
<i>Copiapoa grandiflora</i>	0.1199015
<i>Copiapoa hypogaea</i>	0.1192938
<i>Copiapoa conglomerata</i>	0.1190422
<i>Copiapoa coquimbana</i>	0.1188903

<i>Copiapoa megarhiza</i>	0.1190978
<i>Copiapoa cinerascens</i>	0.1199459
<i>Copiapoa longistaminea</i>	0.1203860
<i>Copiapoa montana</i>	0.1197407
<i>Copiapoa angustiflora</i>	0.1197485
<i>Copiapoa mollicula</i>	0.1203672
<i>Copiapoa decorticans</i>	0.1195294
<i>Copiapoa armata</i>	0.1193043
<i>Copiapoa esmeraldana</i>	0.1198101
<i>Copiapoa laui</i>	0.1168445

ANEXO 5 Tabla de evaluación de estados de conservación del género *Copiapoa* actualizados propuestos y visualizados en la Tabla 3 en Villalobo (2023)

En Peligro Critico	En Peligro	Vulnerable	Preocupación menor
<i>C. australis</i>	<i>C. armata</i>	<i>C. calderana</i>	<i>C. coquimbana</i>
<i>C. cinerea</i> subsp. <i>krainziana</i>	<i>C. atacamensis</i>	<i>C. fiedleriana</i>	<i>C. dealbata</i>
<i>C. conglomerata</i>	<i>C. cinerascens</i>	<i>C. gigantea</i>	<i>C. longistaminea</i>
<i>C. decorticans</i>	<i>C. cinerea</i>	<i>C. marginata</i>	
<i>C. desertorum</i>	<i>C. cinerea</i> subsp. <i>cinerea</i>		
<i>C. humilis</i> subsp. <i>tocopillana</i>	<i>C. cinerea</i> subsp. <i>columna - alba</i>		
<i>C. humilis</i> subsp. <i>varispinata</i>	<i>C. echinoides</i>		
<i>C. humilis</i> subsp. <i>tenuissima</i>	<i>C. grandiflora</i>		
<i>C. humilis</i>	<i>C. humilis</i> subsp. <i>humilis</i>		
<i>C. leonensis</i>	<i>C. hypogaea</i>		
<i>C. longispina</i>	<i>C. laui</i>		
<i>C. mollicula</i>	<i>C. megarhiza</i>		
<i>C. solaris</i>	<i>C. montana</i>		
<i>C. aphanes</i>	<i>C. rupestris</i>		
<i>C. angustiflora</i>	<i>C. serpentisulcata</i>		
<i>C. esmeraldana</i>	<i>C. taltalensis</i>		