



Universidad de Concepción
Dirección de Postgrado
Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas
Doctorado en Ciencias Biológicas Área Botánica

**POTENCIAL EVOLUTIVO EN CUATRO RELICTOS DE
VEGETACION NATIVA DE LA CORDILLERA DE LA COSTA DE
LA REGION DEL BIOBÍO, CHILE.**

Tesis para optar al grado de
Doctor en Ciencias Biológicas, Área Botánica

GLENDALICIA FUENTES ARCE
CONCEPCIÓN-CHILE
2017

Profesor Guía: Eduardo Ruíz Ponce
Dpto. de Botánica, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas
Universidad de Concepción

Esta tesis fue desarrollada en el Departamento de Botánica, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción.

Profesor Guía

Dr. Eduardo Ruíz Ponce

Comisión evaluadora

Dr. Cristian Torres Díaz

Dr. Alfredo Saldaña

Dr. Carlos Baeza Perry

Director del Programa

Dr. Pablo Guerrero

Director Escuela de Postgrado

Dra. Ximena García C

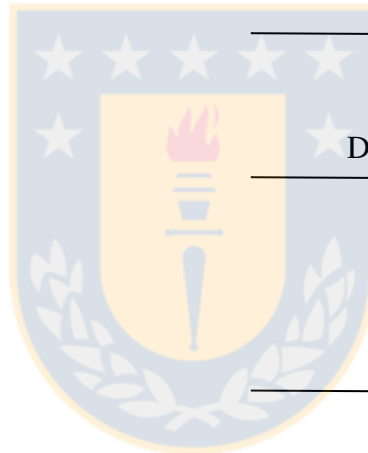


TABLA DE CONTENIDOS

| | |
|---|------|
| Índice de tablas | vi |
| Índice de figuras | viii |
| Dedicatoria | x |
| Agradecimientos | xi |
| Resumen | xii |
| Abstract | xiv |
| Introducción general | 1 |
| Hipótesis | 14 |
| Objetivo general | 14 |
| Objetivos específicos | 14 |
| Estructura general de la tesis | 15 |
| CAPITULO I: Diversidad genética de cuatro relictos de vegetación nativa, Cordillera de la Costa, Región del Biobío, Chile | 16 |
| Resumen | 17 |
| Abstract | 18 |
| Introducción | 19 |
| Materiales y Métodos | 23 |
| Resultados | 26 |
| Discusión | 29 |
| Conclusiones | 34 |
| Agradecimientos | 35 |
| Leyenda Figuras | 36 |
| Tablas | 41 |

| | |
|---|-----|
| CAPITULO II. Relación entre la diversidad genética y riqueza taxonómica en la | |
| evaluación de la biodiversidad en sitios del bosque nativo costero de la Región del | |
| Biobío, Chile | 52 |
| Resumen | 53 |
| Abstract | 54 |
| Introducción | 55 |
| Metodología | 57 |
| Resultados | 60 |
| Discusión | 62 |
| Conclusiones | 64 |
| Agradecimientos | 64 |
| Leyenda Figuras | 65 |
| Tablas | 70 |
| Anexo | 74 |
| Manuscrito Anexo 2. 2. Diversidad taxonómica y genética, del sitio prioritario Península de | |
| Hualpén Región del Biobío Chile. Implicancias para la conservación | |
| | 94 |
| Resumen | 95 |
| Abstract | 96 |
| Introducción | 97 |
| Materiales y métodos | 99 |
| Resultados | 104 |
| Discusión | 107 |
| Agradecimientos | 109 |
| Tablas | 110 |

| | |
|----------------------------|-----|
| Leyendas Figuras | 113 |
| Información Anexos | 119 |
| Discusión General | 127 |
| Bibliografía General | 133 |



ÍNDICE DE TABLAS

| | | |
|---------------------|---|----|
| Tabla 1.1. | Información de los sitios en estudio, ubicación, extensión y estatus..... | 41 |
| Tabla 1.2. | Listado de variables climáticas obtenidas desde la base de datos WorldClim. Detalles de abreviaturas correspondientes y especificación de las variables seleccionadas para el análisis de correlación (Sí). Número de variable (N°)..... | 42 |
| Tabla 1.3. | Detalles del tipo y número de loci por especie. Número de <i>Loci</i> Totales (NLT), Número de <i>Loci</i> Polimórficos (NLP), Número de <i>Loci</i> Neutrales (NLN) y Número de <i>Loci</i> <i>Outliers</i> (NLO)..... | 43 |
| Tabla 1.4. | Resultados del análisis de correlación entre <i>loci outliers</i> y variables climáticas, para cuatro de las cinco especies. Celdas grises muestran relación de parámetros que tienen un valor-p entre 0,01 y 0,05. Celdas negras representan una relación de parámetros que tienen un valor-p <0,001..... | 44 |
| Tabla 1.5. | Distribución de la variación para cada una de las especies, en tres niveles jerárquicos; entre grupos genéticos, entre sitios dentro de grupos genéticos y dentro de sitios. Para <i>Lapageria rosea</i> se evaluó en dos niveles jerárquicos entre sitios y dentro de sitios (en esta especie cada grupo genético coincide con cada sitio) | 45 |
| Tabla 1.6. | Detalle en la diagonal inferior, de valores de <i>Fst</i> para cada especie entre pares de sitios. Diagonal superior signo detalle de la significancia del valor <i>Fst</i> , + = valores significativos p<0,05..... | 46 |
| Tabla 1.7. | Índices de diversidad genética para cada especie y valores promedios cada sitio, obtenidos para matrices; neutrales (MN) y de <i>Loci outliers</i> (MO). Índices; Número de Alelos diferentes (<i>Na</i>), Número de alelos efectivos (<i>Ne</i>), Índice de Shannon (<i>I</i>); Heterocigocidad (<i>He</i>) y Porcentaje de loci polimórficos (% <i>P</i>). Sitios Hualpén (H), Reserva Nacional Nonguén (RNN), Parque Coyanmahuida (COY) y Cerro Caramávida (CAR)..... | 47 |
| Tabla 1.8. | Índices de diversidad genética para matrices neutrales y de <i>Loci outliers</i> . Índices; Número de Alelos diferentes (<i>Na</i>), Número de alelos efectivos (<i>Ne</i>), Índice de Shannon (<i>I</i>); Heterocigocidad (<i>He</i>) y Porcentaje de loci polimórficos (% <i>P</i>) | 49 |
| Tabla 2.1.1. | Información de los sitios en estudio, ubicación, extensión y estatus..... | 70 |
| Tabla 2.1.2. | Categorías taxonómicas y algunas características biológicas de las seis especies utilizadas en el estudio de variabilidad genética. N= número cromosómico..... | 71 |
| Tabla 2.1.3. | Valores de los parámetros de riquezas evaluados para ambos sitios. Número de Especies Totales (NET); Número de Familias (NFP); Número de Géneros (NGP); Especies Nativas (EN); Especies Endémicas (EE); Especies Introducidas (EI) y Hábito de Crecimiento (HC); Arbóreo (HC1), Arbustivo (HC2), Herbáceo Anual(HC3 HA), Herbáceo Anual (HC3 HP), Herbáceo | |

| | |
|----------------------|--|
| Tabla 2.14. | Epífita (HC3 HX), Enredadera (HC4), Liana (HC5)..... 72 Parámetros de diversidad genética estimados para las especies en estudio en los sitios Estación de biología Terrestre (ETB) y Reserva Nacional Nonguén (RNN). Número de alelos diferentes (N_a), Índice de Shannon (I), Heterocigosidad esperada (H_e), Porcentaje de loci polimórficos ($P\%$)..... 73 |
| Tabla.2.1.S1. | Listado de especies de los sitios en estudio: Estación de Biología Terrestre (EBT), Reserva nacional Nonguén (RNN), Quebrada Caramávida (QC) y Parque Coyanmahuida (PCOY)..... 74 |
| Tabla 2.2.1. | Categorías taxonómicas y algunas características biológicas de las seis especies utilizadas en el estudio de variabilidad genética..... 110 |
| Tabla 2.2.2. | Valores de diversidad, para sitio de muestreo, determinados a través de los índices de diversidad de Shannon (H) y Simpson (D), y de equitatividad de Shannon (J). Grupos de sitios: Estación de Biología Terrestre (EBT) y Fuera de Estación de Biología Terrestre (FEBT)..... 111 |
| Tabla 2.2.3. | Estadísticos de diversidad genética intra-poblacional para cada una de las especies en estudio. Número de individuos (N°), Número de alelos diferentes (N_a) y Número de alelos efectivos (N_e), Índice de Shannon (I), Heterocigosidad esperada (H_e), Porcentaje de loci polimórficos ($P\%$)..... 112 |
| Tabla2.2.S1. | Fórmulas de los índices de diversidad y equitatividad utilizados..... 120 |
| Tabla 2.2.S2. | Listado de especies y sus categorías taxonómicas. Se indica además su origen (Nativo, Endémico o Introducido) y su hábito.....121 |
| Tabla 2.2.S3. | Test HSD (<i>Honestly-significant-difference</i>) de Tukey Valor significativo en la comparación de medias entre pares de especies. (+= $p < 0,05$, -= $p > 0,05$).... 125 |

ÍNDICE DE FIGURAS

- Figura 1.1.** Mapa de la región del Biobío. En morado las zonas cubiertas por plantaciones forestales, en gris las zonas de plantaciones agrícolas, en amarillo praderas de uso agrícola, en verde extensiones de bosque nativo, zonas bajo protección efectiva del estado demarcadas por línea roja, área que abarca la cordillera de la Costa demarcada por línea calipso..... 37
- Figura 1.2.** Mapa de la distribución de los sitios analizados: Reserva Nacional Nonguén (RNN), Estación de Biología Terrestre (EBT) península de Hualpén, Parque Coyanmahuida (PC) y Quebrada Caramávida sector Pino Huacho (QC)..... 38
- Figura 1.3.** Gráfica de distribución de *loci outliers* para cada especie en estudio. Líneas en rojo representan puntos sobre el nivel de significancia de $p=0,01$; líneas en azul representan puntos sobre el nivel de significancia de $p=0,05$; en eje Y se gráfica los de F_{st} ; en eje X se gráfica los valores de heterocigocidad. En el recuadro inferior de la derecha se detalla las abreviaturas de las distintas especies..... 39
- Figura 1.4.** Gráfica de barra para la distribución de los porcentajes de asignación de cada especie a su grupo genético. Cada color representa un grupo genético diferente (N.º de K). En el eje Y se gráfica los porcentajes de asignación; en el eje X se gráfica el detalle del genotipo de cada individuo (cada color representa un grupo diferente) 40
- Figura 2.1.1.** Mapa de los distintos tipos de uso de suelo y coberturas vegetales en la Región del Bío Bío (E). Distintos tipos de usos de suelo y ubicación de sitios evaluados ETB (A), RNN (B), PCOY (C) y QC (D)..... 66
- Figura 2.1.2.** Gráfico de barras con detalles de parámetros de riquezas evaluados para los cuatro sitios;. A) Riqueza taxonómica a nivel de Familias, géneros y especies totales, B) Riqueza de especies, nativas, endémicas, introducidas y C) Hábito de Crecimiento, arbóreo (HC1), arbustivo (HC2), herbáceo anual (HC3 HA), herbáceo perenne (HC3 HP), herbáceo epífita (HC3 HX), enredadera (HC4), liana (HC5)..... 67
- Figura 2.1.3.** Gráficos de correlación diversidad genética versus riqueza de especies para los valores promedios de cada sitios, para los parámetros Índice de Shannon (A) y Heterosigocidad (H_e) (B)..... 68
- Figura 2.1.4.** Gráficos de correlación diversidad genética versus riqueza de especies para los parámetros Índice de Shannon y Heterosigocidad (H_e), en las especies *Lapageria rosea*, *Luma apiculata* y *Cissus striata*..... 69
- Figura 2.2.1.** Mapa de la península de Hualpén, con detalle de los sitios de muestreo, con polígonos de cobertura vegetal..... 114
- Figura 2.2.2.** Gráfico de la distribución de porcentaje de especies nativas e introducidas, para cada transecto..... 115
- Figura 2.2.3.** Graficos de caja que muestran las diferencias de las variables; riqueza, índices de diversidad y equitatividad, entre los grupos EBT y Fuera de

ETB. Se incluye los valores del Test no paramétrico de Wilcoxon (W) y su significancia (valor-p). Los análisis solo consideran la abundancia de especies nativas 116

Figura 2.2.4. Dendrograma de agrupamiento y mapa de distribución de sitios de muestreo. Puntos rojos indican sitios ubicados dentro de la EBT (Estación de Biología Terrestre) y pertenecientes al Grupo 1. Puntos azules indican sitios ubicados fuera de la EBT (tanto dentro como fuera del parque Pedro del Río Zañartu), pertenecientes al Grupo 2. 117

Figura 2.2.5. Escalamiento multidimensional no métrico realizado a partir de la matriz de abundancia de especies nativas e introducidas encontradas en cada uno de los sitios. Los círculos negros corresponden a los sitios encontrados dentro de la EBT y los círculos grises corresponden a los sitios fuera de la EBT. En negro la media de los vectores de similitud. Las barras corresponden a ± 2 errores estándar..... 118

Figura 2.2.S1. Curvas de rarefacción para la estimación del óptimo de muestreo en el parque del Pedro del Río Zañartu..... 126



Dedicatoria

Esta tesis esta didicada a mi Familia y amigos. Sin ellos, este proceso no se hubiese concretado.

Gracias



AGRADECIMIENTOS

Agradezco por el apoyo en el financiamiento de mis estudios de Doctorado y realización de mi tesis Doctoral a Becas CONICYT y al proyecto DIUC 211.111.057.

Además a la administración de la Estación de Biología Terrestre, en Hualpén, en especial a Don Ricardo León, por su valiosa ayuda en los muestreos. A CONAF en especial al personal a cargo de la administración y cuidado de la Reserva Nacional Nonguén. Forestal CELCO, Bosques Arauco, por permitir acceder a los sitios Parque Coyanmahuida y Qubreda Caramávida y al señor Boris Fica por su constante apoyo, consejos y asesoría en los muestreos.

Agradezco a mi tutor el Dr. Eduardo Ruíz su paciencia y tiempo. Por el apoyo y contribución en los primeros pasos del trabajo de laboratorio agradezco sinceramente al Dr. Rodrigo Hasbun. Por el apoyo en la etapa final de este proceso agradezco a la Dra. Patricia Gomez y al Dr. Victor Hernández. A los integrantes del departamento de Botánica en especial a Gloria Morales y Alicia Marticorena.

Finalmente por la valiosa intervención y apoyo en las distintas etapas de este largo camino, agradezco a mis amigos Graciela Valencia, Dra. Maritza Mihoc, María Moreno, Dr. Diego Alarcón, Anita Cisternas, Hellen Montoya y al Dr. Patricio López.

RESUMEN

La biodiversidad del planeta es una fuente fundamental de recursos biológicos para el desarrollo de la actividad humana, por lo que su drástica reducción en los últimos años es preocupante y hace urgente la elaboración de nuevas y más eficientes estrategias de conservación. Actualmente los principales enfoques de conservación apuntan a la protección de zonas con altos niveles de riqueza y endemismo (ej. *Hotspots*), sin embargo, y a pesar de su innegable utilidad, estos criterios no incluyen aspectos relevantes de la biodiversidad como es la diversidad ecológica, taxonómica y genética. La diversidad genética resulta particularmente interesante al momento de establecer criterios de conservación, ya que entrega información sobre procesos macro y micro-evolutivos asociados a cambios en frecuencias alélicas, fuente primaria para la generación de diversidad. Las evaluaciones de los patrones de distribución de la diversidad genética permiten determinar zonas con alto potencial evolutivo (PE), el cual es clave para la mantención y generación de variación biológica, que permite a una comunidad desarrollar nuevas funciones y prosperar en ambientes cambiantes. El PE se puede estimar, en términos de la componente genética, a través del estudio de la diversidad genética intra e inter poblacional en especies naturales. La evaluación del potencial evolutivo a través de estudios de diversidad genética puede aportar a la definición de zonas prioritarias para la conservación, como también la mantención de los procesos que permiten la evolución de múltiples taxa en áreas geográficas definidas.

La combinación de criterios taxonómicos y genéticos es otra forma de abordar problemáticas en conservación sobre qué y dónde conservar. La relación entre la diversidad genética y la diversidad específica (SGDC del inglés species-genetic-diversity-correlation), es una valiosa herramienta que puede contribuir a la conservación biológica, pues describe la relación entre la diversidad de especies en una localidad particular y la diversidad genética dentro de las especies de esta localidad. En esta tesis se evaluó la relación entre la riqueza de especies y diversidad genética en cinco especies de plantas vasculares, situadas en cuatro parches de vegetación nativa: Estación de biología terrestre (EBT, península de

Hualpén), Reserva Nacional Nonguén (RNN), Quebrada Caramavida (QC) y Parque Coyanmehuida (PCOY).

El objetivo principal de esta tesis fue determinar zonas con mayor potencial evolutivo en la zona costera de la Región del Biobío. Para ello, se determinó la estructura y diversidad genética en cuatro relictos de vegetación nativa de la zona costera de la Región del Biobío, en 5 especies de plantas vasculares nativas y se describió la relación entre los patrones de diversidad genética de estas cinco especies filogenéticamente no relacionadas y la riqueza taxonómica en relictos de vegetación nativa de la zona costera de la Región del Biobío.

Los resultados mostraron patrones claros en términos de la distribución de la diversidad en los sitios evaluados, encontrando los mayores valores de diversidad para el sitio de Hualpén. Además, la detección de potenciales *loci* bajo selección y su correlación con variables climáticas de temperatura y precipitación, evidencian señales de selección en este grupo de especies. Si se considera que en estos *loci* se presentan bajos valores de F_{ST} , podrían estar bajo la acción de selección estabilizadora. En términos de la diversidad genética y la riqueza de especies, se encontró una correlación entre los valores de ambos componentes de la diversidad. Esto es, los mayores valores de diversidad genética se observan en el sitio con mayor riqueza (i.e. Hualpén), en tres de las cinco especies evaluadas. Las diferencias obtenidas al evaluar esta relación en los cuatro sitios estudiados, podrían estar asociadas a los distintos estados sucesionales de las comunidades costeras, lo que fue evidenciado por la diferencia en la composición de especies al comparar estos sitios. Estos antecedentes permiten postular al sector de Hualpén como un área de potencial evolutivo, dentro de la zona costera de la región del Biobío.

ABSTRACT

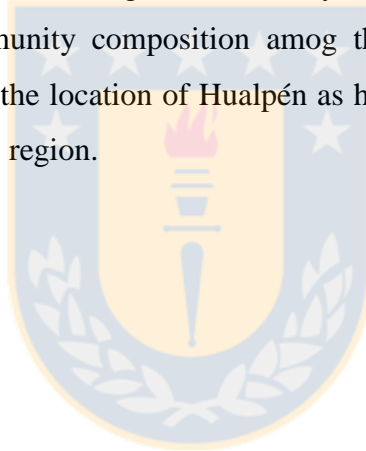
World biodiversity is the main source of biological resources for the development of human activities. Its drastic reduction during the last decades is an issue of great concern, and it has increased the need of new and efficient strategies of conservation. Conservation strategies that have been implemented in the last few decades, like the prioritization of biodiversity hotspots have been very useful from a global perspective. However, a major component of biodiversity such as genetic diversity of species and communities has been usually neglected.

Conservation strategies often focus on one species and its genetic diversity. Nowadays, the trend is to protect the habitat of species and communities. Conserving the habitat also protects the natural dynamic of the species, including their associated evolutionary processes.

The evolutionary potential is a different conservation criterion that is becoming more important in the last few years. As included within the definition of biodiversity, the evolutionary potential has three different levels of variation: ecological, taxonomic and genetics. The evolutionary potential can be estimated in terms of the genetic component, estimating intra- and inter- genetic diversity in natural populations. The estimation of evolutionary potential can contribute to the delimitation of priority zones for conservation, including the evolution of multiple taxa in a specific location. In this thesis, I evaluated the presence of hotspots of evolutionary potential, assessing four relicts of native vegetation into the costal zone of the Biobío region.

Another way to approach the issue of what to protect and how to prioritize is to evaluate the relationship between specific biological diversity and its genetic diversity. This evaluation known as species genetic diversity correlation or SGDS is a valuable tool that can contribute to conservation biology, since it describes the relationship between species in a location and their genetic diversity in the same location. In this thesis, I evaluated the relationship between species richness and genetic diversity, in five species of vascular plants, and in two localities with native vegetation: Estación de Biología Terrestre (EBT) in Hualpén peninsula, Reserva Nacional Nonguén (RNN), Quebrada Caramávida (QC) and Coyanmahuida Park (PCOY).

The evaluation of genetic diversity in four relict patches of native vegetation show clear patterns on how the diversity is distributed in the five species assessed by this thesis. We observed that the highest levels of diversity are located in Hualpén. The detection of loci under selection and their correlation with climatic conditions of temperature and precipitation show signs of selection in this group of species. If we considered that these loci are also low, F_{ST} they could be under a stabilizing selection. The results showed that there are differences in the distribution of species within a patch of native vegetation in the Hualpén peninsula. The communities in this location are heterogeneous, consolidating most of the species richness inside the biological station. I also found that there was a positive relationship between species richness and genetic diversity for three of the five species in this location. The relationships between genetic diversity and taxonomic richness, could be explained by different community composition among the studied sites. Finally, these evidences lead us to prioritize the location of Hualpén as hotspot of evolutionary potential in the coastal zone of the Biobío region.



INTRODUCCIÓN GENERAL

1. BIODIVERSIDAD

La biodiversidad del planeta es una fuente fundamental de recursos biológicos para el desarrollo de la actividad humana, por lo que su drástica reducción en los últimos años es preocupante y hace urgente la elaboración de nuevas y más eficientes estrategias de conservación (Woodruff 2001, Kameswara 2004). Los mecanismos y criterios para la elaboración de estrategias de conservación han variado en el tiempo. En las pasadas cuatro décadas el enfoque de conservación de la diversidad biológica estuvo basado en la riqueza de especies (Caldecott *et al.* 1996, Fleishman *et al.* 2005). Es así como Myers y colaboradores (2000), establecieron zonas prioritarias para la conservación a nivel mundial, denominadas *hotspots* de biodiversidad, iniciativa que ha tenido como objetivo focalizar los esfuerzos de conservación en zonas que alberguen una alta concentración de especies endémicas. Estas zonas deben, además, haber experimentado una drástica disminución de hábitats. Este enfoque ha tenido gran relevancia a nivel global y ha permitido focalizar los recursos económicos a labores de conservación de la componente taxonómica de la biodiversidad. Cabe mencionar que parte del territorio chileno fue incluido como uno de los primeros 25 “*hotspots*” de biodiversidad del mundo (Myers *et al.* 2000).

Si bien el criterio de conservación basado en *hotspots* ha sido muy útil, este criterio excluye un aspecto igualmente relevante de la biodiversidad, como es la diversidad genética de las comunidades y especies, la cual es incorporada en el criterio denominado Potencial Evolutivo (Hanski 1998, Brook *et al.* 2002, Manel *et al.* 2010, Brow *et al.* 2014).

El concepto de Potencial Evolutivo, al igual que la definición de biodiversidad involucra tres niveles de variación: ecológico, taxonómico y genético (Jensen *et al.* 1993).

2. POTENCIAL EVOLUTIVO

El genoma de un organismo contiene la información, no sólo, para funcionar en un ambiente común o habitual, sino también el potencial para desarrollar nuevas funciones que le permitan prosperar en nuevos ambientes. El Potencial Evolutivo se define como “la

capacidad intrínseca que posee cada organismo de cambiar y/o adaptarse a nuevos ambientes” (Hall 1999). El potencial evolutivo, en términos genéticos, se puede evaluar a través del estudio de la diversidad genética intra e inter poblacional en poblaciones naturales (Vandergast *et al.* 2008). A su vez, la diversidad es producida los procesos micro evolutivos: mutación, deriva genética, flujo génico y selección (Filipchenko 1927). Por lo tanto, estos procesos se relacionan con el potencial evolutivo de las especies ya que generan, mantienen y/o modifican los niveles de variación genética necesaria que permita a las especies responder ante eventuales cambios en su hábitat (Merila *et al.* 2001, Raymond *et al.* 2001; Riechert *et al.* 2001, Schmidt *et al.* 2008).

3. PROCESOS MICRO - EVOLUTIVOS

Los procesos micro-evolutivos son objeto de interés en conservación biológica, ya que modifican las frecuencias alélicas dentro y entre poblaciones de una especie, a una escala de tiempo breve (Filipchenko, 1927). Los procesos responsables de los cambios en las frecuencias alélicas son las mutaciones, la selección natural, el flujo génico y la deriva genética; y pueden tener como resultado divergencia y especiación (Hendry & Kinnison 2001).

La mutación es un factor importante para entender el proceso evolutivo. Toda novedad y variación genética se origina a partir de ella, siendo la fuente primaria que genera diversidad (Hufbauer & Roderick 2005). En la naturaleza, las tasas de mutación son muy bajas, por lo cual se requiere de miles de generaciones para obtener un pequeño cambio en las frecuencias alélicas en una población (Eguiarte 1999).

La deriva génica opera a través de la subdivisión de una población grande en poblaciones pequeñas y parcialmente aisladas, que conduce a la diferenciación genética de esas poblaciones pequeñas, a través de procesos aleatorios. Como resultado se produce divergencia genética en las trayectorias evolutivas de las poblaciones (Wright 1948). La deriva genética depende fuertemente del N_e , siendo mayor su efecto en poblaciones de tamaño pequeño. Así, poblaciones pequeñas y aisladas están más expuestas a la deriva génica, teniendo una mayor probabilidad de perder variación genética por pérdida de alelos (Ellstrand & Ellam 1993, Frankham *et al.* 2003).

El flujo génico es un proceso que incluye todos los mecanismos que dan lugar al movimiento de genes de una población a otra (Slatkin 1985) y tiende a reducir las diferencias genéticas entre poblaciones locales.

La selección natural es el proceso no aleatorio de supervivencia y requiere de variación para poder actuar sobre diferentes fenotipos. De este modo, algunos individuos tendrán mayor supervivencia que otros en su descendencia, debido a sus características distintivas (Lande & Arnold 1983, Kingsolver & Pfennig 2007). Cuando las características bajo selección muestran heredabilidad, la selección conllevará a cambio evolutivo en aquellas características (Endler 1986). La selección natural, que favorece la adaptación local, tenderá a actuar a favor de alelos diferentes en un pool genético, si dichos alelos causan adaptaciones locales. Así, de no existir flujo génico, habrá diferentes alelos en diferentes localidades (Slatkin 1999).

Un patrón común en la naturaleza es que poblaciones expuestas a cambios en las presiones de selección sufran cambios en las frecuencias alélicas, siendo los procesos micro-evolutivos los responsables de fijar o modelar estos cambios (Conover & Schlutz 1995, Merillä *et al.* 2001). Por lo tanto, los procesos micro-evolutivos son los responsables de los patrones de diversidad genética a nivel poblacional de las especies. Se ha propuesto que áreas geográficas donde los procesos micro-evolutivos están muy activos, sean considerados como zonas de alto potencial evolutivo (Vandergast *et al.* 2008).

4. EVALUACIÓN DEL POTENCIAL EVOLUTIVO

Del mismo modo, que para conservar la biodiversidad se han establecido *hotspots* de biodiversidad, una forma de definir y conservar el potencial evolutivo, es a través de la determinación de zonas de potencial evolutivo, evaluando los niveles de diversidad genética en poblaciones que habitan un lugar determinado (Souto *et al.* 2015).

Un *hotspot* de potencial evolutivo se define formalmente como un área con alto potencial evolutivo; es decir, áreas que concentran alta divergencia genética, alto flujo génico y altos valores de diversidad genética dentro de las poblaciones naturales (Vandergast *et al.* 2008). La evaluación del potencial evolutivo a través de estudios de diversidad genética puede aportar a la definición de zonas prioritarias para la conservación,

desde el punto de vista de los procesos que permiten la evolución de múltiples *taxa*, en áreas geográficas definidas (Mayers & Knoll 2001, Moritz 2002, Forest *et al.* 2007, Latta 2008). La evaluación del potencial evolutivo a través de la diversidad genética, se puede realizar desde dos enfoques: selectivo y neutral (Holderegger *et al.* 2006, Kirt & Freeland 2011). La variación adaptativa y neutral, dan luces de diferentes procesos micro-evolutivos; es así como los modelos de distribución alélica asumen que, a lo largo de un gradiente ambiental, la selección natural genera cambios graduales en dicha distribución en loci bajo selección, no así en loci neutrales (Manel *et al.* 2010). Al evaluar las poblaciones naturales desde estos dos aspectos de la diversidad genética (neutral y adaptativo), surgen alternativas para la conservación, permitiendo planificar en término de especies y áreas, favoreciendo la protección de linajes aislados históricamente (Moritz 2002).

Sin embargo, otra dimensión que debería incluir la evaluación del potencial evolutivo, y que rara vez se trata en conjunto con la diversidad genética, es la diversidad taxonómica (en términos de riqueza de especies). Desde el punto de vista de la conservación es importante considerar la relación que existe entre estas dos dimensiones de la biodiversidad (Kahilainen *et al.* 2014).

5. RELACIÓN ENTRE DIVERSIDAD DE ESPECIES Y DIVERSIDAD GENÉTICA

Las estrategias de conservación tradicionales tienden a considerar una especie en particular y su diversidad genética. En la actualidad, la tendencia es a priorizar el hábitat protegiendo de este modo, la dinámica natural de la especie y los procesos evolutivos asociados a ella (Weinig *et al.* 2014).

Una forma de abordar la problemática de qué priorizar en conservación, es evaluar la relación entre diversidad biológica específica (tradicionalmente incluida en los planes de conservación) y la diversidad genética (parámetro fundamental en la mantención y generación de diversidad biológica) (Kahilainen *et al.* 2014) La evaluación de la relación entre la diversidad genética y la diversidad específica (SGDC del inglés species-genetic-diversity-correlation), es una valiosa herramienta que puede contribuir a la conservación biológica (Kahilainen *et al.* 2014). La SGDC a nivel local (α - SGDC), describe la relación entre la diversidad de especies en una localidad particular y la diversidad genética dentro de

las especies de esa localidad. En tanto la β -SGDC describe la relación entre comunidades o localidades, este valor es importante al evaluar aspectos como el establecimiento de redes de conectividad, por ejemplo, en áreas fragmentadas (Kahilainen *et al.* 2014).

Cada uno de estos niveles (α o β -SGDC), están influenciados por distintos procesos evolutivos. La α -SGDC es modelada principalmente por la deriva génica, en términos del tamaño poblacional efectivo, mientras que en la β -SGDC depende de la selección natural, mediada por adaptación local. En la naturaleza, se han observado valores negativos y positivos de la α -SGDC (Marshall & Camp 2006, Papadopoulou *et al.* 2011, Vellend *et al.* 2014), cuestionando la premisa que establece que la correlación entre estos componentes de diversidad debiera ser positiva, dado que las especies de una localidad comparten las condiciones de desarrollo (variables climáticas, edáficas) (Vellend 2005, Manel & Holderegger 2013). El signo de α -SGDC es importante en conservación entendiendo que una relación positiva, permite establecer prioridades de conservación basadas en ambos componentes, en tanto que una relación negativa, obliga a priorizar sobre la base a una de las dos componentes (Kahilainen *et al.* 2014).

Como queda de manifiesto, la evaluación de la SGDC es una valiosa herramienta para la conservación, ya que permite evaluar la diversidad genética y específica a dos escalas: intra e inter localidades. Esta evaluación puede ser implementada para contribuir en la elaboración de estrategias de conservación en áreas sometidas a factores de perturbación de hábitat (i.e. fragmentación y cambio climático), especialmente en ambientes vulnerables como zonas altamente fragmentadas.

6. ÁREA DE ESTUDIO

Dentro de los 35 *hotspots* de biodiversidad mundial reconocidos hasta hoy (<http://www.conservation.org/How/Pages/Hotspots.aspx>), se encuentra el *hotspot* de biodiversidad chileno (Myers 2000, Mittermeier 2004), que se extiende desde la costa del Pacífico hasta las cumbres andinas, entre los 25 y 47°S, incluyendo la estrecha franja costera entre los 25 y 19°S, más las islas de Juan Fernández y una pequeña área de bosques adyacentes de Argentina. Este *hotspot* incluye a Chile central y al Norte Chico, ambos con lluvias de invierno, y parte del sur de Chile (IV hasta parte de la XI Región), con lluvias de

verano e invierno. Definido de esta manera, el *hotspot* chileno, desde sur a norte, incluye una amplia variedad de climas y formaciones vegetacionales como por ejemplo los bosques lluviosos tipos Norpatagónico y Valdiviano, bosques deciduos dominados por varias especies de *Nothofagus* (*N. obliqua* (Mirb) Oerst., *N. Alessandri* Espinosa, *N. macrocarpa* (A. DC.) F. M. Vázquez & R. Rodr.) , el bosque esclerófilo típico y matorrales del área de clima mediterráneo de Chile central, los desiertos con lluvia de invierno del Norte Chico y la flora alto andina que se desarrolla por sobre la línea arbórea (Hoffmann *et al.* 1988). Esta gran diversidad de ambientes, genera zonas de transición climática las cuales, dadas sus características, podrían corresponder a *hostposts* de potencial evolutivo. En estas zonas, las diferentes presiones selectivas podrían estar estimulando los procesos micro-evolutivos, cuyo resultado puede ser, por ejemplo, la alta diversidad florística y los altos niveles de endemismo, especialmente en lo que respecta a su flora vascular.

El 46% de los *taxa* de plantas vasculares en Chile, son endémicos (Marticorena 1990), y muchos de ellos presentan problemas de conservación. Esta alta proporción de endemismo, podría ser explicada por la alta diversidad ecológica que existe en Chile (Cowling *et al.* 1996, Arroyo *et al.* 2008). Factores que contribuyen a esta diversidad ecológica son el amplio gradiente latitudinal y altitudinal, así como también el aislamiento geográfico con del resto del continente (Armesto *et al.* 1998, Lazo *et al.* 2008, Villagrán & Hinojoza, 1997A), además de la historia glacial y postglacial de las comunidades vegetales del Centro Sur de Chile. Con relación a este último punto, se ha documentado cómo estos eventos han influido en la distribución de la diversidad genética en numerosas especies (Allnut *et al.* 1999, Alnutt *et al.* 2003, Bekessy *et al.* 2002, Premoli *et al.* 2002, Ruiz *et al.* 2007, Acosta & Premoli 2010).

Dentro del *hotspot* de diversidad chileno, una zona de transición climática importante está ubicada en la Región del Biobío, desde los 36°00' hasta los 38°30' latitud sur y desde los 71°00' longitud oeste hasta el Océano Pacífico. En esta región, convergen los climas mediterráneo y templado, creando un gradiente climático que estaría determinado por una variación en los regímenes pluviométricos con aumento de las precipitaciones de norte a sur (Di Castri & Hajek, 1976). Esta zona posee, además, alto nivel de endemismo (Villagrán *et al.* 1995) y alta riqueza de especies (Cavieres *et al.* 2005).

Considerando, además, que en esta zona se han registrado áreas de refugios glaciales, se plantea que la Región del Biobío podría corresponder a un *hotspot* de potencial evolutivo, donde se esperaría encontrar, además de una alta riqueza de especies, altos niveles de diversidad genética.

a) Pasado de refugio glacial

El bosque templado de la zona centro sur de Chile se vio afectado por procesos glaciales, no sólo durante el UMG (Último Máximo Glacial), sino también durante el tardiglacial (14.000 – 10.000 años AP) y el postglacial (10.000 – 6.000 años AP), donde se registraron importantes variaciones climáticas, las cuales influyeron en la distribución de la flora en el sur de Chile (Heusser *et al.* 1988, Denton *et al.* 1999). Además, en la región mediterránea de Chile, el registro fósil muestra una expansión de los bosques templados-fríos a las zonas altas de la Cordillera de la Costa, alrededor de los 6000 años A.P. (Villagrán 2001). En tanto para la Cordillera de los Andes, existen registros de expansión de especies vegetales a zonas más altas desde los 7.550 años A.P. alcanzando su máximo desarrollo después de los 4.000 años A.P. (Rondanelli 1999). Dado lo anterior se puede inferir que la actual composición florística y distribución geográfica del bosque templado de Chile es muy reciente, siendo el producto de eventos graduales de expansión durante el Tardiglacial y Holoceno.

A partir del registro fósil, los bosques del centro sur de Chile han sido caracterizados durante el UMG, por la abundancia de elementos subantárticos templado-fríos (*Nothofagus*, *Podocarpus*, *Lepidothamnus*, *Prumnopitys* y *Araucaria araucana* (Molina) K. Koch). Actualmente, los bosques de altura de las cordilleras de la Costa y de los Andes, presentan distribuciones vegetacionales de tipo discontinuas en especies tales como *Fitzroya cupressoides* (Molina) I. M. Johnst., *Austrocedrus chilensis* (D. Don) Pic. Serm. & Bizarri y *Araucaria araucana* (Villagrán *et al.* 1995).

La distribución geográfica actual de las poblaciones y la variación genética de especies arbóreas son, en gran medida, consecuencia de las oscilaciones climáticas que tuvieron lugar durante la era cuaternaria (Hewitt 2004). La información paleobotánica y la evidencia geomorfológica han permitido postular la presencia de refugios glaciales durante

el cuaternario, en Europa, Norte y Sudamérica (Hewitt 1996, Premoli *et al.* 2002). Estos refugios habrían correspondido a áreas que permanecieron libres de hielo y serían los remanentes de la fragmentación de bosques ancestrales producto del avance de los hielos (Willis & Whittaker 2002). Esta fragmentación pudo originar uno o más refugios desde donde habría ocurrido la recolonización de las áreas glaciadas, tras el retroceso de los hielos (Hewitt 1996). La hipótesis de refugios múltiples en los bosques templados del sur de Chile y zonas limítrofes con Argentina, ha sido estudiada a través de marcadores moleculares (Allnutt *et al.* 1999, Premoli *et al.* 2000). Autores como Storz & Beaumont (2002) afirman que la estructura y variabilidad genética actual de muchas especies se han definido por sucesos demográficos históricos como las retracciones o expansiones poblacionales, dependientes de cambios climáticos o cuellos de botella genéticos. Actualmente, y a partir del estudio de la variación genética en poblaciones naturales, se han desarrollado herramientas como el análisis de las frecuencias de distribución de diferencias pareadas de haplotipos (Distribución Mismatch, Rogers & Harpending 1992), que permiten detectar variaciones poblacionales históricas que pueden ser consecuencia de eventos tales como las glaciaciones (Tollefsrud *et al.* 2008).

Desde la perspectiva de la conservación, una población en desequilibrio demográfico es más vulnerable, que aquellas que están en equilibrio, debido a que en la primera se encuentran loci con baja o alta diferenciación genética, los cuales se asume que están sujetos a selección natural (Beaumont & Nichols 1996). Esta baja o alta diferenciación genética se puede traducir en un exceso de variantes de baja frecuencia para un determinado locus, lo cual es relevante en términos de conservación.

b) Efectos de la Fragmentación

Dentro de la zona de transición previamente descrita, la cordillera de la Costa es particularmente importante, debido al grado de intervención humana, poca superficie de bosque nativo y pocas áreas protegidas (Cavieres *et al.* 2005, Lara *et al.* 2012). Pese a que en Chile el Sistema Nacional de Áreas Protegidas del Estado (SNASPE) cubre más del 18% de la superficie del país (Pauchard & Villarroel, 2002), en la región del Biobío el porcentaje de la superficie bajo protección se reduce a un 3,4 % del bosque nativo original (Lara *et al.*

2012), el cual se encuentra actualmente representado por numerosos fragmentos de vegetación nativa de diversos tamaños, inmersos entre grandes extensiones de plantaciones forestales de pino insigne y eucalipto. Sin embargo, existen áreas de protección de propiedad privada, para las cuales existe una regulación legal en desarrollo (Squeo *et al.*, 2012). Otras categorías incluidas en la Estrategia Nacional para la Biodiversidad (CONAMA, 2005) incluyen sitios prioritarios para la conservación, actualmente clasificados a escala nacional y a escala regional (CONAMA, 2005; MMA, 2014), sin embargo, estas categorías no han sido implementadas aún.

En particular, para la región del Biobío se han propuesto varios sitios para su conservación, como el Cerro Cayumanque y la Quebrada Caramávida (Cavieres *et al.* 2005) y una serie de sitios considerados importantes por albergar especies en peligro de extinción y constituir bosques de gran extensión como la Reserva Nacional Nonguén y el Fundo Escuadrón, entre otros (Ibarra - Vidal, *et al.* 2005). Además, en esta región se encuentran zonas como la Península de Hualpén, la cual ha sido declarada Santuario de la Naturaleza (Decreto N°556 del Ministerio de Educación, Ley N° 17.288 de Monumentos Nacionales).

A pesar de que las zonas antes descritas corresponden a zonas protegidas por SNASPE o privados, la información que existe en términos de su diversidad de especies y diversidad genética asociada, es escasa. Además, el efecto que la fragmentación ha tenido en estos parches de vegetación nativa, es desconocido.

7. PROPUESTA DE INVESTIGACIÓN

La reducción de la biodiversidad a nivel global, lejos de disminuir sigue en aumento, principalmente dado el incremento de la población humana y su relación directa con los recursos naturales y la disponibilidad de suelos. En este sentido y debido a su actual estructura de paisaje del bosque nativo de la zona costera de la Región del Biobío (parches de vegetación nativa insertos en matrices urbanas o de plantaciones agro-forestales), resulta complicado pensar en una restauración natural de esta zona del país. Si a este panorama agregamos factores como el efecto del cambio climático global sobre la vegetación, se hace urgente contar con información y criterios de evaluación, que permitan el desarrollo de

estrategias y planes de manejo en conservación de la vegetación nativa remanente en esta zona.

Considerando factores como el alto endemismo, el pasado glacial y heterogeneidad ambiental de la zona costera de la región del Biobío, la biodiversidad de los relictos de vegetación nativa debieran mostrar altos valores de riqueza de especies, además de una alta diversidad genética de las especies que allí crecen. Por otro lado, considerando las características particulares de cada parche de vegetación, es factible suponer que ellos mostrarán diferencias en sus valores de diversidad (taxonómica y genética), y por ende en su potencial evolutivo.

Por lo anterior en esta tesis se propuso, determinar el potencial evolutivo, basado en los patrones de diversidad genética y riqueza de especies, en fragmentos de vegetación nativa de la zona costera de la región del Biobío.

8. Sitios de estudios

Basados en los antecedentes de bibliografía mencionados anteriormente y en la accesibilidad a los fragmentos de vegetación nativa se han seleccionado los siguientes sitios de estudio:

Quebrada Caramávida: ubicada en la comuna de Cañete, Provincia de Arauco Región del Biobío, está quebrada boscosa nativa cubre ambas laderas de una fuerte pendiente de exposición Sur-Norte, en la parte superior de la cuenca del Río Caramávida al interior de Antiguala. La quebrada es uno de los sitios prioritarios para la conservación en la Región del Biobío y forma parte de la Cordillera de Nahuelbuta propuesta como Reserva Mundial de la Biosfera (Wolodarsky-Franke & Díaz 2011). Posee una superficie de 23.755 hectáreas aproximadamente y que alberga una gran cantidad de flora y fauna nativa amenazada bajos los criterios internacionales de vulnerabilidad (CV) adoptados por la Unión Internacional para la Conservación (UICN):

CV1; *Gomortega keule* (Molina) Baill. (queule), *Araucaria araucana* (Pehuén), *Berberidopsis corallina* (Hook.) F. (Michay rojo), *Lycalopex fulvipes* (Zorrito de Darwin), *Campephilus magellanica* (Carpintero) y *Dromiciops gliroides* (Monito del Monte).

CV2; Núcleos boscosos de Araucaria (renoval achaparrado, adulto-renoval y adulto), bosques de Roble-Raulí, subtipo Coihue (Bosque Adulto-renoval adulto y bosque siempreverde, subtipo renoval de canelo).

Reserva Nacional Nonguén: El ex Fundo Nonguén, de 3.056,96 hectáreas, se encuentra ubicado en la comuna de Chiguayante en la provincia de Concepción, Región del Biobío en la cordillera de la Costa (73°00'S-36°52'W). Sus límites están definidos por la línea divisoria de las aguas. Fue establecido como Reserva Nacional bajo el Decreto 132/ 2009 del Ministerio de Bienes Nacionales, publicado en el Diario Oficial, el 24 de Diciembre de 2010 (Bocaz-Torres *et al.* 2013). El objetivo principal de esta reserva es conservar la cuenca del estero Nonguén, que es productora de agua, además de su diversidad biológica y la integridad ecosistémica del bosque caducifolio de Concepción. La Reserva Nonguén representa el último ecosistema forestal continuo de bosque caducifolio costero de Concepción (Gajardo 1994). Zona afectada severamente por la fragmentación de su vegetación nativa original (Lara *et al.* 2012). Este relictos de bosque nativo inserto en la matriz urbana de Concepción es producto de la fragmentación y degradación del bosque nativo original de la zona (Pauchard *et al.* 2006a). El reemplazo y manejo, de plantaciones forestales, agrícolas y la urbanización han generado que la reserva esté hasta hoy en día sometida a perturbaciones antrópicas (Pauchard *et al.* 2006b).

Península de Hualpén: La península de Hualpén se ubica en el borde costero de la península de Concepción entre los 36°45' - 36°49' S, 73°9' - 73°13'O) en 1976 fue declarada Santuario de la Naturaleza por decreto supremo del Ministerio de Educación, debido a la intervención antrópica que la afectaba. Su vegetación incluye una serie de comunidades boscosas, donde entran en contacto especies del bosque esclerófilo con especies del bosque costero higrófilo (Polyméris 1995).

Dentro de esta Península se ubica el Parque Pedro del Río Zañartu, con aproximadamente 73 hectáreas de extensión, próximo a la desembocadura del río Biobío, en dirección hacia los acantilados de Rocoto, con una elevación de 60 m.s.n.m. aproximadamente (Carrasco 1976). El parque es un relictos de bosque costero (Carrasco

1976) lo describe como una de las pocas áreas que conservan la vegetación nativa original de este tipo de bosque y describió 248 especies. Posteriormente, se han descrito ejemplares de especies endémicas de gran importancia desde el punto de la conservación como *Pitavia punctata* (Ruiz & Pav.) Molina y *Gomortega keule* (Molina) Baill. (Muñoz 1996). En este sector se han realizado varios estudios, como la descripción de la flora (Carrasco 1976, Polymeris 1995), el análisis de las comunidades vegetales y la dinámica sucesional del efecto del pastoreo.

Parque Coyanmahuida: parque privado perteneciente a la empresa Forestal Celco, se ubica a 27 Km de Concepción en la comuna de Florida (36° 49'S, 72°43'O), a 250-300 m.s.n.m. y con una precipitación promedio anual aproximada de 1200 mm (Torres *et al.* 2013). Posee 24 hectáreas de superficie, con una red de senderos a través de los cuales es posible ver el relicto de bosque nativo adulto; *Aextoxicon punctatum* Ruiz & Pav. (Olivillo), *Citronella mucronata* (Ruiz & Pav.) D. Don (Huillipatagua) y una importante diversidad de plantas epífitas y enredaderas.

9. Especies en estudio

En esta tesis se ha propuesto determinar los parámetros de variabilidad genética en 5 especies (un helecho y cuatro angiospermas, 3 dicotiledóneas y una monocotiledónea). Los requisitos para seleccionar las especies fueron estar ampliamente distribuidas en la zona de estudio fácil acceso y reconocimiento en terreno, no mostrar problemas de conservación y diploidía. Este último requisito se debe a que la presencia de poliploides en los análisis genéticos puede causar sobrestimación de los valores de diversidad genética.

A continuación se detallan las especies seleccionadas:

Helecho:

- *Blechnum hastatum* Kaulf. Helecho nativo de Chile y Argentina, se distribuye desde Fray Jorge hasta Chiloé, crece desde el nivel del mar hasta 2500 m.s.n.m. También en Juan Fernández (Rodríguez *et al.* 2009).

Angiospermas Dicotiledóneas:

- *Aextoxicon punctatum* Ruiz & Pav. Árbol siempreverde perteneciente a la familia monotípica y endémica de Chile Aextoxicaceae. Se distribuye desde la Región de Coquimbo hasta la Región de los Lagos.
- *Luma apiculata* (DC) Burnet Árbol siempreverde pertenece a la familia Myrtaceae. Se distribuye desde la Región de Valparaíso hasta la Región de los Lagos.
- *Cissus striata* Ruiz & Pav. Planta trepadora siempreverde, se distribuye desde la Región de Coquimbo hasta la Región de Aysén.

Angiosperma Monocotiledóneas:

- *Lapageria rosea* Ruiz & Pav. Género monotípico que se distribuye en ambas cordilleras desde la región de Valparaíso hasta la de Los Lagos (Marticorena *et al.* 2010).



Considerando que dos dimensiones importantes de la biodiversidad son la diversidad genética y taxonómica, es importante evaluar cada una de ellas y la relación que existe al evolutivo.

Hipótesis

Dentro de los cuatro sitios estudiados el que presenta los valores más altos de divergencia genética presenta también los más altos valores de riqueza de especies.

OBJETIVO GENERAL

Determinar zonas con mayor potencial evolutivo en la zona costera de la Región del Biobío.

OBJETIVOS ESPECIFICOS

1. Determinar la estructura y diversidad genética en cuatro relictos de vegetación nativa de la zona costera de la Región del Biobío, en 5 especies de plantas vasculares nativas.
2. Conocer la relación entre los patrones de diversidad genética de plantas vasculares y la riqueza taxonómica en sitios de vegetación nativa de la zona costera de la Región del Biobío.

ESTRUCTURA GENERAL DE LA TESIS.

CAPITULO I:

“Diversidad genética de cuatro relictos de vegetación nativa, Cordillera de la Costa, Región del Biobío, Chile.”

Este capítulo ayuda a responder el objetivo específico 1 de esta tesis.

CAPITULO II:

“Relación entre la diversidad genética y riqueza taxonómica en la evaluación de la biodiversidad en sitios del bosque nativo costero de la Región del Biobío, Chile”.

Este capítulo ayuda a responder el objetivo específico 2 de esta tesis. Como resultado de esto, se informa el siguiente manuscrito:

Manuscrito enviado a la revista Gayana Botánica (carta de recepción)

Manuscrito adicional:

“Diversidad taxonómica y genética, del sitio prioritario Península de Hualpén Región del Biobío Chile. Implicancias para la conservación”.

Manuscrito aceptado en la revista Gayana Botánica (carta de aceptación definitiva)

[http://www.scielo.cl/scielo.php?script=sci_serial&pid=0717-6643&lng=es&nrm=iso.](http://www.scielo.cl/scielo.php?script=sci_serial&pid=0717-6643&lng=es&nrm=iso)

CAPITULO I

“Diversidad genética de cuatro relictos de vegetación nativa, Cordillera de la Costa, Región del Biobío, Chile.”



Diversidad genética de cuatro relictos de vegetación nativa, Cordillera de la Costa, Región del Biobío, Chile.

Glenda Fuentes Arce & Eduardo Ruiz Ponce.

Manuscrito en preparación

Resumen

El centro-sur de Chile se caracteriza por poseer un alto grado de endemismo y fragmentación, por lo que fue considerado uno de los *hotspot* de biodiversidad a nivel global. En particular, la zona costera de la Región del Biobío, en los últimos siglos ha registrado una significativa pérdida de bosque nativo, el cual se ha visto reducido a menores parches de vegetación nativa. Esto hace necesario determinar criterios de conservación, adecuados para zonas fragmentadas. Una forma de fijar criterios en conservación es la evaluación del potencial evolutivo, el cual puede ser evaluado en términos de la distribución de la diversidad genética intra e inter específica. En este trabajo se evaluó la diversidad genética neutral y de *loci outliers* (potenciales loci bajo selección) en cinco especies de plantas vasculares en cuatro relictos de vegetación nativa en la zona costera de la región del Biobío, mediante marcadores AFLP. Los resultados mostraron la presencia de potenciales *loci* bajo selección en todas las especies evaluadas. Sin embargo, en sólo cuatro de ellas se registró correlación entre este tipo de *loci* y variables climáticas de precipitación y temperatura. Se detectaron patrones claros en la distribución de la diversidad genética, neutral y de *loci outliers*, registrando los mayores valores de diversidad genética, para ambos tipos de datos, en el sitio de Hualpén. Además, los menores valores de estructuración, se registraron entre Hualpén y el resto de los sitios estudiados (Reserva Nacional Nonguén, Parque Coyanmahuida, Quebrada Caramávida). Por lo que, desde el punto de vista de la diversidad genética, se propone a Hualpén como el área de mayor potencial evolutivo, entre los sitios evaluados.

ABSTRACT

South Central Chile is known to have high levels of endemism and fragmentation, for this it is considered as one of the world biodiversity hotspots.

In particular, in the last centuries, the coastal zone of the Biobío region has experienced significant reduction and lost of native forest, leaving isolated patches of vegetation. This reduction and isolation make it necessary to determinate specific conservation criteria. One way of defining conservation criteria is the evaluation of the evolutionary potential, which can be evaluated in terms of the, intra and inter specific genetic diversity and variability.

In this work, neutral and selective genetic diversity (using loci outlier: potentially under selection) were evaluated in five species of vascular plants located in four patches of native vegetation in costal area of the Biobío region using AFLP markers.

The results show the presence of loci under selection in all of the evaluated species. However, in only four of them there was a correlation between loci under selection and climatic variation (precipitation and temperature). There were clear patterns in the distribution of the genetic diversity, of neutral and outliers loci, registering higher levels of genetic diversity of both types of loci in the Hualpén site. This site also presented the lowest levels of population structure compared to the other evaluated sites (Reserva Nacional Nonguen, Parque Coyanmahuida, Quebrada Caramávida). In this work, Hualpén is proposed as the site with higher evolutionary potential among the evaluated sites.

INTRODUCCIÓN

DETERMINACIÓN DE LA DIVERSIDAD GENÉTICA.

La base de la diversidad biológica es la variación a nivel genético. La fuente de variación son los procesos evolutivos, los cuales son a final de cuentas, los responsables de la evolución biológica (i.e. generación de nuevas especies a través de cambios producidos en el genoma y heredados a sucesivas generaciones: Eguiarte 1999, Hendry & Kinnison 2001). Los procesos evolutivos se pueden separar en micro y macro, según el nivel y escala a la cual actúan (Lewontin 1974).

Los procesos micro-evolutivos que generan diversidad en las poblaciones de especies naturales pueden ser divididos en aquellos que responden a un patrón de evolución neutral: mutación, deriva génica y migración (Kopp 2010, Holsinger 2012), y selección natural, la cual es principalmente, tiende a favorecer ciertos genotipos y responde a la búsqueda de variantes que mejoran la función de individuos dentro de una población, siendo en última instancia la fuente de adaptación (Merillä *et al.*, 2001, Kingsolver & Pfennig 2007). Por lo que, conocer los patrones espaciales de diversidad genética, permiten evaluar la distribución de la variación en las poblaciones de una especie, siendo una herramienta fundamental para la conservación de la diversidad biológica.

La diversidad genética puede ser evaluada desde dos enfoques evolutivos: neutral y selectivo (Holderegger *et al.* 2006, Kirk & Freeland 2011). La pérdida de diversidad genética reduce la capacidad de las especies para evolucionar y hacer frente a cambios ambientales (Frankahm 2005). La variación adaptativa y divergencia neutral, son afectados por diferentes procesos micro-evolutivos, es así como, los modelos de distribución alélica asumen que la selección natural a lo largo de un gradiente ambiental, genera cambios graduales en la distribución de *loci* bajo selección, a diferencia de los *loci* neutrales (Manel *et al.* 2010). Al evaluar las poblaciones naturales desde estos dos aspectos de la diversidad genética (neutral y selectiva) surgen alternativas para la conservación, permitiendo planificar en términos de especies y áreas, favoreciendo la protección de linajes aislados históricamente (Moritz 2002).

DIVERSIDAD GENÉTICA NEUTRAL

Si se considera que en poblaciones naturales, la mayor variabilidad dentro del genoma es principalmente neutral (Holsinger 2012), se puede decir que los procesos neutrales constituyen la principal fuente de variación. Entonces la determinación de la variación genética neutral, es clave para conocer el estado de la diversidad genética en una especie.

Esta diferenciación es mediada por procesos estocásticos, como la deriva génica que produce divergencia genética en las trayectorias evolutivas de las poblaciones (Wright 1948). En tanto el flujo génico, proceso que incluye todos los mecanismos que dan lugar al movimiento de genes de una población a otra (Slatkin 1985), tiende a reducir las diferencias genéticas entre poblaciones locales. Sin embargo, cuando se interrumpe este flujo de genes, se produce un incremento en la diferenciación de la población.

DIVERSIDAD GENÉTICA SELECTIVA.

Tradicionalmente, los marcadores moleculares permiten visualizar *loci* neutrales que no están directamente involucrados con respuestas de selección. Estos *loci* son controlados mayoritariamente por deriva génica o flujo génico (Luitkar *et al.* 2003, Allendorf *et al.* 2010). Sin embargo, algunos podrían estar influenciados por selección natural (Storz, 2005). Los *loci* bajo selección son porciones del genoma (marcadores) que muestran patrones de variación diferentes y que se pueden visualizar a través de simulación o pruebas estadísticas (Luikart *et al.* 2003). Se ha encontrado correlación estadística entre la presencia de este tipo de *loci* y parámetros ambientales, lo cual permite establecer hipótesis acerca de factores ecológicos que estén gatillando selección (Joost *et al.* 2007, Moore *et al.* 2014). Dentro de una población, la mayoría de los *loci* tienden a responder de forma similar (demográfica y filogenéticamente). Sin embargo, unos pocos *loci*, importantes para el *fitness*, se comportan de forma diferente y revelan patrones atípicos de variación, estos son los llamados *loci outlier* (Luikart *et al.* 2003, Chen & Yang 2009, Excoffier *et al.* 2009). Existe evidencia en literatura que demuestra que estos *loci outlier* exhiben diferentes valores de diversidad genética, en comparación a los *loci* neutrales y que además estos *loci* están sujetos a selección natural mediada, por ejemplo, por cambios ambientales (Beaumont & Nichols 1996, Joost *et al.* 2007). Identificar genes bajo selección resulta

crítico para entender cómo las especies pueden adaptarse a cambios ambientales, lo cual es relevante desde el punto de vista de la conservación (Luikart *et al.* 2003, Beaumont & Balding 2004, Joost *et al.* 2007, Manel *et al.* 2010). Actualmente, existen herramientas de análisis que junto con permitir identificar potenciales *loci* bajo selección, se pueden correlacionar con parámetros ambientales, pudiendo de esta forma, evaluar indirectamente *loci* ligados a selección (Allendorf *et al.* 2010).

Como se puede apreciar, la estimación de la diversidad genética en términos neutrales y selectivos, entrega información de diferentes aspectos de la historia evolutiva de las especies, siendo necesario abordar ambos aspectos para evaluar el potencial evolutivo en áreas de vegetación nativa de interés.

ÁREA DE ESTUDIO

Recientemente se ha propuesto a los *hotspots* de biodiversidad como posibles áreas con alto potencial evolutivo, debido a que presentan alta diversidad de especies y altos niveles de variabilidad genética en poblaciones naturales, asociados a un alto impacto antrópico (Vandergast *et al.* 2008). Si se considera además que áreas que despliegan una amplia gama de hábitats favorecen la acción de los procesos micro-evolutivos y que dentro de estas áreas se encuentran las zonas de transición climática (Smith *et al.* 2001), en Chile se podría esperar encontrar áreas de alto potencial evolutivo, en este tipo de zonas, dado que en ellas se produce el solapamiento de tipos de climas distintos, creando gradientes ambientales que repercuten en la distribución y adaptación de la biota (Teneb *et al.* 2004).

Dentro del *hotspot* de diversidad chileno, se encuentra una zona de transición climática en la Región del Biobío, la cual se localiza desde los 36°00' hasta los 38°30' latitud sur y desde los 71°00' longitud oeste hasta el Océano Pacífico. Esta región se caracteriza por la confluencia de climas mediterráneo y templado, creando un gradiente climático (Di Castri & Hajek 1976). Esta zona posee además, alto nivel de endemismo (Villagrán *et al.* 1995) y alta riqueza de especies (Cavieres *et al.* 2005).

Dentro de la zona de transición previamente descrita, la Cordillera de la Costa es particularmente importante, debido al grado de intervención humana, poca superficie

remanente de bosque nativo y pocas áreas protegidas (Cavieres *et al.* 2005, Lara *et al.* 2012) (Figura 1.1.).

Por lo cual, se han descrito parches de vegetación nativa, como sitios prioritarios para su conservación (Muñoz *et al.* 1996, Teneb *et al.* 2004, Cavieres *et al.* 2005, CONAMA 2005, Ibarra-Vidal *et al.* 2005). Por estas razones en esta tesis se ha propuesto evaluar el potencial evolutivo de 4 parches de vegetación nativa, dentro de los señalados para esta zona, debido principalmente a la representatividad de especies nativas que poseen y a su favorable accesibilidad. Estos son: Quebrada Caramávida, Reserva Nacional Nonguén, Península de Hualpén y Parque Coyanmahuida (Tabla 1.1, Figura 1.2.).

A pesar que las zonas antes descritas corresponden a zonas protegidas por SNASPE o privados, la información que existe en términos de su diversidad de especies y diversidad genética asociada, es escasa. Además, el efecto que la fragmentación ha tenido en estos parches de vegetación nativa, es poco conocido. En este sentido y debido a la actual estructura de paisaje del bosque nativo de la zona costera de la Región del Biobío (parches de vegetación nativa insertos en matrices urbanas o de plantaciones agro-forestales), resulta complicado pensar en una restauración natural de esta zona del país. Si a este panorama agregamos factores como el efecto del cambio climático global sobre la vegetación, es urgente contar con información y criterios de evaluación, que permitan el desarrollo de estrategias y planes de manejo en conservación de la vegetación nativa remanente en esta zona. En tal sentido, la determinación del potencial evolutivo (en términos de la evaluación de la diversidad y estructura genética) es una poderosa herramienta para el desarrollo de los criterios de conservación.

ESPECIES EN ESTUDIO

En este trabajo se ha propuesto determinar la diversidad y estructura genética de cinco especies filogenéticamente no relacionadas, en cuatro sitios de vegetación nativa, con el fin de determinar zonas de mayor diversidad genética y por ende con mayor potencial evolutivo.

Los requisitos de las especies en estudio son: tener amplia distribución en la zona de estudio, fácil reconocimiento taxonómico en terreno, fácil accesibilidad, no presentar

problemas de conservación. Por estas razones y teniendo en cuenta que varias otras especies podrían también cumplir con los requisitos necesarios, se decidió seleccionar las siguientes especies:

Helecho: *Blechnum hastatum* Kaulf. Helecho nativo de Chile y Argentina, perteneciente a la familia Blechnaceae. Se distribuye desde Fray Jorge hasta Chiloé, crece desde el nivel del mar hasta 2500 m sobre el nivel del mar y también en Juan Fernández (Rodríguez *et al.* 2009).

Angiospermas Dicotiledóneas:

Aextoxicon punctatum Ruiz & Pav. Árbol siempreverde perteneciente a la familia monotípica y endémica de Chile Aextoxicaceae. Se distribuye desde la Región de Coquimbo hasta la Región de los Lagos.

Luma apiculata (DC) Burnet. Árbol siempreverde pertenece a la familia Myrtaceae. Se distribuye desde la Región de Valparaíso hasta la Región de los Lagos.

Cissus striata Ruiz & Pav. Planta trepadora siempreverde pertenece a la familia Vitaceae. Se distribuye desde la Región de Coquimbo hasta la Región de Aysén.

Angiosperma Monocotiledónea:

Lapageria rosea Ruiz & Pav. Género monotípico perteneciente a la familia Philesiaceae. Se distribuye en ambas cordilleras desde la Región de Valparaíso hasta la de Los Lagos (Marticorena *et al.* 2010).

MATERIALES Y MÉTODOS

Marcadores moleculares: En la actualidad, existe una amplia gama de marcadores moleculares para la evaluación de la diversidad genética en poblaciones naturales. Uno de ellos son los marcadores AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphic), los cuales han sido ampliamente utilizados en estudios de genética de poblaciones, dado el alto número de *loci* que se pueden pesquisar, el alto grado de polimorfismo que puede ser detectado, la alta

reproducibilidad de los resultados y la existencia de protocolos estandarizados para su análisis (Luikart 2003, Hill & Weir 2004, Bonin *et al.* 2007, Manel *et al.* 2010).

Recolección de material vegetal: los muestreos se llevaron a cabo desde noviembre de 2012 a enero de 2014. En cada sitio se colectaron de 20 a 30 muestras al azar a lo largo de una transecta . Con el fin de asegurar el muestreo de individuos diferentes y dependiendo de la especie, la toma de cada una de las especies dentro de los sitios se realizó considerando una separación mínima de 5 a 10 metros de distancia entre ejemplares. Se colectó material consistente en hojas nuevas que fueron almacenadas en sílica gel hasta su procesamiento en el laboratorio.

EXTRACCIÓN DE ADN TOTAL

La extracción de ADN se llevó a cabo siguiendo dos protocolos dependiendo de la especie en estudio:

1. CTAB descrito por Doyle & Doyle (1987) y modificado, incluyendo lavado previo de las muestras con Buffer sorbitol, el que ayuda a eliminar polifenoles antes de la extracción con CTAB. La calidad obtenida con esta metodología varió según la especie, siendo implementado para *Aextoxicon punctatum*, *Luma apiculata* y *Lapageria rosea*.
2. Kit de extracción DNeasy® Plant Mini Plant Handbook QIAGEN. Con este método mejoró notablemente la calidad del ADN de *Cissus striata* y *Blechnum hastatum*.

Se estandarizó además el uso de la RNasa, otro paso clave en la obtención de ADN de calidad. Posteriormente, se cuantificaron y diluyeron las muestras (1:5).

AMPLIFICACIÓN AFLP.

La técnica de AFLP se realizó siguiendo el protocolo descrito por Vos *et al.* (1995) con modificaciones de Hasbún *et al.* (2012). El protocolo original consiste de tres etapas: 1. Digestión - ligamiento: 0,5 µg de ADN genómico fueron digeridos con dos endonucleasas (EcoRI y MseI), a 37° C por 2 horas. A los extremos de corte de cada fragmento se ligaron adaptadores de secuencia conocida (adaptadores para EcoRI y MseI). 2. Amplificación preselectiva: en esta etapa se utilizaron partidores complementarios a la secuencia de los

adaptadores, sin bases selectivas extras (EcoRI+0 y MseI+0). 3. Amplificación selectiva: Los productos de amplificación preselección fueron diluidos 10 veces con buffer TE 1X, para luego realizar la amplificación con partidores con tres bases selectivas, reduciendo el número de fragmentos. De este modo, se obtienen patrones de bandeo posibles de analizar. Ambas reacciones de amplificación se llevaron a cabo en un termociclador Eppendorf modelo Master Cycler Gradient. Los productos de la amplificación selectiva fueron separados en un secuenciador automático capilar ABI Prism 310 de Applied Biosystems en el Laboratorio de Genómica Forestal del Centro de Biotecnología de la Universidad de Concepción. Para estandarizar los tamaños de los fragmentos obtenidos se utilizó un estándar de tamaño interno (Gen scan® 500 Rox, PE Applied Biosystem) utilizando el programa ABI Prims GeneScan Análisis 2.1 (PE Applied Biosystems).

ANÁLISIS DE PERFILES AFLP.

Los patrones de bandeo obtenidos fueron visualizados y analizados con el programa *GeneMarker* ® *The Biologist Friendly Software* (Trial Versión <http://www.softgenetics.com/downloads.php>). Las bandas más claras, más intensas y consistentes fueron codificadas en una matriz de presencia/ausencia (1/0).

DETERMINACIÓN DE LOCI OUTLIERS.

Para determinar la presencia de *loci* bajo selección (*loci outlier*), se siguió el método descrito por Excoffier *et al.* (2009), en el programa Arlequin 3.5.2.2. Con esta información se construyó la matriz de *loci outlier*.

ESTIMACIÓN DE LA DIVERSIDAD GENÉTICA

La diversidad genética fue determinada para las matrices de *loci* neutrales y *loci outlier*, las cuales fueron analizados en el programa GenAlex 6.5.5 (Peakall & Smouse 2012). Para ambas matrices se obtuvieron los siguiente parámetros de variabilidad genética: Número de alelos diferentes (N_a), número de alelo efectivos (N_e), Índice de Shannon (I), heterocigosidad esperada (H_e) y porcentaje de loci polimórficos ($P\%$).

ANÁLISIS DE SEÑALES DE SELECCIÓN.

Los *loci outliers* identificados fueron correlacionados con variables ambientales de los sitios estudiados. Esta correlación se realizó con dos índices dependiendo de la normalidad de los datos: índice de correlación de *Pearson* para datos normales e índice de correlación de *Sperman* para datos no normales, en el programa R 2.1.1 (disponible en <http://www.r-project.org/>). Las variables ambientales fueron obtenidas desde la base de datos *Worldclim* (Hijmans *et al.* 2006). De las 19 variables climáticas más la variable altitud provistas por esta base de datos, se seleccionaron 9 de ellas, las cuales presentaron menor correlación en una comparación pareada, evaluadas a partir de una matriz de correlación de *Sperman* con valores $p > 0,05$ (programa R 2.1. R CORE TEAM. 2014) (Tabla 1.2.).

ANÁLISIS DE ESTRUCTURA POBLACIONAL.

Con la matriz neutral, se analizó la estructura poblacional de cada especie, realizando un análisis de agrupamiento para detectar grupos de poblaciones genéticamente homogéneos, con el programa *Structure* 2.3.3. Posteriormente, se procedió a determinar la distribución de la variación mediante un análisis de varianza molecular (AMOVA) con tres niveles jerárquicos: i) entre grupos obtenidos con *Structure*, ii) entre poblaciones dentro de cada grupo y iii) dentro de cada población. Las diferencias entre pares de poblaciones se estimaron a través del Índice de fijación F_{ST} (Excoffier & Lischer 2010).

Además, se testeó el aislamiento por distancia, a través de un test de Mantel entre las matrices de F_{ST} y de distancia geográfica entre pares de poblaciones, con el programa GenAlex 6.5.2. Con el programa R-project se estimó la correlación entre parámetros de diversidad genética y tamaño de los sitios.

RESULTADOS

ANÁLISIS DE PERFILES AFLP

El número de fragmentos (*loci*) totales obtenidos por especie varió entre 115 en *Blechnum hastatum* a 212 en *Lapageria rosea* (Tabla 1.3).

OBTENCIÓN DE *LOCI OUTLIERS*

Los *loci outliers* variaron de 4 en *Cissus striata* a 17 en *Aextoxicon punctatum*. La tendencia general fue mostrar un mayor número de *loci outliers* bajo la nube de distribución neutral (Figura 1.3.). Sin embargo, para *Lapageria rosea* se encontraron *loci outlier* sobre y bajo la nube de distribución neutral.

RELACIÓN ENTRE VARIABLES CLIMÁTICAS Y *LOCI OUTLIER*

Para analizar este tipo de relaciones es necesario evaluar en cada especie la presencia de este tipo de *loci* y sus valores de frecuencia, pudiendo inferir con ello patrones de selección particulares en determinados sitios. Es así que los análisis de correlación entre los valores de las distintas variables climáticas evaluadas y las frecuencias de los *loci outlier* (Tabla 1. 4.), muestran que existen *loci* correlacionados a variables climáticas en cuatro de las cinco especies (ausentes en *Luma apiculata*). Para la especie *A. punctatum*, se detectó un *locus* (138) ligado a las 9 variables evaluadas (valor-p <0,0001). Si se considera que los *loci outliers* detectados para esta especie están en muy baja frecuencia, este *locus* podría estar siendo eliminado por efecto de selección. Es en RNN donde este locus registra la menor frecuencia para esta especie. *Lapageria rosea* presenta dos *loci outliers*, uno de ellos (*Locus* 55) correlacionado con 8 de las 9 variables, dicha correlación es altamente significativa (valor p < 0,0001). El otro *locus* (195) presentó una alta frecuencia (100%) en un sitio en particular (Quebrada Caramávida), pero en el resto de los sitios su frecuencia es menor, particularmente para EBT (3,7%). En la especie *Blechnum hastatum* el total de *loci outliers* detectados, presentaron correlación con alguna de las variables evaluadas, principalmente con las variables relacionadas a precipitación, salvo el locus 40, que se correlacionó con la variable temperatura media anual. Para *Cissus striata*, solo un *loci outlier* se correlacionó a la temperatura media del trimestre más lluvioso, el resto no presentó correlación con las variables evaluadas.

ESTRUCTURA GENÉTICA

Para analizar los patrones de estructura genética dentro y entre los sitios estudiados, es necesario evaluar esta estructura en cada especie, lo que permite observar los distintas

agrupaciones que se establecen entre sitios. Los análisis de estructura muestran que para cuatro de las 5 especies existen dos grupos genéticos ($K=2$). En *C. striata* y *B. hastatum*, un grupo está conformados por los sitios Hualpén y Reserva Nacional Nonguén y el otro por los sitios Coyanmahuida y Caramávida, con un 90% de asignación de pertenencia de los individuos a cada grupo. Para las especies *A. punctatum* y *Luma apiculata*, un grupo está formado por los sitios Hualpén, Coyanmahuida y Caramávida y el otro por la Reserva Nonguén, con porcentajes de asignación superiores al 75% de pertenencia. Finalmente, *Lapageria rosea* muestra un patrón de estructura genética diferente, donde cada sitio corresponde a un grupo genético específico ($K=4$), con valores de asignación superiores al 70%. (Figura 1.4.).

En las 5 especies, el AMOVA muestra que la mayor proporción de variación se encuentra dentro de cada sitio, con un rango que fluctúa entre 62% para *Blechnum hastatum* y 78% para *Luma apiculata* (Tabla 1.5.). Por otro lado, los porcentajes de diversidad entre sitios, fueron variables entre las especies. *Luma apiculata*, *Cissus striata* y *Blechnum hastatum* presentaron valores bajos de diversidad entre sitios (11%, 12% y 1%, respectivamente), en tanto que *Lapageria rosea* y *Aextoxicon punctatum*, presentaron altos valores de diferenciación (31%). Un caso particular lo constituye *Aextoxicon punctatum*, donde se encontró 0% de variación entre los grupos genéticos (Tabla 1.5.).

En términos de los valores de *Fst*, estos fueron altos para la mayoría de las especies, variando los promedios por especie, entre 0,159 en *Lapageria rosea* y 0,269 en *Blechnum hastatum* (Tabla.1.6.). Al comparar los valores entre pares de sitios, se observa que para la mayoría de las especies la menor estructuración se observa entre los siguientes pares de sitios: Nonguén-Hualpén y Caramávida-Coyanmahuida. La excepción es *Aextoxicon punctatum*, donde la menor estructuración se observa entre Caramávida-Hualpén y Caramávida-Coyanmahuida. Los mayores valores de estructuración se presentan entre Coyanmahuida y el resto de los sitios. Los resultados de estructuración no están siendo explicados por el aislamiento geográfico (valores $p<0,05$).

DIVERSIDAD GENÉTICA

Los valores promedios de diversidad genética para cada sitio, obtenida a partir de la matriz neutral y la de *loci outlier*, fueron significativamente diferentes ($\text{valor}_p < 0,01$). (Tabla 1.7.). Los valores obtenidos con la matriz neutral mostraron un patrón consistente para todos los parámetros de diversidad estimados, donde la mayor diversidad genética se registró en Hualpén, seguido de Nonguén, Caramávida y Coyanmahuida. En tanto que con la matriz de *loci outlier*, Hualpén presentó los mayores valores de diversidad para 4 de los 5 parámetros evaluados (Ne , I , He , $P\%$). El segundo sitio con los mayores valores de diversidad genética resultó ser Coyanmahuida, mientras que los menores valores para esta matriz se registraron en Nonguén.

Por otra parte, al considerar los promedios de los parámetros de diversidad a nivel de especie, los mayores valores se registraron en *Aextoxicon punctatum* para la matriz neutral y en *Blechnum hastatum* y *Aextoxicon puntatum* para la matriz de *Loci outlier* (Tabla 1.8.). Al evaluar las diferencias entre sitios en los parámetros de diversidad genética, se observó que existen diferencias significativas para la matriz neutral, en tanto los valores de la matriz de *loci outlier* no presentaron diferencias significativas. Entre las especies evaluadas se observó, con la matriz neutral, que no existen diferencias significativas entre ellas en Hualpén, en tanto, sí existen diferencias significativas para los otros tres sitios. Para la matriz de *loci outlier* las diferencias significativas, entre los valores de diversidad genética, se presentaron sólo en el sitio Parque Coyanmahuida.

No se encontraron diferencias entre los parámetros evaluados y el tamaño de cada sitio (Tabla 1.1.), de acuerdo con los valores- $p > 0,05$ en todos los casos.

DISCUSIÓN

Los resultados del presente trabajo, mostraron patrones claros en la distribución de la diversidad genética para todos los parámetros evaluados, siendo Hualpén el sitio que alberga mayores niveles de diversidad. Por otro lado, para la mayoría de las especies (4 de 5) se encontraron dos grupos genéticos, lo que es respaldado por los resultados del AMOVA, donde una significativa proporción de la variación se da entre grupos. La estructura muestra además, una estrecha conexión entre los sitios de Hualpén-Nonguén y

Coyanmahuida-Caramávida, en tres de las cinco especies evaluadas. Los resultados obtenidos con la matriz de *loci outlier* mostraron señales de selección, evidenciadas por la correlación encontrada entre este tipo de *loci* y variables climáticas de precipitación y temperatura. Los bajos valores de F_{ST} que presentaron estos *loci* en la mayoría de las especies, pueden ser evidencia de ausencia de adaptación local. En base a estos resultados se propone al sitio Hualpén como la zona de mayor potencial evolutivo entre los sitios evaluados.

DIVERSIDAD Y ESTRUCTURA GENÉTICA

Los valores de diversidad genética obtenidos en esta tesis resultaron comparables a los reportados parcialmente por otros trabajos que abordaron especies con similares características y en los cuales se utilizó el mismo tipo de marcador genético. Esta tesis obtuvo valores de diversidad comparables a los reportados para el Parque Coyanmahuida por Torres-Díaz *et al.* (2013) en *Luma apiculata*, *Aextoxicon punctatum* y *Cissus striata* y levemente menores en *Lapageria rosea*. Sin embargo, en el caso particular de la *He*, las especies *Lapageria rosea* y *Cissus striata*, en esta tesis presentaron valores menores que los reportados por Torres-Díaz *et al.* (2013).

Al considerar las características de vida de las especies, los resultados de esta tesis para la mayoría de las plantas estudiadas (He : 0,200 y F_{st} : 0,281) mostraron valores cercanos a los reportados por Nybom (2004), con valores de He de 0,230 y F_{st} de 0,350. Una excepción la constituye *Lapageria rosea*, con un valor de He (0,167), similar al de especies con tipo de reproducción que combinan tanto reproducción sexual como asexual, las que en promedio han sido reportadas con un valor de He de 0,180 (Nybom 2004). Este tipo de estrategia ha sido reportada para esta *Lapageria rosea* por Henríquez (2002) y (2004).

En la evaluación de los cuatro sitios de vegetación nativa: Península de Hualpén, Reserva Nacional Nonguén, Parque Coyanmahuida y Quebrada Caramávida, se observó además un patrón claro tanto en la diversidad genética neutral como selectiva. Para los datos neutrales, los sitios de Hualpén y Nonguén presentaron los mayores valores de diversidad genética, en tanto los menores valores los mostró el sitio Coyanmahuida. Para

los datos de *loci outliers*, Hualpén aparece nuevamente como el sitio con mayores valores en los índices de diversidad genética, en tanto el sitio con menores valores para la mayoría de los parámetros evaluados (excepto N_a) fue Nonguén.

Si consideramos que la diversidad genética depende de los procesos microevolutivos (Soler 2002), en ambientes altamente intervenidos y fragmentados, el equilibrio de dichos procesos puede verse alterado en poblaciones naturales debido a perturbaciones exógenas. Como consecuencia, la capacidad de respuesta de las poblaciones naturales ante cambios ambientales disminuye y con ello el potencial evolutivo de las especies (Frankham 1995, Jiménez & Collada 2000, Freeland 2005). Tal es el caso de la Cordillera de la Costa en la región del Biobío, la cual se encuentra dentro de una de las zonas con mayor grado de intervención humana, poca superficie remanente de bosque nativo (40% de bosque nativo en relación al bosque ancestral, previa colonización española) y pocas áreas protegidas (3,4% del bosque nativo original bajo áreas protegidas por SNASPE) (Lara *et al.* 2012). Debido a lo anterior, los resultados de esta tesis son relevantes ya que evalúan los valores de diversidad genética de poblaciones naturales que aún persisten en esta región. Si bien es cierto, se han reportado sistemas fragmentados con data mayor a 100 años, que pueden presentar efectos negativos y estadísticamente significativos sobre la diversidad genética (Aguilar *et al.* 2008), esta tesis mostró un patrón diferente, en el cual los resultados de diversidad son similares a promedios reportados por otros autores para zonas con menor fragmentación (Nybom 2004) y levemente superiores a zonas fragmentadas como el Parque Coyanmahuida (Torres-Díaz *et al.* 2013). Esta situación puede tener una justificación en términos del efecto de los procesos históricos sobre la diversidad genética en el área de estudio. Si consideramos lo enunciado por Sèrsic *et al.* (2011), quienes destacan el posible rol de refugio durante el último período glacial de esta zona de la Cordillera de la Costa, considerada el límite norte de los procesos periglaciales (Villagrán 2001), esta zona todavía mantendría los niveles de diversidad genética debido a su calidad de refugio glacial (Premoli *et al.* 2000, Sèrsic *et al.* 2011). De este modo, sitios como el de la Quebrada Caramávida habrían mantenido los niveles de diversidad genética del bosque ancestral, así como también el resto de los sitios evaluados en este estudio (Vera-Escalona *et al.* 2012).

En relación a la estructura genética, cuatro de las cinco especies en estudios muestran la existencia de dos grupos genéticos ($K=2$), tres de las cuales muestran a los sitios de Hualpén y Nonguén dentro de un mismo grupo. La excepción la constituye *Lapageria rosea*, la cual presenta cuatro grupos genéticos ($K=4$), y cada uno de ellos coinciden con los sitios estudiados. Este patrón puede estar fundado en la acción de selección adaptativa detectada para esta especie en este trabajo, que se discute más abajo. Es así que la adaptación local permite establecer diferencias genéticas entre las poblaciones naturales de una especie a pesar de la existencia de flujo génico (Tigano & Friesen 2016). Si se considera el efecto que ha tenido la fragmentación, afectando de manera negativa la calidad del polen de *Lapageria rosea* (Henríquez 2002), por ende afectando de igual manera la diversidad genética de esta especie. Los valores de estructura genética podrían también ser explicados en función de la dinámica reproductiva de la especie, al respecto se ha documentado que en fragmentos de bosque nativo, la viabilidad, el tamaño y la capacidad de germinación de las semillas se verían reducidos en comparación con un bosque continuo, provocando una mayor tendencia a la endogamia en las poblaciones de bosque fragmentados, tal como se ha registrado para *Lapageria rosea* en el estudio de Henríquez (2004). Los resultados reportados en este trabajo podrían estar reflejando esta situación, la cual es reforzada por los valores de H_e obtenidos en *L. rosea*, los cuales son similares a los reportados para especies con mezcla de tipo de reproducción sexual y asexual (Nybom 2004).

LOCI OUTLIERS Y SEÑALES DE SELECCIÓN

En el presente trabajo se obtuvieron *loci outliers* para las cinco especies en estudio, aunque en sólo cuatro de ellas (excepto para *Luma apiculata*) se observó correlación con alguna de las variables ambientales evaluadas. En *A. punctatum*, *C. striata* y *B. hastatum*, los *outliers* detectados presentaron bajos valores de F_{st} , lo que es reflejo de la selección tipo estabilizadora (Excoffier *et al.* 2009), que aumenta la cantidad de heterocigotos. En total ocho *loci outliers* fueron correlacionados con variables de temperatura o precipitación, tres de los cuales presentaron correlación con variables de ambos tipos. Este tipo de correlación ha sido reportada para una especie amenazada que sobreviven en sectores fragmentados en

Asia (Wang *et al.* 2016). La variable Temperatura media anual (BOI1), fue correlacionada con la frecuencia de *loci outliers* en tres de las cuatro especies (*A. punctatum*, *L. rosea*, *B. hastatum*). En particular para *B. hastatum* se destaca que, de las 5 variables correlacionadas, cuatro de ellas son variantes de precipitación, lo que puede ser el reflejo de la dependencia de esta especie al agua para completar su ciclo de vida (gametofito acuático, espermatozoides flagelados) (Ponce *et al.* 2002, Rodríguez *et al.* 2009). En *A. punctatum* se observó correlación con la mayoría de las variables climáticas evaluadas, encontrando correlación entre un *loci outlier* (135) y las nueve variables climáticas, lo que puede ser el reflejo de un fuerte proceso de selección sobre este *locus* en particular. En tanto para *Lapageria rosea*, el mayor número de *loci outliers* se observó sobre la nube de dispersión neutral (altos valores de F_{ST}), lo que denota la acción de selección tipo adaptativa (Excoffier *et al.* 2009). Este resultado podría explicar la estructura genética obtenida en *L. rosea*, atribuyendo a ésta, la acción de procesos de selección local dentro de los sitios, separando a estos en grupos genéticos distintos.

En relación a la correlación con las variables de temperatura y precipitación, existe información en literatura, que las destacan como factores modeladores de la estructura genética en plantas (Manel *et al.* 2010, Wang *et al.* 2016). La detección de alelos asociados a disponibilidad hídrica, en conjunto con loci asociados a variables de energía (temperatura) ha sido previamente reportada por Jump *et al.* (2009), quienes mostraron que un rápido cambio genético puede estar conectado al cambio climático. Por lo que la identificación de este tipo de alelos es importante en términos de la capacidad de las especies para hacer frente a cambios en las condiciones ambientales. Otro importante ejemplo es el de *Fagus sylvatica*, en el cual se ha notado que una respuesta en un corto período de tiempo no depende de la generación de nueva variación, sino más bien depende del *pool* de variación disponible que posee la especie dentro de su rango de distribución natural (Jump *et al.* 2006). Este último trabajo hace hincapié en la importancia de la conservación de todo el rango de distribución de las especies, en lugar de sólo conservar ciertas áreas discretas, ya que a pesar de la presunta presencia de altos niveles de diversidad genética dentro porciones particulares de su distribución, alelos específicos importantes en la respuesta a determinados variables ambientales pueden estar ausentes en esas porciones.

Estos aspectos fortalecen la importancia de los sitios de vegetación nativa remanente en la zona de estudio, ya que a pesar de poseer altos niveles de diversidad genética también muestran señales de selección ligados a variables climáticas, manteniendo alelos importantes y particulares que podrían ser clave en la respuesta de las poblaciones frente al cambio climático global, aumentando de esta forma el valor de estos sitios para la conservación.

En el ámbito de la planificación para la conservación, cabe señalar que en nuestros resultados se aprecian patrones de diversidad que son independientes de los tamaños de los parches y el estatus actual de conservación de cada uno de los sitios. Esto es un antecedente importante ya que pese a que no existe una política clara para todos los sitios respecto a la evaluación y posible manejo que en ellos se realice, los niveles de diversidad genética obtenidos, son similares a los valores enunciados en otros trabajos, lo que podría ser señal de una mantención de los niveles de diversidad genética dentro de los sitios de vegetación nativa remanente en esta región.



CONCLUSIONES

Los resultados del presente estudio permiten concluir que Hualpén es el sitio con mayor potencial evolutivo de los cuatro sitios evaluados, ya que presentó los mayores valores de diversidad genética dentro del sitio y menores valores de estructuración con el resto de los sitios.

Este estudio corrobora la importancia de la evaluación de la componente genética de la biodiversidad, en la priorización de sitios para la conservación, ya que la diversidad genética no se correlaciona con parámetros como el tamaño de los parches, o el estatus de conservación actual de éstos.

Debido a las diferentes respuestas genéticas de las distintas especies analizadas en este estudio, se plantea la necesidad de incorporar la mayor cantidad de grupos de plantas en los análisis de evaluación de sitios para la conservación.

AGRADECIMIENTOS

Se agradece el financiamiento del PROYECTO DIUC N° 211.111.057 - 1.0. Administración de la reserva Hualpén, en especial a Don Ricardo León, por su valiosa ayuda en los muestreos. A CONAF por su apoyo y disposición en el muestreo de realizado en la Reserva Nacional Nonguen. A Bosques Arauco y Forestal Celco por las facilidades prestadas para la realización de los muestreos en los sitios Quebrada Caramávida y Parque Coyanmahuida respectivamente. Al Dr. Diego Alarcón y a la Dra. (C) María Moreno por sus revisiones y cometarios.



LEYENDA FIGURAS

Figura 1. 1. Mapa de la región del Biobío. En morado las zonas cubiertas por plantaciones forestales, en gris las zonas de plantaciones agrícolas, en amarillo praderas de uso agrícola, en verde extensiones de bosque nativo, zonas bajo protección efectiva del estado demarcadas por línea roja, área que abarca la cordillera de la Costa demarcada por línea calipso.

Figura 1. 2. Mapa de la distribución de los sitios analizados: Reserva Nacional Nonguén (RNN), Estación de Biología Terrestre (EBT) península de Hualpén, Parque Coyanmahuida (PC) y Quebrada Caramávida sector Pino Huacho (QC).

Figura1. 3. Gráfica de distribución de *loci outliers* para cada especie en estudio. Líneas en rojo representan puntos sobre el nivel de significancia de $p=0,01$; líneas en azul representan puntos sobre el nivel de significancia de $p=0,05$; en eje Y se gráfica los de F_{ST} ; en eje X se gráfica los valores de heterocigocidad. En el recuadro inferior de la derecha se detalla las abreviaturas de las distintas especies.

Figura 1. 4. Gráfica de barra para la distribución de los porcentajes de asignación de cada especie a su grupo genético. Cada color representa un grupo genético diferente (N.º de K). En el eje Y se gráfica los porcentajes de asignación; en el eje X se gráfica el detalle del genotipo de cada individuo (cada color representa un grupo diferente).

Figura 1. 1.

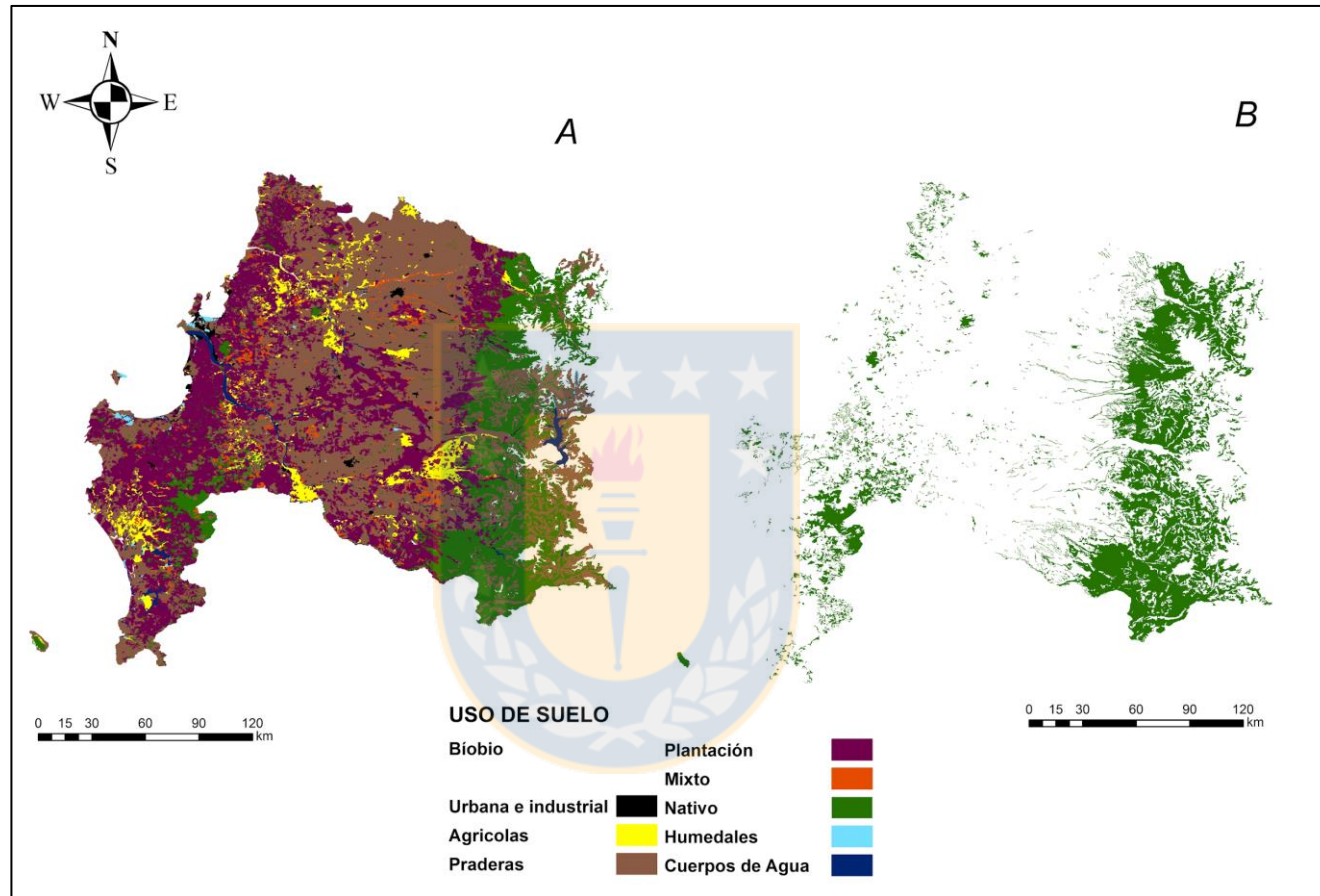


Figura 1. 2.

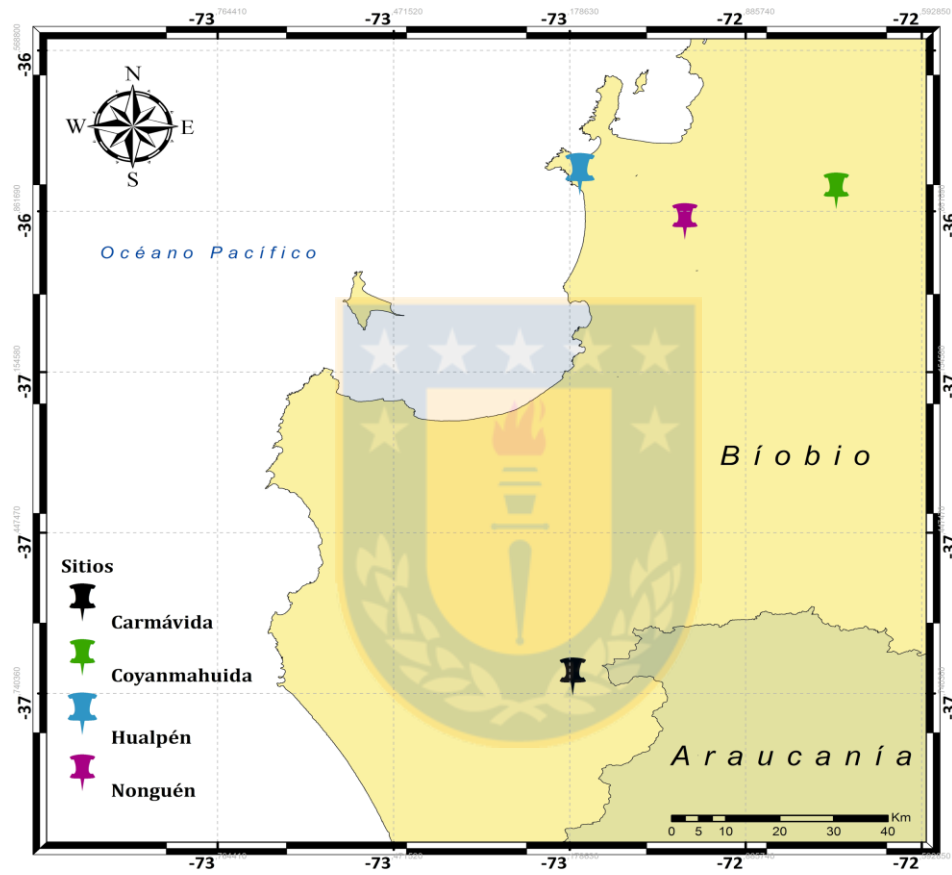


Figura 1. 3.

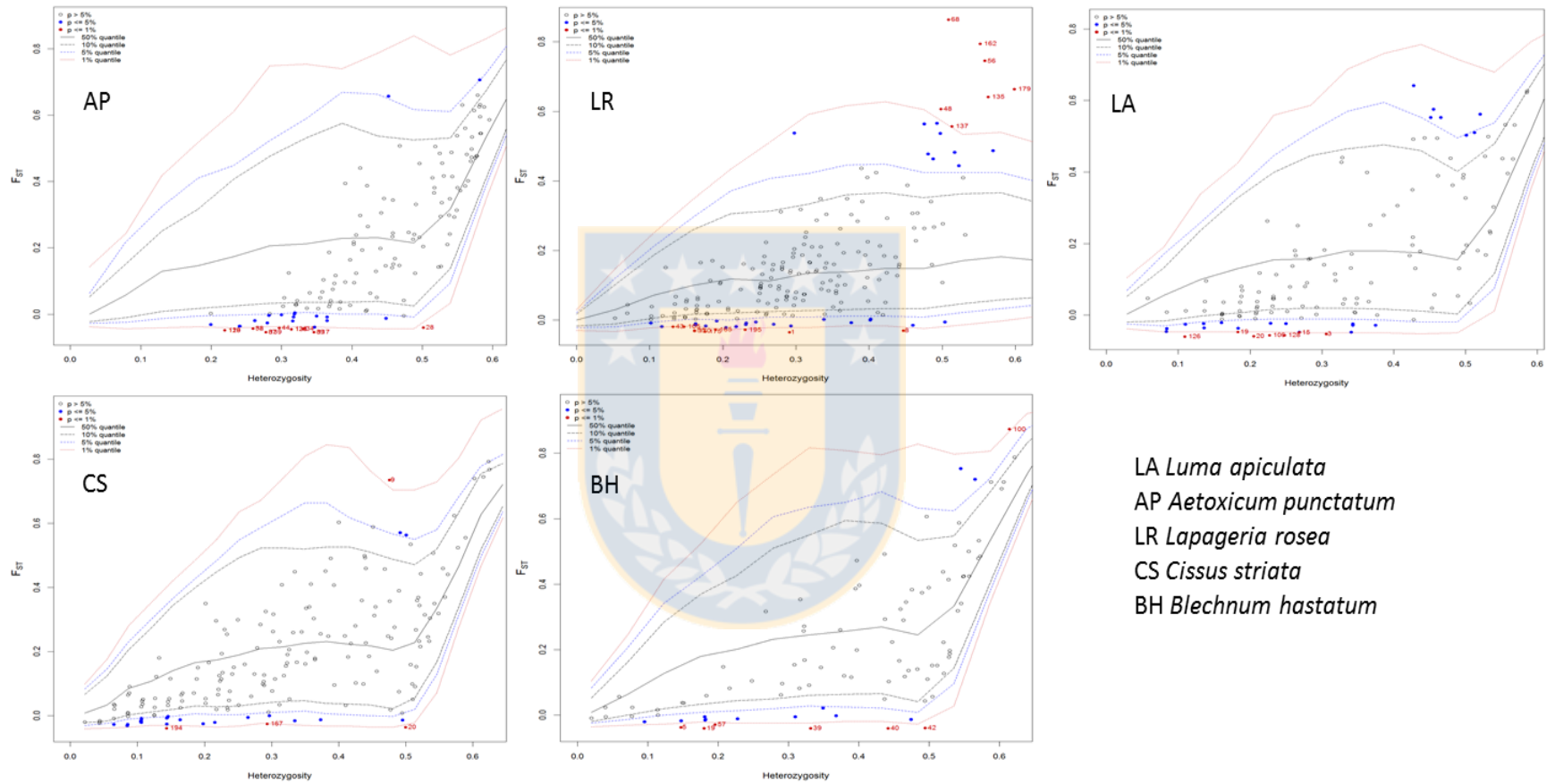


Figura 1. 4.

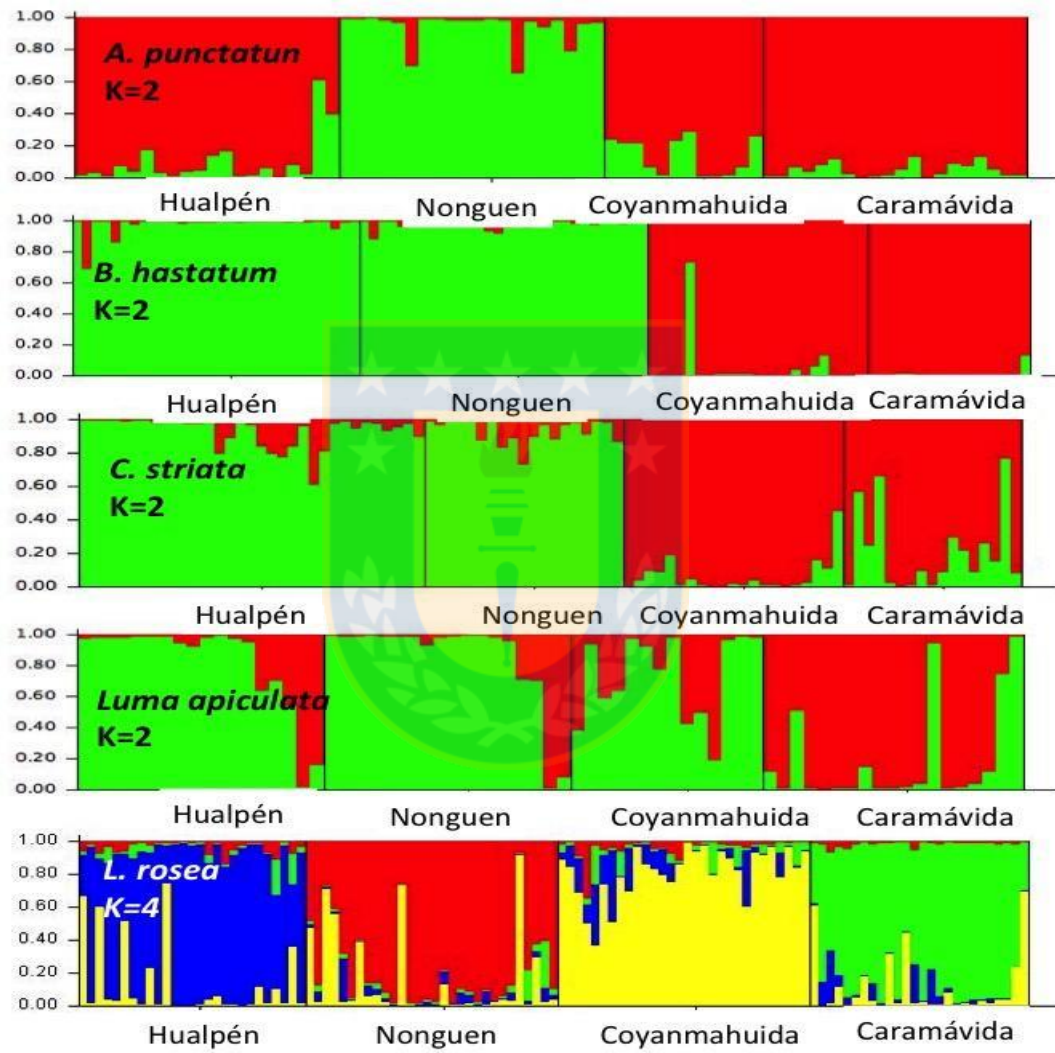


Tabla 1. 1. Información de los sitios en estudio, ubicación, extensión y estatus.

| <i>Sitio</i> | <i>Coordenadas</i> | <i>Provincia</i> | <i>Hectáreas</i> | <i>Estatus</i> |
|---------------------------------|--------------------------------|------------------|------------------|---|
| Península de Hualpén | 36°49' S - 73°13'O | Concepción | 89 | Santuario de la Naturaleza Decreto N°556 del Ministerio de Educación, Ley N.º 17.288 de Monumentos Nacionales |
| Reserva Nacional Nonguén | 36°52'S - 73°00'O | Concepción | 3.056,96 | Reserva Nacional bajo el Decreto 132/ 2009 del Ministerio de Bienes Nacionales, publicado en el Diario Oficial, el 24 de Diciembre del año 2010 |
| Quebrada Caramávida | 37°42'32,6"S - 73°10'23,9"O | Arauco | 139,5 | Sitio Prioritario para la conservación, Ministerio de medio ambiente (CONAMA 2005) |
| Parque Coyanmahuida | 36° 49'S, 72°43'O | Florida | 24 | Parque privado perteneciente a Forestal Celco |

Tabla 1. 2. Listado de variables climáticas obtenidas desde la base de datos WorldClim. Detalles de abreviaturas correspondientes y especificación de las variables seleccionadas para el análisis de correlación (Sí). Número de variable (N°).

| N° | Variables climáticas | Abreviatura | Seleccionada |
|----|--|-------------|--------------|
| 1 | Altitud (m) | Alt. | NO |
| 2 | Temperatura Media Anual: Promedio temperaturas máximas y mínimas de cada período | BIO1 | SI |
| 3 | Rango Medio de Temperatura: Promedio de Rangos de temperatura para cada período | BIO2 | NO |
| 4 | Isotermalidad: (Rango Medio de Temp)/(Rango de Temp Anual) | BIO3 | NO |
| 5 | Estacionalidad de la T°: Desv. St. de T° medias (ej. expresadas como % de la T° media anual) en K° | BIO4 | NO |
| 6 | T°Máx de Mes más Cálido: T° mayor de T°máx mensual | BIO5 | NO |
| 7 | T°Mín de Mes más Frío: T° menor de T°mín mensual | BIO6 | SI |
| 8 | Rango Anual de T°: Diferencia entre MáxT° de Período Cálido y MínT° de Período Frío | BIO7 | NO |
| 9 | T° Media del Trimestre más Lluvioso | BIO8 | SI |
| 10 | T° Media del Trimestre más Seco | BIO9 | SI |
| 11 | T° Media del Trimestre más Cálido | BIO10 | NO |
| 12 | T° Media del Trimestre más Frío | BIO11 | SI |
| 13 | PP Anual (mm) | BIO12 | NO |
| 14 | PP del Mes más Lluvioso | BIO13 | NO |
| 15 | PP del Mes más Seco | BIO14 | NO |
| 16 | Estacionalidad de la PP: Desviación Standard de PP mensual como % de la PP Anual Media | BIO15 | NO |
| 17 | PP del Trimestre más Lluvioso | BIO16 | SI |
| 18 | PP del Trimestre más Seco | BIO17 | SI |
| 19 | PP del Trimestre más Cálido | BIO18 | SI |
| 20 | PP del Trimestre más Frío (mm) | BIO19 | SI |

Tabla 1. 3. Detalles del tipo y número de loci por especie. Número de *Loci* Totales (NLT), Número de *Loci* Polimorficos (NLP), Número de *Loci* Neutrales (NLN) y Número de *Loci* Outliers (NLO).

| <i>Especie</i> | <i>NLT</i> | <i>NLP</i> | <i>NLN</i> | <i>NLO</i> |
|------------------------|------------|------------|------------|------------|
| <i>A. punctatum</i> | 156 | 144 | 125 | 17 |
| <i>B. hastatum</i> | 212 | 200 | 196 | 4 |
| <i>C. striata</i> | 115 | 107 | 100 | 7 |
| <i>Lapageria rosea</i> | 214 | 210 | 194 | 16 |
| <i>Luma apiculata</i> | 148 | 143 | 137 | 6 |

Tabla 1. 4. Resultados del análisis de correlación entre *loci outliers* y variables climáticas, para cuatro de las cinco especies. Celdas grises muestran relación de parámetros que tienen un valor-p entre 0,01 y 0,05. Celdas negras representan una relación de parámetros que tienen un valor-p <0,001.

| <i>Variable Climatica</i> | <i>BIO1</i> | <i>BIO6</i> | <i>BIO8</i> | <i>BIO9</i> | <i>BIO11</i> | <i>BIO16</i> | <i>BIO17</i> | <i>BIO18</i> | <i>BIO19</i> |
|-----------------------------|-------------|-------------|-------------|-------------|--------------|--------------|--------------|--------------|--------------|
| <i>Loci Outliers</i> | | | | | | | | | |
| <i>C. striata</i> | | | | | | | | | |
| 194 | | | | | | | | | |
| <i>B. hastatum</i> | | | | | | | | | |
| 39 | | | | | | | | | |
| 40 | | | | | | | | | |
| 42 | | | | | | | | | |
| 100 | | | | | | | | | |
| <i>A. punctatum</i> | | | | | | | | | |
| 138 | | | | | | | | | |
| <i>L. rosea</i> | | | | | | | | | |
| 55 | | | | | | | | | |
| 195 | | | | | | | | | |

Tabla 1. 5. Distribución de la variación para cada una de las especies, en tres niveles jerárquicos; entre grupos genéticos, entre sitios dentro de grupos genéticos y dentro de sitios. Para *Lapageria rosea* se evaluó en dos niveles jerárquicos entre sitios y dentro de sitios (en esta especie cada grupo genético coincide con cada sitio).

| LA | GI | SC | % | CS | GI | SC | % | LR | GI | SC | % |
|-------------------------------|--------|----------------|------|-------------------------------|-------|----------------|------|------------------------------------|-------|----------------|--------------|
| Entre grupos genéticos | 1 | 114,370 | 11% | Entre grupos genéticos | 1 | 348,251 | 18% | Grupos genético= Sitio | | | |
| Entre sitios | 2 | 131,444 | 11% | Entre sitios | 2 | 198,773 | 12% | Entre sitios | 3 | 480,468 | 31% |
| Dentro de sitios | 65 | 1172,273 | 78% | Dentro de sitios | 86 | 1878,309 | 70% | Dentro de sitios | 109 | 2651,036 | 69% |
| Total | 68 | 1418,087 | 100% | Total | 89 | 2425,333 | 100% | Total | 112 | 3131,504 | 100% |
| | | valor-p | | | | valor-p | | | | valor-p | |
| PhiRT | 0,111 | 0,001 | | PhiRT | 0,179 | 0,001 | | PhiPT | 0,165 | 0,001 | |
| PhiPR | 0,126 | 0,001 | | PhiPR | 0,142 | 0,001 | | | | | |
| PhiPT | 0,223 | 0,001 | | PhiPT | 0,296 | 0,001 | | | | | |
| AP | GI | SC | % | BH | GI | SC | % | NOMENCLATURA | | | |
| Entre grupos genéticos | 1 | 87,386 | 0% | Entre grupos genéticos | 1 | 384,115 | 37% | (AP) <i>A. punctatum</i> | | | PhiRT |
| Entre sitios | 2 | 396,933 | 31% | Entre sitios | 2 | 34,839 | 1% | (LA) <i>Luma apiculata</i> | | | PhiPR |
| Dentro de sitios | 68 | 1368,083 | 69% | Dentro de sitios | 96 | 1221,186 | 62% | (BH) <i>B. hastatum</i> | | | PhiPT |
| Total | 71 | 1852,403 | 100% | Total | 99 | 1640,140 | 100% | (CS) <i>C. striata</i> | | | |
| | | valor-p | | | | valor-p | | (LR) <i>Lapageria rosea</i> | | | |
| PhiRT | -0,098 | 1,000 | | PhiRT | 0,372 | 0,001 | | gl= grado de libertad | | | |
| PhiPR | 0,307 | 0,001 | | PhiPR | 0,015 | 0,086 | | SC= suma de cuadros | | | |
| PhiPT | 0,239 | 0,001 | | PhiPT | 0,381 | 0,001 | | %= Porcentaje de Variación | | | |

Tabla 1. 6. Detalle en la diagonal inferior, de valores de *Fst* para cada especie entre pares de sitios. Diagonal superior signo detalle de la significancia del valor *Fst*, + = valores significativos $p < 0,05$.

| | | | | |
|-----------------------------|----------------|----------------|-------------------|---------------------|
| <i>Blechnum hastatum</i> | Hualpén | Nonguén | Caramávida | Coyanmahuida |
| Hualpén | 0 | + | + | + |
| Nonguén | 0,009 | 0 | + | + |
| Caramávida | 0,399 | 0,407 | 0 | + |
| Coyanmahuida | 0,347 | 0,355 | 0,018 | 0 |
| <i>Cissus striata</i> | Hualpén | Nonguen | Caramávida | Coyanmahuida |
| Hualpén | 0 | + | + | + |
| Nonguén | 0,154 | 0 | + | + |
| Caramávida | 0,302 | 0,240 | 0 | + |
| Coyanmahuida | 0,353 | 0,296 | 0,123 | 0 |
| <i>Luma apiculata</i> | Hualpén | Nonguen | Caramávida | Coyanmahuida |
| Hualpén | 0 | + | + | + |
| Nonguén | 0,01457 | 0 | + | + |
| Caramávida | 0,22592 | 0,23921 | 0 | + |
| Coyanmahuida | 0,23896 | 0,24482 | 0,31486 | 0 |
| <i>Aextoxicon punctatum</i> | Hualpén | Nonguén | Caramávida | Coyanmahuida |
| Hualpén | 0 | + | + | + |
| Nonguén | 0,291 | 0 | + | + |
| Caramávida | 0,166 | 0,267 | 0 | + |
| Coyanmahuida | 0,218 | 0,336 | 0,166 | 0 |
| <i>Lapageria rosea</i> | Hualpén | Nonguén | Caramávida | Coyanmahuida |
| Hualpén | 0 | + | + | + |
| Nonguén | 0,146 | 0 | | + |
| Caramávida | 0,155 | 0,166 | 0 | + |
| Coyanmahuida | 0,157 | 0,191 | 0,139 | 0 |

Tabla 1. 7. Índices de diversidad genética para cada especie y valores promedios cada sitio, Obtenidos para matrices neutrales (MN) y de *Loci outliers* (MO). Índices; Número de Alelos diferentes (*Na*), Número de alelos efectivos (*Ne*), Índice de Shannon (*I*); Heterocigocidad (*He*) y Porcentaje de loci polimórficos (*%P*). Sitios Hualpén (H), Reserva Nacional Nonguén (RNN), Parque Coyanmahuida (COY) y Cerro Caramávida (CAR).

| Índices | | MN | | | | MO | | | |
|-----------|---------------------|---------------|---------------|---------------|---------------|--------------|--------------|--------------|--------------|
| <i>Na</i> | Especies | H | N | COY | CAR | H | N | COY | CAR |
| | <i>C. sitriata</i> | 2 | 1,515 | 1,18 | 1,433 | 2 | 2 | 1,75 | 2 |
| | <i>B. hastatum</i> | 1,84 | 1,74 | 1,28 | 1,23 | 2 | 1,71 | 2 | 2 |
| | <i>L. apiculata</i> | 1,956 | 1,693 | 1,65 | 1,518 | 2 | 1,67 | 2 | 1 |
| | <i>A. puntatum</i> | 1,984 | 1,92 | 1,984 | 1,992 | 2 | 2 | 2 | 2 |
| | <i>L. rosea</i> | 1,969 | 1,567 | 1,742 | 1,845 | 1,94 | 1,94 | 1,81 | 1,69 |
| | Promedio | 1,9498 | 1,687 | 1,5672 | 1,6036 | 1,988 | 1,864 | 1,912 | 1,738 |
| <i>Ne</i> | | | | | | | | | |
| | <i>C. sitriata</i> | 1,291 | 1,251 | 1,192 | 1,206 | 1,47 | 1,27 | 1,24 | 1,44 |
| | <i>B. hastatum</i> | 1,292 | 1,304 | 1,38 | 1,334 | 1,34 | 1,33 | 1,43 | 1,41 |
| | <i>L. apiculata</i> | 1,273 | 1,241 | 1,238 | 1,271 | 1,17 | 1,11 | 1,24 | 1,17 |
| | <i>A. puntatum</i> | 1,34 | 1,443 | 1,374 | 1,316 | 1,25 | 1,23 | 1,26 | 1,2 |
| | <i>L. rosea</i> | 1,294 | 1,208 | 1,181 | 1,253 | 1,22 | 1,22 | 1,16 | 1,12 |
| | Promedio | 1,298 | 1,2894 | 1,273 | 1,276 | 1,29 | 1,232 | 1,266 | 1,268 |
| <i>I</i> | | | | | | | | | |
| | <i>C. sitriata</i> | 0,326 | 0,264 | 0,2 | 0,222 | 0,44 | 0,32 | 0,25 | 0,42 |
| | <i>B. hastatum</i> | 0,322 | 0,33 | 0,324 | 0,286 | 0,34 | 0,32 | 0,41 | 0,39 |
| | <i>L. apiculata</i> | 0,324 | 0,283 | 0,279 | 0,284 | 0,26 | 0,19 | 0,31 | 0,2 |
| | <i>A. puntatum</i> | 0,367 | 0,427 | 0,406 | 0,359 | 0,33 | 0,32 | 0,35 | 0,3 |
| | <i>L. rosea</i> | 0,339 | 0,251 | 0,233 | 0,296 | 0,27 | 0,27 | 0,21 | 0,2 |
| | Promedio | 0,3356 | 0,311 | 0,2884 | 0,2894 | 0,328 | 0,284 | 0,306 | 0,302 |
| <i>He</i> | | | | | | | | | |
| | <i>C. sitriata</i> | 0,199 | 0,167 | 0,126 | 0,137 | 0,29 | 0,19 | 0,16 | 0,28 |
| | <i>B. hastatum</i> | 0,199 | 0,206 | 0,223 | 0,197 | 0,21 | 0,2 | 0,27 | 0,26 |
| | <i>L. apiculata</i> | 0,196 | 0,172 | 0,17 | 0,182 | 0,15 | 0,1 | 0,18 | 0,12 |
| | <i>A. puntatum</i> | 0,23 | 0,283 | 0,261 | 0,221 | 0,2 | 0,18 | 0,21 | 0,17 |
| | <i>L. rosea</i> | 0,206 | 0,149 | 0,134 | 0,179 | 0,16 | 0,16 | 0,16 | 0,1 |
| | Promedio | 0,206 | 0,1954 | 0,1828 | 0,1776 | 0,202 | 0,166 | 0,196 | 0,186 |
| <i>%P</i> | | | | | | | | | |

| | | | | | | | | | |
|--|---------------------|---------------|---------------|--------------|--------------------|--------------|--------------|-------------|--------------|
| | <i>C. sitriata</i> | 100 | 75,77 | 58,76 | 71,65 | 100 | 100 | 75 | 100 |
| | <i>B. hastatum</i> | 92 | 87 | 63 | 58 | 100 | 85,7 | 100 | 100 |
| | <i>L. apiculata</i> | 97,81 | 84,67 | 82,48 | 75,91 | 100 | 83,3 | 100 | 50 |
| | <i>A. puntatum</i> | 99,2 | 92 | 98,4 | 99,2 | 100 | 100 | 100 | 100 |
| | <i>L. rosea</i> | 98,45 | 78,35 | 87,11 | 92,27 | 93,8 | 93,8 | 87,5 | 81,3 |
| | Promedio | 97,492 | 83,558 | 77,95 | 79,40 6 | 98,76 | 92,56 | 92,5 | 86,26 |



Tabla 1.8. Índices de diversidad genética para matrices neutrales y de *Loci outliers*. Índices; Número de Alelos diferentes (*Na*), Número de alelos efectivos (*Ne*), Índice de Shannon (*I*); Heterocigicidad (*He*) y Porcentaje de *loci* polimórficos (*%P*).

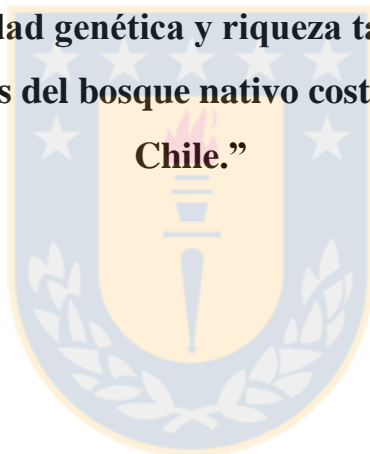
| <i>C. striata</i> | | | | | | | | | | | | | | |
|--------------------|-------|----|-------|-------|-------|-------|-------|----------|----|-------|-------|-------|-------|-------|
| NEUTRAL | | N | Na | Ne | I | uHe | %P | OUTLIERS | N | Na | Ne | I | uHe | %P |
| HUALPEN | MEDIA | 33 | 2,000 | 1,291 | 0,326 | 0,199 | 100 | | 33 | 2,000 | 1,468 | 0,437 | 0,288 | 100 |
| | ES | 0 | 0,000 | 0,019 | 0,014 | 0,010 | | | 0 | 0,000 | 0,185 | 0,120 | 0,095 | |
| NONGUEN | MEDIA | 19 | 1,515 | 1,251 | 0,264 | 0,167 | 75,77 | | 19 | 2, | 1,269 | 0,318 | 0,193 | 100 |
| | ES | 0 | 0,062 | 0,021 | 0,017 | 0,012 | | | 0 | 0,000 | 0,137 | 0,101 | 0,079 | |
| COYANM | | | | | | | | | | | | | | |
| AHUIDA | MEDIA | 21 | 1,180 | 1,192 | 0,200 | 0,126 | 58,76 | | 21 | 1,750 | 1,238 | 0,252 | 0,157 | 75 |
| | ES | 0 | 0,071 | 0,021 | 0,017 | 0,012 | | | 0 | 0,250 | 0,172 | 0,131 | 0,096 | |
| CARAMA | | | | | | | | | | | | | | |
| VIDA | MEDIA | 17 | 1,433 | 1,206 | 0,222 | 0,137 | 71,65 | | 17 | 2,000 | 1,435 | 0,418 | 0,276 | 100 |
| | ES | 0 | 0,065 | 0,021 | 0,016 | 0,012 | | | 0 | 0,000 | 0,181 | 0,119 | 0,096 | |
| X POR | | | | | | | | | | | | | | |
| ESPECIE | MEDIA | 22 | 1,532 | 1,235 | 0,253 | 0,157 | 76,55 | | 22 | 1,938 | 1,353 | 0,356 | 0,229 | 93,75 |
| | ES | 0 | 0,030 | 0,010 | 0,008 | 0,006 | 8,62 | | 0 | 0,063 | 0,080 | 0,056 | 0,043 | 6,25 |
| <i>B. hastatum</i> | | | | | | | | | | | | | | |
| NEUTRAL | | N | Na | Ne | I | uHe | %P | OUTLIERS | N | Na | Ne | I | uHe | %P |
| HUALPEN | MEDIA | 30 | 1,840 | 1,292 | 0,322 | 0,199 | 92,00 | | 30 | 2,000 | 1,335 | 0,341 | 0,213 | 100 |
| | ES | 0 | 0,055 | 0,027 | 0,020 | 0,015 | | | | 0,000 | 0,138 | 0,086 | 0,069 | |
| NONGUEN | MEDIA | 30 | 1,740 | 1,304 | 0,330 | 0,206 | 87,00 | | 30 | 1,714 | 1,325 | 0,321 | 0,204 | 85,71 |
| | ES | 0 | 0,068 | 0,027 | 0,021 | 0,015 | | | 0 | 0,286 | 0,142 | 0,094 | 0,072 | |
| COYANM | | | | | | | | | | | | | | |
| AHUIDA | MEDIA | 23 | 1,280 | 1,380 | 0,324 | 0,223 | 63,00 | | 23 | 2,000 | 1,434 | 0,406 | 0,266 | 100 |
| | ES | 0 | 0,095 | 0,039 | 0,029 | 0,021 | | | 0 | 0,000 | 0,146 | 0,088 | 0,072 | |
| CARAMA | | | | | | | | | | | | | | |
| VIDA | MEDIA | 17 | 1,230 | 1,334 | 0,286 | 0,197 | 58,00 | | 17 | 2,000 | 1,414 | 0,394 | 0,259 | 100 |

| | | | | | | | | | | | | | | |
|-----------------------|-------|----------|-----------|-----------|----------|------------|-----------|----------|----------|-----------|-----------|----------|------------|-----------|
| X POR | ES | 0 | 0,094 | 0,039 | 0,029 | 0,021 | | | 0 | 0,000 | 0,141 | 0,089 | 0,072 | |
| ESPECIE | MEDIA | 25 | 1,523 | 1,328 | 0,315 | 0,206 | 75,00 | | 25 | 1,929 | 1,377 | 0,365 | 0,235 | 96,43 |
| | ES | 0 | 0,042 | 0,017 | 0,013 | 0,009 | 8,50 | | 1 | 0,071 | 0,068 | 0,043 | 0,034 | 3,57 |
| <i>Luma apiculata</i> | | | | | | | | | | | | | | |
| NEUTRAL | | N | Na | Ne | I | uHe | %P | OUTLIERS | N | Na | Ne | I | uHe | %P |
| HUALPEN | MEDIA | 19 | 1,956 | 1,273 | 0,324 | 0,196 | 97,81 | | 19 | 2,000 | 1,172 | 0,264 | 0,145 | 100 |
| | ES | 0 | 0,025 | 0,020 | 0,015 | 0,011 | | | 0 | 0,000 | 0,040 | 0,042 | 0,029 | |
| NONGUEN | MEDIA | 18 | 1,693 | 1,241 | 0,283 | 0,172 | 84,67 | | 18 | 1,667 | 1,114 | 0,191 | 0,101 | 83,33 |
| | ES | 0 | 0,062 | 0,021 | 0,017 | 0,012 | | | 0 | 0,333 | 0,036 | 0,049 | 0,029 | |
| COYANM | MEDIA | 18 | 1,650 | 1,238 | 0,279 | 0,170 | 82,48 | | 18 | 2,000 | 1,238 | 0,314 | 0,184 | 100 |
| AHUIDA | ES | 0 | 0,065 | 0,021 | 0,017 | 0,012 | | | 0 | 0,000 | 0,078 | 0,056 | 0,045 | |
| CARAMA | MEDIA | 14 | 1,518 | 1,271 | 0,284 | 0,182 | 75,91 | | 14 | 1,000 | 1,166 | 0,196 | 0,122 | 50,00 |
| VIDA | ES | 0 | 0,073 | 0,026 | 0,019 | 0,014 | | | 0 | 0,447 | 0,094 | 0,096 | 0,063 | |
| X POR | MEDIA | 17 | 1,704 | 1,256 | 0,292 | 0,180 | 85,22 | | 17 | 1,667 | 1,172 | 0,241 | 0,138 | 83,33 |
| ESPECIE | ES | 0 | 0,030 | 0,011 | 0,008 | 0,006 | 4,59 | | 0 | 0,155 | 0,032 | 0,032 | 0,021 | 11,79 |
| <i>A. punctatum</i> | | | | | | | | | | | | | | |
| NEUTRAL | | N | Na | Ne | I | uHe | %P | OUTLIERS | N | Na | Ne | I | uHe | %P |
| HUALPEN | MEDIA | 20 | 1,984 | 1,340 | 0,367 | 0,230 | 99,20 | | 20 | 2,000 | 1,248 | 0,334 | 0,195 | 100 |
| | ES | 0 | 0,016 | 0,026 | 0,016 | 0,013 | | | 0 | 0,000 | 0,035 | 0,025 | 0,020 | |
| NONGUEN | MEDIA | 20 | 1,920 | 1,443 | 0,427 | 0,283 | 92,00 | | 20 | 2,000 | 1,229 | 0,315 | 0,181 | 100 |
| | ES | 0 | 0,024 | 0,027 | 0,018 | 0,014 | | | 0 | 0,000 | 0,038 | 0,025 | 0,020 | |
| COYANM | MEDIA | 12 | 1,984 | 1,374 | 0,406 | 0,261 | 98,40 | | 12 | 2,000 | 1,262 | 0,346 | 0,207 | 100 |
| AHUIDA | ES | 0 | 0,011 | 0,023 | 0,013 | 0,011 | | | 0 | 0,000 | 0,036 | 0,023 | 0,019 | |
| CARAMA | MEDIA | 20 | 1,992 | 1,316 | 0,359 | 0,221 | 99,20 | | 20 | 2,000 | 1,202 | 0,299 | 0,168 | 100 |
| VIDA | ES | 0 | 0,008 | 0,023 | 0,014 | 0,012 | | | 0 | 0,000 | 0,024 | 0,019 | 0,014 | |

| | | | | | | | | | | | | | | |
|------------------------|-------|----------|-----------|-----------|----------|------------|-----------|----------|----------|-----------|-----------|----------|------------|-----------|
| X POR | | | | | | | | | | | | | | |
| ESPECIE | MEDIA | 18 | 1,970 | 1,368 | 0,390 | 0,249 | 97,20 | 18 | 2,000 | 1,235 | 0,323 | 0,188 | 100 | |
| | ES | 0 | 0,008 | 0,013 | 0,008 | 0,006 | 1,74 | 0 | 0,000 | 0,017 | 0,011 | 0,009 | | |
| <i>Lapageria rosea</i> | | | | | | | | | | | | | | |
| NEUTRAL | | N | Na | Ne | I | uHe | %P | OUTLIERS | N | Na | Ne | I | uHe | %P |
| HUALPEN | MEDIA | 27 | 1,969 | 1,294 | 0,339 | 0,206 | 98,45 | 27 | 1,938 | 1,217 | 0,266 | 0,155 | 93,75 | |
| | ES | 0 | 0,018 | 0,018 | 0,012 | 0,010 | | 0 | 0,063 | 0,063 | 0,045 | 0,034 | | |
| NONGUEN | MEDIA | 30 | 1,567 | 1,208 | 0,251 | 0,149 | 78,35 | 30 | 1,938 | 1,223 | 0,274 | 0,161 | 93,75 | |
| | ES | 0 | 0,059 | 0,017 | 0,014 | 0,010 | | 0 | 0,063 | 0,062 | 0,046 | 0,034 | | |
| COYANM | MEDIA | 30 | 1,742 | 1,181 | 0,233 | 0,134 | 87,11 | 30 | 1,813 | 1,159 | 0,205 | 0,115 | 87,50 | |
| AHUIDA | ES | 0 | 0,048 | 0,015 | 0,013 | 0,009 | | 0 | 0,136 | 0,059 | 0,044 | 0,032 | | |
| CARAMA | MEDIA | 26 | 1,845 | 1,253 | 0,296 | 0,179 | 92,27 | 26 | 1,688 | 1,120 | 0,195 | 0,103 | 81,25 | |
| VIDA | ES | 0 | 0,038 | 0,017 | 0,014 | 0,010 | | 0 | 0,176 | 0,024 | 0,031 | 0,019 | | |
| X POR | MEDIA | 28 | 1,781 | 1,234 | 0,280 | 0,167 | 89,05 | 28 | 1,844 | 1,180 | 0,235 | 0,133 | 89,06 | |
| ESPECIE | ES | 0 | 0,022 | 0,009 | 0,007 | 0,005 | 4,25 | 0 | 0,060 | 0,027 | 0,021 | 0,015 | 2,99 | |

CAPÍTULO II

“Relación entre la diversidad genética y riqueza taxonómica en la evaluación de la biodiversidad en sitios del bosque nativo costero de la Región del Biobío, Chile.”



Primer manuscrito enviado a la revista Gayana Botánica

Relación entre la diversidad genética y riqueza taxonómica en la evaluación de la biodiversidad en sitios del bosque nativo costero de la Región del Biobío, Chile.

Relationship between genetic diversity and taxonomic richness in the assessment of biodiversity in coastal native relict forests of the Biobío Region, Chile.

Glenda Fuentes Arce^{1*}, Diego Alarcón², Fernando Carrasco-Urra¹, María Moreno-Chacón¹, Eduardo Ruíz¹ & Carlos Marcelo Baeza¹.

¹ Departamento de Botánica Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción, Casilla 160 - C, Concepción, Chile. ² Instituto de Ecología y Biodiversidad (IEB)

* Autor por correspondencia: glfuentes@udec.cl



RESUMEN

La evaluación de la relación entre distintos niveles de la biodiversidad dentro de una comunidad vegetal, tales como la diversidad genética y su riqueza taxonómica, constituye una base robusta para evaluar su potencial evolutivo. Esta integración de componentes permite priorizar de mejor forma acciones de planificación para la conservación de la biodiversidad. Con el objetivo de explorar la existencia de una relación entre estas dos componentes, genética y taxonómica, se analizó comparativamente la diversidad genética de cinco especies de plantas vasculares, en relación con la riqueza de especies, en cuatro unidades de conservación: Estación de Biología Terrestre (EBT, Península de Hualpén), la Reserva Nacional Nonguén (RNN), Quebrada Caramávida (QC) y el Parque Coyanmahuida (PCOY). Estos sitios forman parte de la vegetación nativa remanente de la zona costera de la Región del Biobío, caracterizada por un alto endemismo y una reciente y drástica reducción de la superficie de bosque nativo. La diversidad genética se evaluó a través de marcadores AFLP, dentro y entre estos sitios de vegetación nativa.

No se registró una correlación positiva entre los valores de riqueza de especies y los parámetros de diversidad genética al considerar los cuatro sitios en estudio. Sin embargo, en el sitio EBT coincidió la mayor riqueza de especies junto con los mayores valores en los parámetros de diversidad genética para tres de las cinco especies en estudio. Se detectaron diferencias en la composición de la vegetación de los cuatro sitios, destacando la ausencia *Nothofagus* en el sitio EBT, lo que se puede relacionar a un estado sucesional más avanzado de la vegetación respecto de los otros sitios. Desde el punto de vista de la conservación, la información generada permite establecer que EBT es un área de alta diversidad específica y genética. Por ello, constituye un área de alto potencial evolutivo dentro de los sitios evaluados y presenta un alto valor como fuente de propágulos para restauración en la zona. Debido a lo anterior, se recomienda priorizar su manejo y conservación *in situ*.

Palabras claves: variabilidad genética, fragmentación, conservación, AFLP.



ABSTRACT

The assessment of the relationship between genetic and taxonomic diversity in plant community, is a powerful tool for evaluation of evolutionary potential. This integration leads to a better prioritization in systematic conservation planning efforts. In this work, four areas within the coastal forests (with high endemism and important area diminishments) were compared according to genetic diversity as well as species richness: Terrestrial Biology Station (EBT, Hualpén peninsula), Nonguén National Reserve (RNN), Caramávida Basin (QC) and Coyanmahuida Park (PCOY). Genetic diversity within and among the studied sites was assessed using AFLP markers. A positive correlation between species richness and genetic diversity indexes was not found. However, in the EBT site the highest species richness and the highest values for genetic diversity were found. Differences in the vegetation composition were detected among four sites, highlighting the absence of the *Nothofagus* species in EBT site, which can be related to a more advanced successional stage compared to the rest of the sites. From the conservational point of view, the results support that EBT should be prioritized for *in situ* conservation management, since it has higher specific and genetic diversity. Because of EBT showed a higher evolutionary potential we recommend to use this area as propagule source for

restoration purposes.

Keywords: genetic variability, fragmentation, conservation, AFLP.

INTRODUCCIÓN

La diversidad genética es la fuente primaria de variabilidad biológica en poblaciones naturales (Campbell 2003) y es definida como la variación de genes o aparición de variantes genéticas como alelos, genes o genotipos dentro y entre las poblaciones de una especie (Jiménez & Collada 2000). En los últimos años, ha crecido la atención por conservar este componente de la biodiversidad (*e.g.* UICN 2012), entendido que las poblaciones naturales con altos niveles de diversidad genética (alto potencial evolutivo), permite a las especies responder ante eventuales cambios en su hábitat, ya sea la fragmentación o inestabilidad ambiental (Merila *et al.* 2001, Schmidt *et al.* 2008, Sgrò *et al.* 2011). Debido a esto, es que los enfoques actuales de planificación sistemática de la conservación priorizan el resguardo de los hábitats y con ello buscan proteger la dinámica natural de las especies, incluyendo los procesos evolutivos asociados a éstas (Margules & Pressey 2000, Fitzpatrick & Keller 2014, Weinig *et al.* 2014).

Trabajos recientes han propuesto evaluar la relación entre la diversidad genética y la riqueza taxonómica (Kahilainen *et al.* 2014), lo que permitiría apreciar si la comunidad ecológica tiene la capacidad de responder a los cambios en su hábitat a través de los procesos evolutivos, manteniendo y generando diversidad (Thomassen *et al.* 2011). De esta manera, para favorecer la conservación de hábitats, es necesario contar con la evaluación de ambos niveles de la biodiversidad (Noss 1990): riqueza de especies y diversidad genética.

La acción paralela de procesos tales como deriva génica, migración y selección pueden afectar la diversidad taxonómica y genética de una zona, determinando la tendencia y magnitud de la relación entre ambas (Vellend & Geber 2005). En el caso de la deriva, causada por fragmentación, la relación entre diversidad taxonómica y genética puede verse afectada por la escala espacial. De este modo, en parches pequeños de vegetación, la deriva puede causar una mayor pérdida de especies y genotipos que en comunidades vegetales presentes en parches de mayor tamaño. Además, como resultado de la fragmentación, pueden disminuir los rangos de migración (Hubbell 2001, Frankham *et al.* 2005). Por su parte, los procesos de migración pueden

disminuir los efectos que produce la deriva, tanto a escala poblacional como comunitaria, a través de la incorporación de nuevos genotipos, incrementando así la diversidad (Vellerd & Geber 2005). En tanto, la selección natural puede favorecer ciertos genotipos, cambiando la composición de la comunidad. Por lo tanto, entender cómo las diferentes características de los hábitats influyen la diversidad tanto de especies como genética, es una información crítica para predecir la respuesta de la biodiversidad en ambientes alterados (Vellerd & Geber 2005).

Si bien existe una hipótesis de covariación positiva entre la diversidad taxonómica y la diversidad genética (Vellend 2005, Vellend & Geber 2005), los escasos datos empíricos no permiten confirmar o rechazar la existencia de esta relación (Taberlet *et al.* 2012). Por otra parte, a pesar del desarrollo teórico y los modelos que soportan esta covariación, no se puede determinar *a priori* cómo las características de los sitios o la comunidad afectarán la relación entre los componentes de la biodiversidad. Al mismo tiempo, es imposible determinar en una comunidad, los efectos de la historia evolutiva sobre la diversidad intra e interespecífica ni tampoco los efectos de la diversidad de especies sobre la diversidad genética y viceversa (Gugerli *et al.* 2008). Sin embargo, el estudio conjunto de estos dos componentes de la biodiversidad, permite evaluar la dinámica evolutiva de las especies de un hábitat determinado. Además, permite desarrollar criterios y realizar planificaciones de conservación más certeras en bien de la mantención y generación de diversidad a nivel de hábitat (Kahilainen *et al.* 2014). Por ello es fundamental, determinar la riqueza y diversidad genética de especies nativas en un sistema de estudio que incluya ambientes perturbados y además, evaluar la relación entre la diversidad genética y riqueza de especies, dentro y entre sitios. Con esto, se genera información que permite desarrollar criterios y estrategias de conservación que incorporen las dinámicas evolutivas de múltiples áreas de bosques nativos, en especial en zonas con altos niveles de perturbación.

En este contexto, los objetivos de este estudio fueron; 1) Determinar la riqueza de especies en 4 remanentes de bosque nativo costero localizados en la zona de transición climática de la Región del Biobío: la Reserva Nacional Nonguén (RNN), la Estación de Biología Terrestre Hualpén (EBT), Quebrada Caramávida (QC) y Parque Coyanmahuida (PCOY); 2) Comparar la diversidad genética de 5 especies de plantas vasculares, en los 4 sitios anteriormente individualizados (*Aextoxicon punctatum* Ruiz & Pav., *Lapageria rosea* Ruiz & Pav, *Luma apiculata* (DC) Burnet, *Cissus striata* Ruiz & Pav. y *Blechnum hastatum* Kaulf.) y 3) Determinar

si existe relación entre la diversidad genética y riqueza de especies, entre estos sitios, con el fin de priorizar en conservación en términos de su potencial evolutivo.

METODOLOGÍA

SITIOS DE ESTUDIO

Este trabajo se llevó a cabo en una zona de transición climática donde convergen los biomas mediterráneo y templado en Chile (36°00'S - 38°30'S), la cual posee como características de relevancia, los altos niveles de endemismo y una alta riqueza de especies (Villagrán *et al.* 1995, Cavieres *et al.* 2005). En ella se ubica la macro forma de la Cordillera de la Costa, donde se presenta el denominado Bosque Caducifolio de Concepción (36°30'-38°30' S), con *Nothofagus obliqua* como especie dominante que según Gajardo (1994), forma asociaciones mixtas con *Aextoxicon punctatum*, *Cryptocarya alba* (Molina) Looser, *Luma apiculata* o *Gevuina avellana* Molina. Sin embargo, en los últimos siglos en esta zona costera la actividad humana ha ocasionado serias perturbaciones en la vegetación, reduciendo el bosque nativo a fragmentos de cada vez menor tamaño, inmersos en zonas urbanas o entre grandes extensiones de plantaciones forestales de *Pinus radiata* D.Don y *Eucalyptus sp.* (Lara *et al.* 2012, Echeverría *et al.* 2006) (Ver Fig. 2.1.1).

Dentro de esta área fragmentada, se han propuesto varios sitios para la conservación, fundamentalmente en la zona que abarca la región del Biobío, como son el sector donde se encuentra el Parque Coyanmahuida y la Quebrada Caramávida (Cavieres *et al.* 2005) y la Reserva Nacional Nonguén. Esta última destaca por ser una fuente de agua, la presencia de especies en peligro de extinción y por constituir uno de los parches de bosque nativo de mayor extensión en esta zona (CONAMA 2005). Otro sitio relevante es la Península de Hualpén, declarada Santuario de la Naturaleza y considerada dentro de los sitios prioritarios a escala regional (CONAMA 2005). Este último destaca por la presencia del humedal Lengua, además de los parches de vegetación nativa aún presentes, principalmente en la zona del Parque Pedro del Río Zañartu (Polyméris 1995) y la Estación de Biología Terrestre (EBT). Pese a la importancia de estos sitios, siguen persistiendo interrogantes como cuál de ellos es más diverso respecto del número de especies y/o en su diversidad genética, o cuál de los componentes de la biodiversidad puede considerarse más relevante al momento de priorizar acciones en conservación. Por estas

razones en este trabajo se ha propuesto evaluar ambos componentes de la diversidad en los cuatro remanentes de vegetación: Estación de Biología Terrestre (EBT), Reserva Nacional Nonguén (RNN), Quebrada Caramávida (QC) y Parque Coyanmahuida (PCOY) (Tabla 2.1.1., Figura 2.1.1).

ESPECIES SELECCIONADAS PARA EL ANÁLISIS GENÉTICO

Para evaluar la diversidad genética a nivel de sitios, debe emplearse especies filogenéticamente distantes para así capturar la mayor diversidad de la comunidad de las áreas a evaluar (Vandergast *et al.* 2008). Otros requisitos importantes considerados en este estudio fueron: que las especies sean diploides, de fácil reconocimiento taxonómico y que a la vez estén ampliamente distribuidas en la zona de estudio y que sus poblaciones sean de fácil acceso. En este contexto, las especies seleccionadas fueron: una especie de helecho *Blechnum hastatum* Kaulf. (Familia Blechnaceae, nombre vulgar Arriquilquil) y cuatro Angiospermas: una Monocotiledónea *Lapageria rosea* Ruiz & Pav. (Familia Philesiaceae, nombre vulgar Copihue) y tres Dicotiledóneas; *Aextoxicon punctatum* Ruiz & Pav. (Familia Aextoxicaceae, nombre vulgar Olivillo), *Luma apiculata* (DC.) Burnet (Familia Myrtaceae, nombre vulgar Arrayán), *Cissus striata* Ruiz & Pav. (Familia Vitaceae, nombre vulgar Voqui colorado) (Tabla 2.1.2).

ANÁLISIS DE DIVERSIDAD GENÉTICA

El análisis de la diversidad genética se realizó utilizando marcadores moleculares dominantes AFLP. Estos marcadores han probado ser eficientes en los estudios de conservación y genética poblacional en especies de plantas, para las cuales no se tiene conocimiento previo de su genoma (Luikart *et al.* 2003, Manel *et al.* 2010), además de ser una técnica de bajo costo comparado con los marcadores de nueva generación.

COLECTA DEL MATERIAL VEGETAL

La colecta de material para el análisis genético en cada sitio, se realizó a través de la obtención de hojas jóvenes de individuos en las especies seleccionadas. El número de ejemplares colectados se muestra en Tabla 2.1.2. El material vegetal consistió en 100 mg de hojas, para cada individuo, las

que fueron almacenadas en sílica gel para su secado. En RNN el muestreo se llevó a cabo principalmente, a lo largo de los senderos Confluencia y Los Copihues. En la EBT el muestreo se realizó en el área cercana al sendero de exposición norte del parche de bosque nativo, mientras que en QC el muestreo se realizó en el sector denominado Pino Huacho y en áreas aledañas al camino de acceso a dicho sector. Finalmente, el muestreo en PCOY se realizó siguiendo el sendero establecido dentro del parque.

OBTENCIÓN DE LOS MARCADORES MOLECULARES

La extracción de ADN total, el análisis de AFLP y los valores de diversidad genética, fueron obtenidos en el capítulo 1 de la presente tesis.

ANÁLISIS DE RIQUEZA DE ESPECIES

La lista de especies de la RNN se basa en datos de campo (Alarcón, datos no publicados), complementados con información de las colectas del Herbario CONC de la Universidad de Concepción (Tabla. 2.1.S1.). Para el análisis de la EBT se utilizó el listado de especies de Moreno *et al.* (datos no publicados, Tabla. 2.1.S1.). Finalmente para la evaluación de los sitios PCOY y QC, se analizó la lista de especies registradas en las colectas del Herbario CONC de la Universidad de Concepción. (Tabla. 2.1.S1).

Los nombres científicos y clasificación taxonómica de las especies registradas, se realizaron de acuerdo a Stevens (2001). Las especies se clasificaron de acuerdo a su origen en nativas, endémicas e introducidas siguiendo lo establecido por Zuloaga *et al.* (2008).

Los parámetros evaluados en el análisis de riqueza de los cuatro sitios fueron: Número de Especies Totales (NET); Número de Familias (NF); Número de Géneros (NG); Número de Especies Nativas (EN); Número de Especies Endémicas (EE); Número de Especies Introducidas (EI); Familias Predominantes (FP); Géneros Predominantes (GP) y Hábito de Crecimiento (HC) (arbóreo (HC1), arbustivo (HC2), herbáceo (HC3), sub-arbustivo (HC4), epífita (HC5), enredadera (HC6), liana (HC7)).

DETERMINACIÓN DE LA RELACIÓN ENTRE LA DIVERSIDAD GENÉTICA Y RIQUEZA DE ESPECIES

Se realizaron análisis de correlación de *Spearman* (debido a que los datos evaluados no cumplen con la premisa de normalidad), y pruebas de regresión lineal entre los parámetros de diversidad genética y la riqueza de especies de cada sitio. Todos los análisis fueron realizados en el programa *R-project* con el paquete *Rcmdr* (R Development CoreTeam 2008).

RESULTADOS

DIVERSIDAD GENÉTICA

Los resultados de diversidad genética usados en el presente capítulo son los mismos obtenidos en el capítulo 1 de la presente tesis y se resumen en la tabla.1.3. En ella se observó los mayores valores de diversidad genética en el sitio EBT para *Lapageria rosea*, *Luma apiculata* y *Cissus striata*. En tanto las especies *Aextoxicon punctatum* y *Blechnum hastatum*, presentaron los mayores valores en el sitio RNN.

RIQUEZA DE ESPECIES

De los cuatro sitios analizados, el que presentó una mayor riqueza de especies fue EBT (282), mientras que el sitio con menor riqueza fue PCOY (40) (Tabla 2.1.3). Al comparar la proporción de familias identificadas en cada sitio en relación al total de familias presentes en todos los sitios (78,7% en EBT, 52,8% en RNN, 63% en QC y 28,7% en PCOY), se encontró la mayor representación de familias en el sitio con mayor riqueza de especies. Cuando se observó la proporción de géneros en cada sitios en relación al total de los géneros presentes en todos los sitios, se observó el mismo patrón de representación (75,9% en EBT, 33,7% en RNN, 32,3% en QC y 15,2% en PCOY) (Tabla 2.1.3., Figura 2.1.2.A).

Al observar el origen de la riqueza de especies (Tabla 2.1.3., Figura 2.1.2.B), se observó que a pesar de existir una importante proporción de especies introducidas en el sitio de mayor riqueza (EBT), su número total de especies endémicas y nativas es mucho mayor que las introducidas del mismo sitio y además mayor que la riqueza total de los otros sitios. Por otro lado, no se constató relación entre la proporción de especies introducidas con respecto a la riqueza total dentro de

cada sitio. Esta proporción varió desde 5,3% en QC a un 33.9% en EBT, mientras que los otros dos sitios (PCOY, RNN) presentaron proporciones similares (15%) (Tabla 2.1.3., Figura 2.1.2.B).

Por otra parte, al comparar la composición de los sitios, se obtuvieron diferentes resultados dependiendo del nivel taxonómico evaluado. Al observar a nivel de familia, Asteraceae resultó la más abundante en los cuatro sitios. A nivel de géneros, los más representados fueron *Myrceugenia* y *Rumex* (1,8%) en la ETB, *Baccharis* (3,59%) en la RNN, *Cynoglossum* (4,5%) en PCOY. En tanto, en QC tres géneros (*Nothofagus*, *Myrceugenia*, *Gaultheria*, *Baccharis*, *Berberis*) resultaron los más abundantes (cada uno con 2,7%). Aspectos importantes de mencionar son la presencia del género *Nothofagus*, con especies arbóreas pioneras, representadas sólo en los sitios RNN, QC y PCOY, y por otro lado la presencia del género *Podocarpus*, único representante de las Gimnospermas en las áreas estudiadas, observado únicamente en los sitios RNN y QC.

En relación a los hábitos de crecimiento evaluados en este trabajo, los cuatro sitios mostraron proporciones de representación similares, a excepción de una proporción mayor de las herbáceas observadas en el sitio EBT, especialmente la proporción de especies herbáceas anuales (Figura 2.1.2.C).

RELACIÓN DE LA RIQUEZA DE ESPECIES CON LA DIVERSIDAD GENÉTICA

Los resultados de este trabajo muestran que no existe una correlación significativa entre la riqueza de especies y los valores promedios la diversidad genética de los sitios evaluados (valores $p=0.08$ para Índice de Shannon, valores $p=0,192$ para He). Pese a ello, los modelos lineales muestran una pendiente positiva entre niveles de la biodiversidad (Figura 2.1.3), sugiriendo una relación directa. Al observar estas correlaciones para cada especie se puede apreciar que para *Luma apiculata* esta relación fue significativa (valores $p=0,029$ para Índice de Shannon). En tanto para *Lapageria rosea* y *Cissus striata*, no se alcanzaron valores significativos para esta relación. No obstante en estas tres especies, los respectivos modelos lineales arrojaron pendientes positivas (Figura 2.1.4). Siendo los valores de diversidad genética para estas tres especies mayores en la EBT, sitio que además concentra la mayor riqueza de especies. En tanto, *Blechnum hastatum* y *Aextoxicon punctatum* presentaron los mayores valores de diversidad genética en el sitio RNN (Tabla 2.1.4.).

DISCUSIÓN

De acuerdo a los resultados, la distribución espacial de la riqueza de especies no es homogénea en la región en estudio. Siendo el sector de EBT en la península de Hualpén, el que posee la mayor riqueza de especies, así como también el mayor número de familias y géneros, siendo la sumatoria de especies endémicas y nativas superior a la riqueza total de los otros sitios, pese a contar con una alta proporción de especies introducidas. Se aprecia además, una diferencia en términos de la composición de especies entre cada sitio, tal como la presencia de las especies de los géneros *Podocarpus*, que se encuentra sólo en QC y RNN, además de la ausencia de especies del género *Nothofagus* en la EBT.

Las diferencias observadas en la composición de los sitios evaluados en este trabajo, puede radicar en los diferentes procesos de perturbación que han experimentado estos remanentes de vegetación nativa. Por ejemplo, la fragmentación puede provocar cambios significativos en las condiciones abióticas y bióticas en los fragmentos remanentes, en comparación con las que existen en zonas no perturbadas (Noss 1990, Murcia 1995, Vellent & Geber 2005). En particular, la presencia del género *Nothofagus* es importante, ya que las asociaciones forestales dominadas por este género representan etapas sucesionales más tempranas posterior a eventos de perturbación (Veblen & Donoso 1987).

Por otra parte, existe evidencia que fragmentos de vegetación nativa más pequeños podrían ser incapaces de mantener la estructura de la vegetación arbórea (Tabarelli *et al.* 1999). Sin embargo, los resultados de esta tesis no muestran este patrón, si consideramos que el sitio EBT, de menor tamaño, presenta un mayor número de especies arbóreas.

Por otro lado, la diversidad genética para todas las especies analizadas en este estudio, se encuentra dentro de los valores reportados para especies de similares características biológicas (Nyboom 2004). Esto indicaría que la diversidad genética de las especies analizadas en estos sitios no ha sido afectada aún de manera considerable por la fragmentación. Sin embargo, es necesario evaluar la diversidad genética a lo largo de la distribución natural de las especies, sobre todo en sectores no perturbados. Un aspecto que podría haber contribuido a mitigar los efectos de

la fragmentación, es el hecho que la zona en estudio, en el pasado fue un continuo que pudo tener un rol importante como refugio durante las últimas glaciaciones (Villagrán 2001).

Cabe mencionar que los resultados presentados en este trabajo son un primer reporte del estado de la diversidad genética de especies ampliamente distribuidas en la Cordillera de la Costa y su relación con la riqueza de especies en fragmentos de vegetación nativa. Es esencial aumentar la cantidad de especies a estudiar e incorporar otros parámetros de la riqueza de los sitios, como abundancia, con el fin de comprender mejor la relación de estos dos componentes de la diversidad biológica y el proceso de fragmentación del bosque nativo costero. Por otro lado, es importante incluir especies de distribución restringida o con problemas de conservación, como por ejemplo *Berberis negeriana* que en RNN muestra mayores valores diversidad genética dentro del rango de distribución de la especie (Ruiz *et al.* datos no publicados). Otra medida importante de mitigación de los efectos de esta fragmentación, podría ser el intercambio de individuos entre sitios, debido a la imposibilidad de crear conectividad entre parches de vegetación nativa, como ya se ha propuesto en estudios sobre la deforestación y sus efectos en la región del Maule en donde el efecto antrópico ha generado un reemplazo del 29% del bosque nativo por cobertura matorral y de 27% por plantaciones exóticas (Altamirano *et al.* 2010).

Al evaluar los parámetros de diversidad genética y la riqueza de especies en los cuatro remanentes de vegetación nativa los modelos lineales sugirieron una relación directa tanto para los promedios de los sitios como para la mayoría de las especies analizadas. En particular destacar el caso de *Luma apiculata* en el cual esta relación fue significativa. Al observar los valores promedio de diversidad para cada sitio, se puede apreciar que los mayores valores de diversidad genética se dan en el sitio con mayor riqueza de especies (EBT). Además, para tres de las cinco especies evaluadas, se repitió este patrón. Por lo anterior se propone a este sitio como el de mayor potencial evolutivo entre los cuatro evaluados en esta tesis.

Finalmente, este trabajo entrega información relevante desde el punto de vista de la conservación, pues ha evaluado cuatro fragmentos de bosque nativo costero localizados en una zona afectada por intensas perturbaciones antrópicas sostenidas en el tiempo, especialmente durante los últimos siglos (Lara *et al.* 2012) y que han sido propuestas como sitios prioritarios para la conservación (Cavieres *et al.* 2005, CONAMA 2005).

CONCLUSIONES

Los resultados obtenidos apoyan la hipótesis de relación directa entre diversidad genética y riqueza de especies. Se concluye que EBT es el sitio que presenta los mayores valores de diversidad genética y de riqueza de especies, por ello constituye un área de alto potencial evolutivo entre los sitios evaluados, por lo que se recomienda priorizar un plan de manejo para este sitio, idealmente pasando a ser protegido por el Estado (SNASPE). Además, los valores de diversidad genética permiten plantear a EBT como un sitio de alto valor como fuente de propágulos para restauración en toda la península de Hualpén.

AGRADECIMIENTOS.

Se agradece el financiamiento del PROYECTO DIUC N° 211.111.057 - 1.0. Administración de la reserva Hualpén, en especial a Don Ricardo León, por su valiosa ayuda en los muestreos. A CONAF en especial al personal a cargo de la administración y cuidado de la Reserva Nacional Nonguén. Forestal CELCO, Bosques Arauco, por permitir acceder a los sitios Parque Coyanmahuida y Qubreda Caramávida y al señor Boris Fica constante apoyo, consejos y asesoría en los muestreos.

Leyenda de Figuras

Figura 2.1.1. Mapa de los distintos tipos de uso de suelo y coberturas vegetales en la Región del Bío-bío (E). Distintos tipos de usos de suelo y ubicación de sitios evaluados ETB (A), RNN (B), PCOY (C) y QC (D).

Figura 2.1.2. Gráfico de barras con detalles de parámetros de riquezas evaluados para los cuatro sitios; A) Riqueza taxonómica a nivel de Familias, géneros y especies totales, B) Riqueza de especies, nativas, endémicas, introducidas y C) Hábito de Crecimiento, arbóreo (HC1), arbustivo (HC2), herbáceo anual (HC3 HA), herbáceo perenne (HC3 HP), herbáceo epífita (HC3 HX), enredadera (HC4), liana (HC5).

Figura 2.2.3. Gráficos de correlación diversidad genética versus riqueza de especies para los valores promedios de cada sitios, para los parámetros Índice de Shannon (A) y Heterosigocidad (He) (B).

Figura 2.2.4. Gráficos de correlación diversidad genética versus riqueza de especies para los parámetros Índice de Shannon y Heterosigocidad (He), en las especies *Lapageria rosea*, *Luma apiculata* y *Cissus striata*.

Figura 2.1.1.

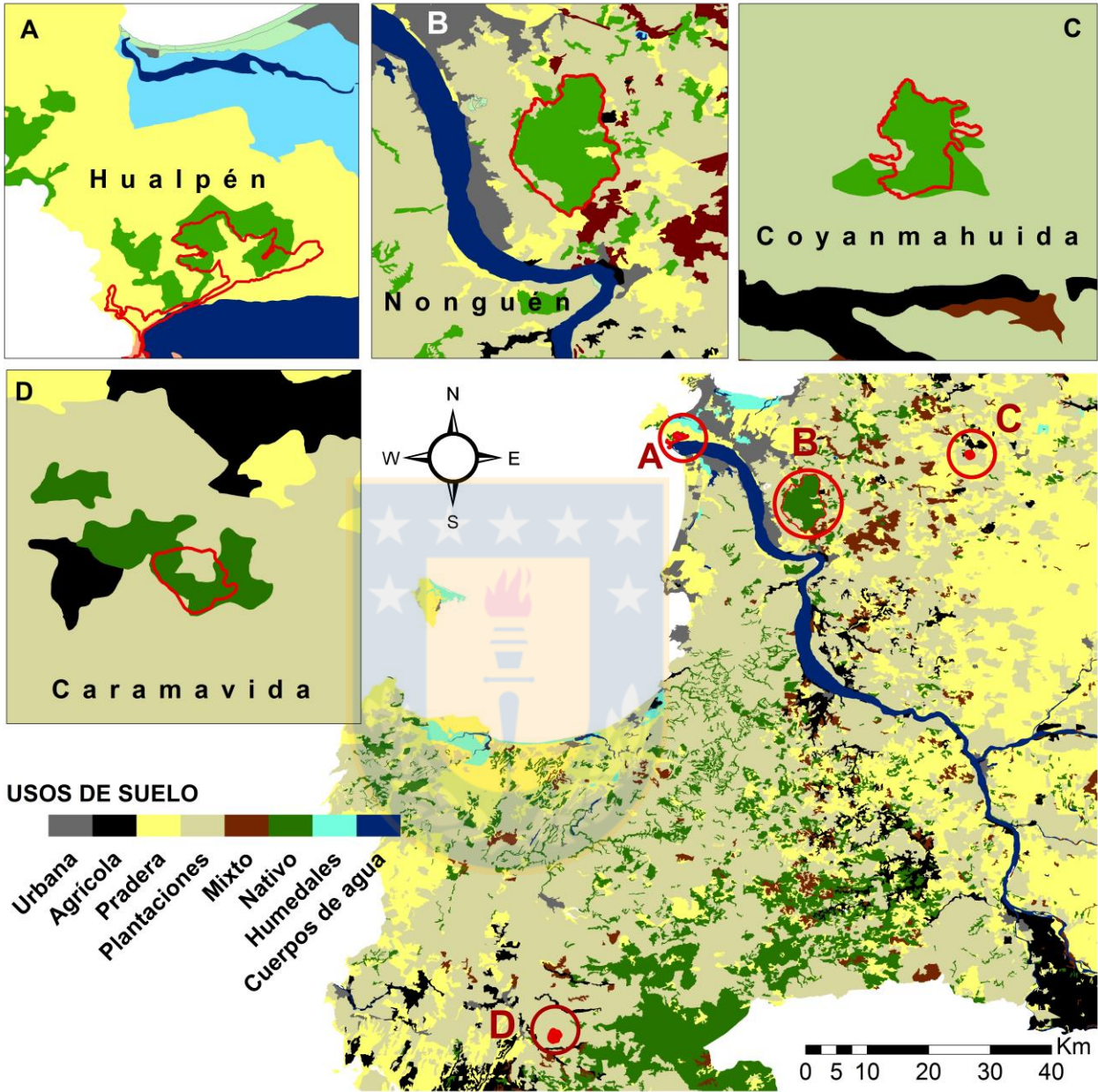


Figura 2.1.2.

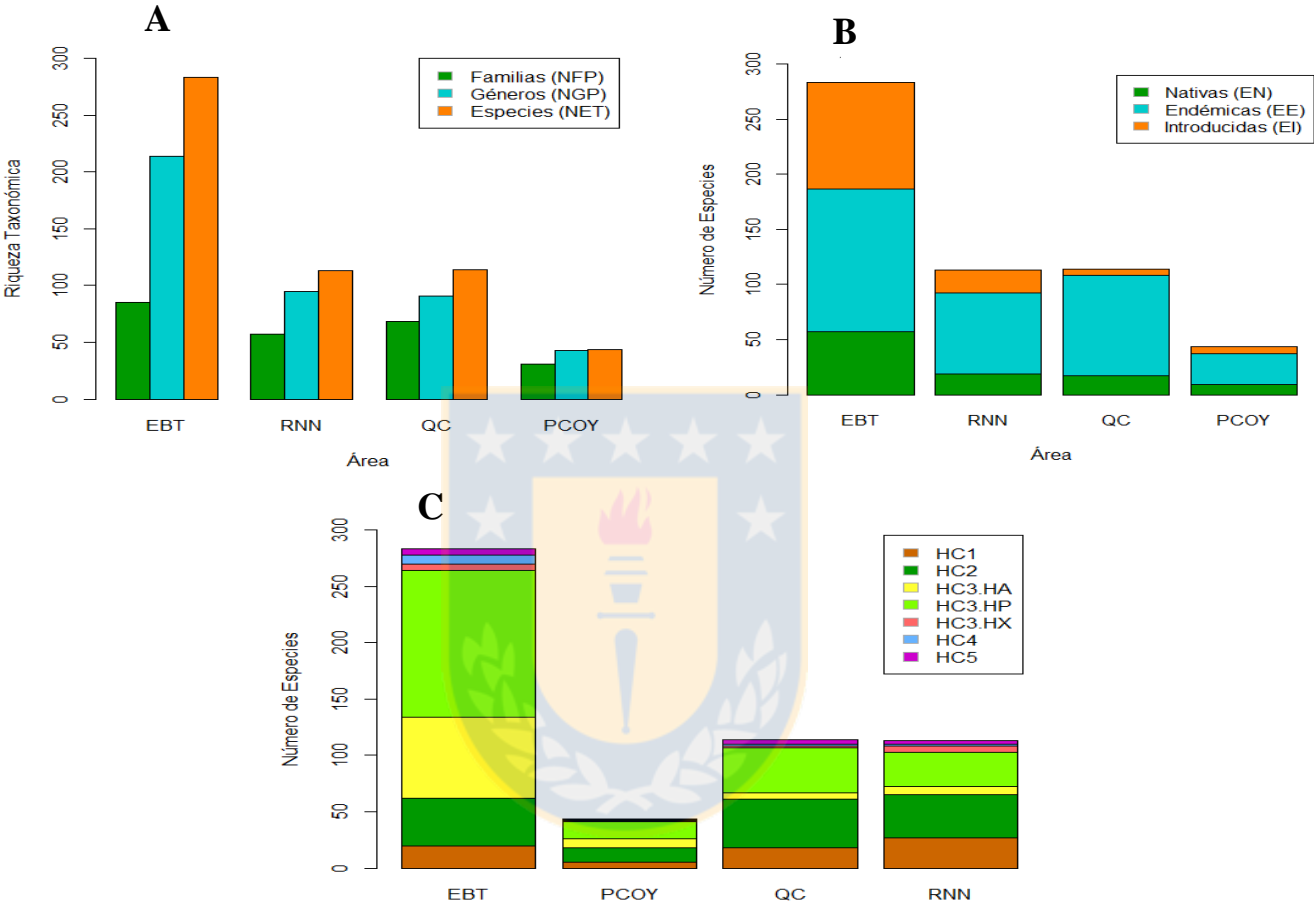


Figura 2.2.3.

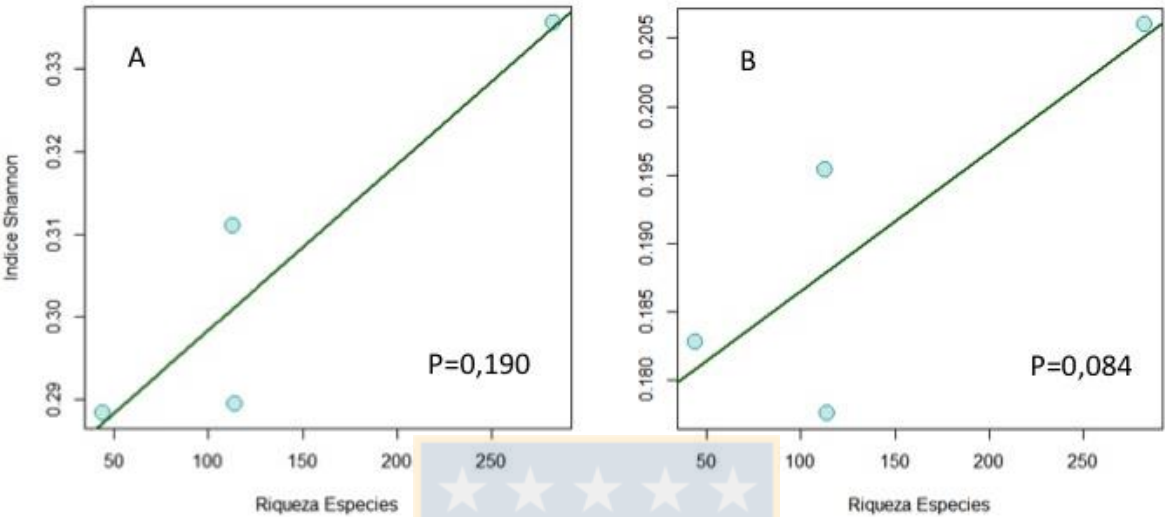


Figura 2.2.4.

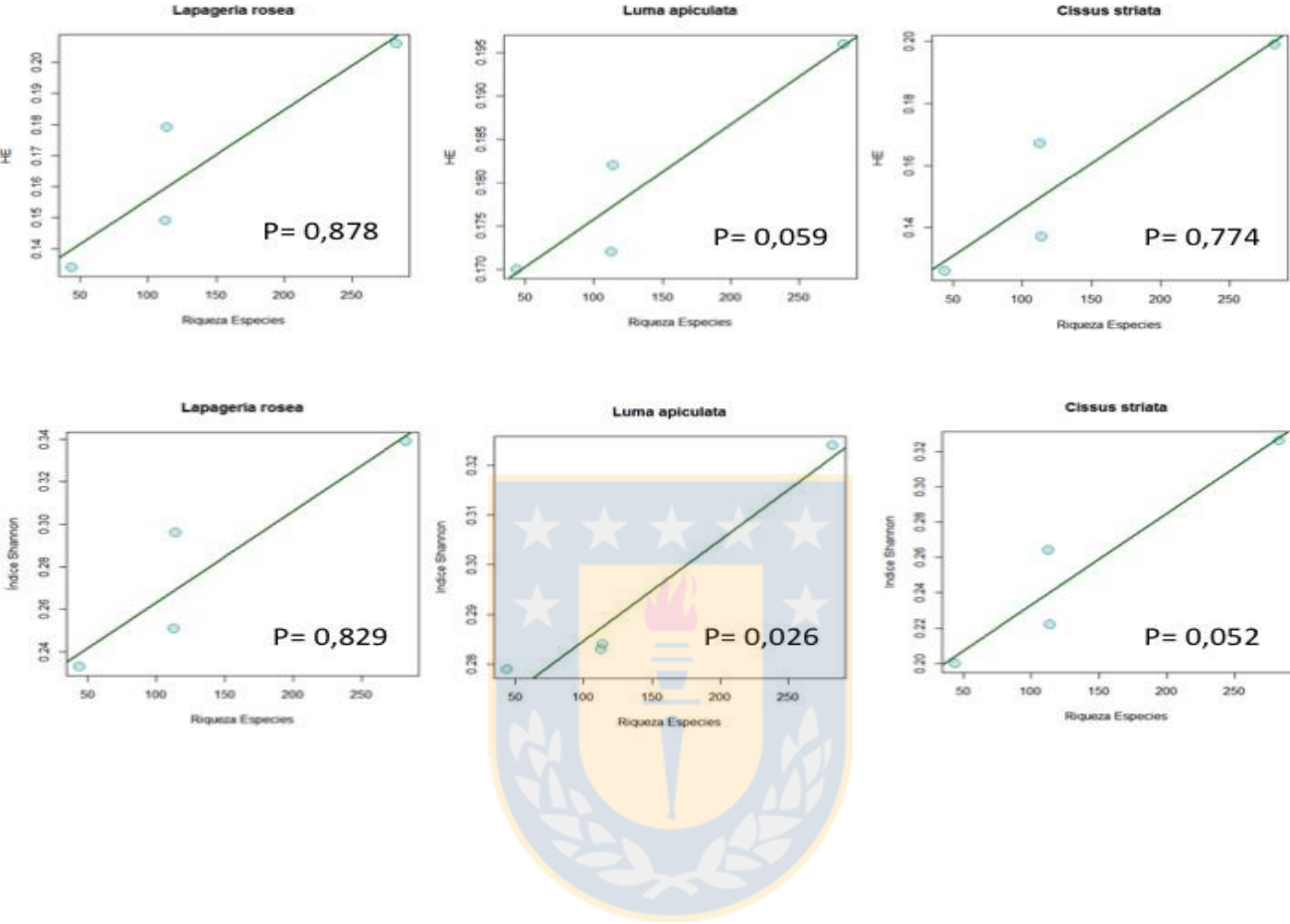


Tabla 2.1.1. Información de los sitios en estudio, ubicación, extensión y estatus.

| <i>Sitio</i> | <i>Coordenadas</i> | <i>Provincia</i> | <i>Hectáreas</i> | <i>Estatus</i> |
|---------------------------------|--------------------------------|------------------|------------------|---|
| Península de Hualpén | 36°49' S - 73°13'O | Concepción | 89 | Santuario de la Naturaleza Decreto N°556 del Ministerio de Educación, Ley N.º 17.288 de Monumentos Nacionales |
| Reserva Nacional Nonguén | 36°52'S - 73°00'O | Concepción | 3.056,96 | Reserva Nacional bajo el Decreto 132/ 2009 del Ministerio de Bienes Nacionales, publicado en el Diario Oficial, el 24 de Diciembre del año 2010 |
| Quebrada Caramávida | 37°42'32,6"S - 73°10'23,9"O | Arauco | 139,5 | Sitio Prioritario para la conservación, Ministerio de medio ambiente (CONAMA 2005) |
| Parque Coyanmahuida | 36° 49'S - 72°43'O | Florida | 24 | Parque privado perteneciente a Forestal Celco |

Tabla 2.1.2. Categorías taxonómicas y algunas características biológicas de las seis especies utilizadas en el estudio de variabilidad genética. N= número cromosómico.

| Especie | Clase | Orden | Familia | N | Hábito | Dispersion | Rango de Distribución |
|-----------------------------|---------------|------------------|---------------|--------|----------------------------|--|---|
| <i>Blechnum hastatum.</i> | Filicopsida | Filicales | Blechnaceae | 2N= 66 | Hierba terrestre (Perenne) | Esporas de amplia dispersión por aire | Desde Fray Jorge hasta Chiloé, crece desde 0 hasta 2500 msnm. También en Juan Fernández (Rodríguez <i>et al.</i> 2009) |
| <i>Luma apiculata</i> | Magnoliopsida | Myrtales | Myrtaceae | 2N=22 | Arbusto o árbol (Perenne) | Semillas en bayas carnosas de dispersión por aves y mamíferos frugívoros | Desde la Región de Valparaíso hasta la Región de los Lagos (Rodríguez <i>et al.</i> 1983). |
| <i>Aextoxicon punctatum</i> | Magnoliopsida | Berberidopsiales | Aextoxicaceae | 2N=32 | Arbusto o árbol (Perenne) | Semillas en drupas de dispersión por aves frugívoras | Desde la Región de Coquimbo hasta la Región de los Lagos (Rodríguez <i>et al.</i> 1983) |
| <i>Cissus striata</i> | Magnoliopsida | Vitales | Vitaceae | 2N=34 | Liana (Perenne) | Semillas en bayas de dispersión por aves frugívoras | Desde la Región de Coquimbo hasta la Región de Aisen (Marticorena <i>et al.</i> 2010). |
| <i>Lapageria rosea</i> | Liliopsida | Liliales | Philesiaceae | 2N=30 | Enredadera (Perenne) | Semillas en bayas carnosas de dispersión por aves y mamíferos frugívoros | Se distribuye en ambas cordilleras desde la región de Valparaíso (V región) hasta la de Los Lagos (Marticorena <i>et al.</i> 2010). |

Antecedentes para otras especie del género: *Cissus sulcicaulis* (Baker)Planch.

Tabla 2.1.3. Valores de los parámetros de riquezas evaluados para ambos sitios. Número de Especies Totales (NET); Número de Familias (NFP); Número de Géneros (NGP); Especies Nativas (EN); Especies Endémicas (EE); Especies Introducidas (EI) y Hábito de Crecimiento (HC); Arbóreo (HC1), Arbustivo (HC2), Herbáceo Anual(HC3 HA), Herbáceo Anual (HC3 HP), Herbáceo Epífita (HC3 HX), Enredadera (HC4), Liana (HC5).

| Cod | EBT | RNN | QC | PCOY |
|--------|-----|-----|-----|------|
| NFP | 85 | 57 | 68 | 31 |
| NGP | 214 | 95 | 91 | 43 |
| NET | 283 | 113 | 114 | 44 |
| EN | 57 | 19 | 17 | 9 |
| EE | 130 | 73 | 91 | 28 |
| EI | 96 | 21 | 6 | 7 |
| HC1 | 20 | 27 | 18 | 5 |
| HC2 | 42 | 38 | 43 | 13 |
| HC3 HA | 72 | 7 | 6 | 8 |
| HC3 HP | 130 | 31 | 40 | 15 |
| HC3 HX | 6 | 5 | 1 | 1 |
| HC4 | 8 | 2 | 2 | 1 |
| HC5 | 5 | 3 | 4 | 1 |

Tabla 2.1.4. Parámetros de diversidad genética estimados para las especies en estudio en los sitios Estación de biología Terrestre (ETB) y Reserva Nacional Nonguén (RNN). Número de alelos diferentes (N_a), Índice de Shannon (I), Heterocigosidad esperada (He), Porcentaje de loci polimórficos ($P\%$).

| Índices | Especies | EBT | RNN | PCOY | QC |
|---------|---------------------|---------------|---------------|---------------|---------------|
| I | <i>C. sitriata</i> | 0,326 | 0,264 | 0,2 | 0,222 |
| | <i>B. hastatum</i> | 0,322 | 0,33 | 0,324 | 0,286 |
| | <i>L. apiculata</i> | 0,324 | 0,283 | 0,279 | 0,284 |
| | <i>A. puntatum</i> | 0,367 | 0,427 | 0,406 | 0,359 |
| | <i>L. rosea</i> | 0,339 | 0,251 | 0,233 | 0,296 |
| | Promedio | 0,3356 | 0,311 | 0,2884 | 0,2894 |
| He | <i>C. sitriata</i> | 0,199 | 0,167 | 0,126 | 0,137 |
| | <i>B. hastatum</i> | 0,199 | 0,206 | 0,223 | 0,197 |
| | <i>L. apiculata</i> | 0,196 | 0,172 | 0,17 | 0,182 |
| | <i>A. puntatum</i> | 0,23 | 0,283 | 0,261 | 0,221 |
| | <i>L. rosea</i> | 0,206 | 0,149 | 0,134 | 0,179 |
| | Promedio | 0,206 | 0,1954 | 0,1828 | 0,1776 |
| $\%P$ | <i>C. sitriata</i> | 100 | 75,77 | 58,76 | 71,65 |
| | <i>B. hastatum</i> | 92 | 87 | 63 | 58 |
| | <i>L. apiculata</i> | 97,81 | 84,67 | 82,48 | 75,91 |
| | <i>A. puntatum</i> | 99,2 | 92 | 98,4 | 99,2 |
| | <i>L. rosea</i> | 98,45 | 78,35 | 87,11 | 92,27 |
| | Promedio | 97,492 | 83,558 | 77,95 | 79,406 |

Tabla. 2.1.S1. Listado de especies de los sitios en estudio: Estación de Biología Terrestre (EBT), Reserva nacional Nonguén (RNN), Quebrada Caramávida (QC) y Parque Coyanmahuida (PCOY).

| Sitio | Especie | Genero | Familia | estatus | cod_habito | hábito_glosa |
|-------|--|--------------|------------------|-------------|------------|--------------------|
| RNN | <i>Acacia dealbata</i> Link | Acacia | Fabaceae | Introducida | HC1 | Arbóreas |
| RNN | <i>Acacia melanoxylon</i> R. Br. | Acacia | Fabaceae | Introducida | HC1 | Arbóreas |
| RNN | <i>Acaena argentea</i> Ruiz & Pav. | Acaena | Rosaceae | Endémica | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| RNN | <i>Acaena ovalifolia</i> Ruiz & Pav. | Acaena | Rosaceae | Endémica | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | <i>Achillea millefolium</i> L. | Achillea | Asteraceae | Introducida | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| QC | <i>Achillea millefolium</i> L. | Achillea | Asteraceae | Introducida | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| QC | <i>Acrisione cymosa</i> (J. Remy) B. Nord. | Acrisione | Asteraceae | Endémica | HC2 | Arbustivas |
| EBT | <i>Acrisione denticulata</i> (Hook. & Arn.) B. Nord. | Acrisione | Asteraceae | Endémica | HC2 | Arbustivas |
| EBT | <i>Adiantum chilense</i> Kaulf. var. chilense | Adiantum | Pteridaceae | Nativa | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| RNN | <i>Adiantum chilense</i> Kaulf. var. chilense | Adiantum | Pteridaceae | Nativa | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | <i>Adiantum sulphureum</i> Kaulf. | Adiantum | Pteridaceae | Endémica | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | <i>Aextoxicon punctatum</i> Ruiz & Pav. | Aextoxicon | Aextoxicaceae | Endémica | HC1 | Arbóreas |
| PCOY | <i>Aextoxicon punctatum</i> Ruiz & Pav. | Aextoxicon | Aextoxicaceae | Endémica | HC1 | Arbóreas |
| QC | <i>Aextoxicon punctatum</i> Ruiz & Pav. | Aextoxicon | Aextoxicaceae | Endémica | HC1 | Arbóreas |
| RNN | <i>Aextoxicon punctatum</i> Ruiz & Pav. | Aextoxicon | Aextoxicaceae | Endémica | HC1 | Arbóreas |
| EBT | <i>Agrostis capillaris</i> L. | Agrostis | Poaceae | Introducida | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | <i>Agrostis castellana</i> Boiss. & Reut. | Agrostis | Poaceae | Introducida | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| RNN | <i>Agrostis inconspicua</i> Kunze ex E. Desv. | Agrostis | Poaceae | Endémica | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | <i>Aira caryophyllea</i> L. | Aira | Poaceae | Introducida | HC3 HA | Herbáceas anuales |
| EBT | <i>Alonsoa meridionalis</i> (L. f.) Kuntze | Alonsoa | Scrophulariaceae | Nativa | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| QC | <i>Alstroemeria aurea</i> Graham | Alstroemeria | Alstroemeriaceae | Endémica | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | <i>Alstroemeria ligtu</i> L. subsp. ligtu | Alstroemeria | Alstroemeriaceae | Endémica | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | <i>Amomyrtus luma</i> (Molina) D. Legrand & Kausel | Amomyrtus | Myrtaceae | Endémica | HC1 | Arbóreas |
| QC | <i>Amomyrtus luma</i> (Molina) D. Legrand & Kausel | Amomyrtus | Myrtaceae | Endémica | HC1 | Arbóreas |

| | | | | | | |
|------|--|---------------|----------------|-------------|--------|--------------------|
| RNN | <i>Amomyrtus luma</i> (Molina) D. Legrand & Kausel | Amomyrtus | Myrtaceae | Endémica | HC1 | Arbóreas |
| QC | <i>Amomyrtus meli</i> (Phil.) D. Legrand & Kausel | Amomyrtus | Myrtaceae | Endémica | HC1 | Arbóreas |
| EBT | <i>Anagallis alternifolia</i> Cav. var. <i>alternifolia</i> | Anagallis | Primulaceae | Nativa | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| QC | <i>Anagallis alternifolia</i> Cav. var. <i>alternifolia</i> | Anagallis | Primulaceae | Nativa | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | <i>Anagallis arvensis</i> L. | Anagallis | Primulaceae | Introducida | HC3 HA | Herbáceas anuales |
| EBT | <i>Anthemis cotula</i> L. | Anthemis | Asteraceae | Introducida | HC3 HA | Herbáceas anuales |
| QC | <i>Araucaria araucana</i> (Molina) K. Koch | Araucaria | Araucariaceae | Endémica | HC1 | Arbóreas |
| EBT | <i>Arctotheca calendula</i> (L.) Levyns | Arctotheca | Asteraceae | Introducida | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| PCOY | <i>Aristida pallens</i> Cav. | Aristida | Poaceae | Endémica | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | <i>Aristotelia chilensis</i> (Molina) Stuntz | Aristotelia | Elaeocarpaceae | Endémica | HC2 | Arbustivas |
| PCOY | <i>Aristotelia chilensis</i> (Molina) Stuntz | Aristotelia | Elaeocarpaceae | Endémica | HC2 | Arbustivas |
| RNN | <i>Aristotelia chilensis</i> (Molina) Stuntz | Aristotelia | Elaeocarpaceae | Endémica | HC2 | Arbustivas |
| EBT | <i>Arrhenatherum elatius</i> (L.) P. Beauv. ex J. Presl & C. Presl var. <i>elatius</i> | Arrhenatherum | Poaceae | Introducida | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | <i>Asplenium dareoides</i> Desv. | Asplenium | Aspleniaceae | Endémica | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| RNN | <i>Asplenium dareoides</i> Desv. | Asplenium | Aspleniaceae | Endémica | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | <i>Asplenium trilobum</i> Cav. | Asplenium | Aspleniaceae | Endémica | HC3 HX | Herbáceas epífitas |
| RNN | <i>Asplenium trilobum</i> Cav. | Asplenium | Aspleniaceae | Endémica | HC3 HX | Herbáceas epífitas |
| EBT | <i>Asteriscium chilense</i> Cham. & Schtdl. | Asteriscium | Apiaceae | Endémica | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | <i>Avena barbata</i> Pott ex Link | Avena | Poaceae | Introducida | HC3 HA | Herbáceas anuales |
| EBT | <i>Avena fatua</i> L. | Avena | Poaceae | Introducida | HC3 HA | Herbáceas anuales |
| EBT | <i>Azara integrifolia</i> Ruiz & Pav. | Azara | Salicaceae | Endémica | HC2 | Arbustivas |
| PCOY | <i>Azara integrifolia</i> Ruiz & Pav. | Azara | Salicaceae | Endémica | HC2 | Arbustivas |
| RNN | <i>Azara integrifolia</i> Ruiz & Pav. | Azara | Salicaceae | Endémica | HC2 | Arbustivas |
| QC | <i>Azara lanceolata</i> Hook. f. | Azara | Salicaceae | Endémica | HC2 | Arbustivas |
| QC | <i>Azara microphylla</i> Hook. f. | Azara | Salicaceae | Endémica | HC2 | Arbustivas |
| EBT | <i>Azara serrata</i> Ruiz & Pav. var. <i>serrata</i> | Azara | Salicaceae | Endémica | HC2 | Arbustivas |
| RNN | <i>Azara serrata</i> Ruiz & Pav. var. <i>serrata</i> | Azara | Salicaceae | Endémica | HC2 | Arbustivas |
| QC | <i>Azorella diversifolia</i> Clos var. <i>diversifolia</i> | Azorella | Apiaceae | Endémica | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | <i>Baccharis linearis</i> (Ruiz & Pav.) Pers. subsp. <i>linearis</i> | Baccharis | Asteraceae | Endémica | HC2 | Arbustivas |

| | | | | | | |
|------|--|---------------|--------------------|-------------|--------|--------------------|
| QC | Baccharis obovata Hook. & Arn. | Baccharis | Asteraceae | Endémica | HC2 | Arbustivas |
| RNN | Baccharis obovata Hook. & Arn. | Baccharis | Asteraceae | Endémica | HC2 | Arbustivas |
| EBT | Baccharis racemosa (Ruiz & Pav.) DC. | Baccharis | Asteraceae | Endémica | HC2 | Arbustivas |
| RNN | Baccharis racemosa (Ruiz & Pav.) DC. | Baccharis | Asteraceae | Endémica | HC2 | Arbustivas |
| PCOY | Baccharis rhomboidalis J. Remy | Baccharis | Asteraceae | Endémica | HC2 | Arbustivas |
| RNN | Baccharis rhomboidalis J. Remy | Baccharis | Asteraceae | Endémica | HC2 | Arbustivas |
| RNN | Baccharis salicifolia (Ruiz & Pav.) Pers. | Baccharis | Asteraceae | Nativa | HC2 | Arbustivas |
| QC | Baccharis sphaerocephala Hook. & Arn. | Baccharis | Asteraceae | Endémica | HC2 | Arbustivas |
| EBT | Baccharis vernalis F.H. Hellwig | Baccharis | Asteraceae | Endémica | HC2 | Arbustivas |
| | Baccharis zoellneri F.H. Hellwig subsp. minor F.H. Hellwig | Baccharis | Asteraceae | Endémica | HC2 | Arbustivas |
| QC | Bartsia trixago L. | Bartsia | Orobanchaceae | Introducida | HC3 HA | Herbáceas anuales |
| QC | Berberidopsis corallina Hook. f. | Berberidopsis | Berberidopsidaceae | Endémica | HC2 | Arbustivas |
| QC | Berberis actinacantha Mart. | Berberis | Berberidaceae | Endémica | HC2 | Arbustivas |
| QC | Berberis darwinii Hook. | Berberis | Berberidaceae | Endémica | HC2 | Arbustivas |
| RNN | Berberis negeriana Tischler | Berberis | Berberidaceae | Endémica | HC2 | Arbustivas |
| QC | Berberis trigona Kunze ex Poepp. & Endl. | Berberis | Berberidaceae | Endémica | HC2 | Arbustivas |
| PCOY | Berberis valdiviana Phil. | Berberis | Berberidaceae | Endémica | HC2 | Arbustivas |
| EBT | Bidens laevis (L.) Britton, Stern & Poggenb. | Bidens | Asteraceae | Introducida | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | Blechnum chilense (Kaulf.) Mett. | Blechnum | Blechnaceae | Endémica | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| RNN | Blechnum chilense (Kaulf.) Mett. | Blechnum | Blechnaceae | Endémica | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | Blechnum hastatum Kaulf. | Blechnum | Blechnaceae | Endémica | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| PCOY | Blechnum hastatum Kaulf. | Blechnum | Blechnaceae | Endémica | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| QC | Blechnum hastatum Kaulf. | Blechnum | Blechnaceae | Endémica | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| RNN | Blechnum hastatum Kaulf. | Blechnum | Blechnaceae | Endémica | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | Blechnum magellanicum (Desv.) Mett. | Blechnum | Blechnaceae | Endémica | HC2 | Arbustivas |
| RNN | Blechnum magellanicum (Desv.) Mett. | Blechnum | Blechnaceae | Endémica | HC2 | Arbustivas |
| EBT | Blechnum mochaenum G. Kunkel var. mochaenum | Blechnum | Blechnaceae | Nativa | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | Blepharocalyx cruckshanksii (Hook. & Arn.) Nied. | Blepharocalyx | Myrtaceae | Endémica | HC1 | Arbóreas |
| EBT | Bomarea salsilla (L.) Herb. | Bomarea | Alstroemeriaceae | Nativa | HC3 HP | Herbáceas perennes |

| | | | | | | |
|------|--|-------------|------------------|-------------|--------|--------------------|
| RNN | Bomarea salsilla (L.) Herb. | Bomarea | Alstroemeriaceae | Nativa | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | Boquila trifoliolata (DC.) Decne. | Boquila | Lardizabalaceae | Endémica | HC5 | Lianas |
| QC | Boquila trifoliolata (DC.) Decne. | Boquila | Lardizabalaceae | Endémica | HC5 | Lianas |
| RNN | Boquila trifoliolata (DC.) Decne. | Boquila | Lardizabalaceae | Endémica | HC5 | Lianas |
| EBT | Brachystele unilateralis (Poir.) Schltr. | Brachystele | Orchidaceae | Nativa | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | Brassica rapa L. | Brassica | Brassicaceae | Introducida | HC3 HA | Herbáceas anuales |
| EBT | Briza maxima L. | Briza | Poaceae | Introducida | HC3 HA | Herbáceas anuales |
| EBT | Briza minor L. | Briza | Poaceae | Introducida | HC3 HA | Herbáceas anuales |
| EBT | Bromus hordeaceus L. | Bromus | Poaceae | Introducida | HC3 HA | Herbáceas anuales |
| QC | Buddleja globosa Hope | Buddleja | Scrophulariaceae | Endémica | HC2 | Arbustivas |
| RNN | Buddleja globosa Hope | Buddleja | Scrophulariaceae | Endémica | HC2 | Arbustivas |
| EBT | Calceolaria corymbosa Ruiz & Pav. subsp. corymbosa | Calceolaria | Calceolariaceae | Endémica | HC2 | Arbustivas |
| EBT | Calceolaria integrifolia L. | Calceolaria | Calceolariaceae | Nativa | HC2 | Arbustivas |
| PCOY | Calceolaria integrifolia L. | Calceolaria | Calceolariaceae | Nativa | HC2 | Arbustivas |
| QC | Calceolaria integrifolia L. | Calceolaria | Calceolariaceae | Nativa | HC2 | Arbustivas |
| RNN | Calceolaria integrifolia L. | Calceolaria | Calceolariaceae | Nativa | HC2 | Arbustivas |
| QC | Caldcluvia paniculata (Cav.) D. Don | Caldcluvia | Cunoniaceae | Endémica | HC1 | Arbóreas |
| RNN | Caldcluvia paniculata (Cav.) D. Don | Caldcluvia | Cunoniaceae | Endémica | HC1 | Arbóreas |
| EBT | Callitriche lechleri (Hegelm.) Fassett var. lechleri | Callitriche | Callitrichaceae | Endémica | HC3 HA | Herbáceas anuales |
| QC | Calycera sympaganthera (Ruiz & Pav.) Kuntze | Calycera | Calyceraceae | Endémica | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| QC | Campsidium valdivianum (Phil.) Skottsbo. | Campsidium | Bignoniaceae | Endémica | HC5 | Lianas |
| EBT | Capsella bursa-pastoris (L.) Medik. | Capsella | Brassicaceae | Introducida | HC3 HA | Herbáceas anuales |
| EBT | Cardamine bonariensis Pers. | Cardamine | Brassicaceae | Nativa | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | Carduus pycnocephalus L. | Carduus | Asteraceae | Introducida | HC3 HA | Herbáceas anuales |
| RNN | Carex acutata Boott | Carex | Cyperaceae | Endémica | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| RNN | Carex bracteosa Kunze ex Kunth | Carex | Cyperaceae | Endémica | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | Carex brongniartii Kunth | Carex | Cyperaceae | Endémica | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | Carex polysticha Sw. ex Wahlenb. | Carex | Cyperaceae | Nativa | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | Centaurea bulbosa Hook. & Arn. | Centaurea | Asteraceae | Endémica | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | Centella asiatica (L.) Urb. | Centella | Apiaceae | Nativa | HC3 HP | Herbáceas perennes |

| | | | | | | |
|------|--|--------------|-------------------|-------------|--------|--------------------|
| EBT | Centipeda elatinoides (Less.) Benth. & Hook. f. ex O. Hoffm. | Centipeda | Asteraceae | Endémica | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| RNN | Centipeda elatinoides (Less.) Benth. & Hook. f. ex O. Hoffm. | Centipeda | Asteraceae | Endémica | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | Cerastium glomeratum Thuill. | Cerastium | Caryophyllaceae | Introducida | HC3 HA | Herbáceas anuales |
| EBT | Cestrum parqui L'Hér. | Cestrum | Solanaceae | Nativa | HC2 | Arbustivas |
| EBT | Chaetanthera chilensis (Willd.) DC. var. chilensis | Chaetanthera | Asteraceae | Endémica | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | Chaetanthera serrata Ruiz & Pav. Chaptalia exscapa (Pers.) Baker var. chilensis (DC.) | Chaetanthera | Asteraceae | Endémica | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | Burkart Chascolytrum koelerioides (Trin.) Essi, Longhi- Wagner & Souza-Chies | Chaptalia | Asteraceae | Endémica | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | Chascolytrum subaristatum (Lam.) Desv. | Chascolytrum | Poaceae | Endémica | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | Chenopodium album L. | Chascolytrum | Poaceae | Nativa | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | Chevreulia pusilla DC. | Chenopodium | Chenopodiaceae | Introducida | HC3 HA | Herbáceas anuales |
| EBT | Chiropetalum tricuspidatum (Lam.) A. Juss. | Chevreulia | Asteraceae | Endémica | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| RNN | Chiropetalum tricuspidatum (Lam.) A. Juss. | Chiropetalum | Euphorbiaceae | Endémica | HC2 | Arbustivas |
| EBT | Chloraea barbata Lindl. | Chiropetalum | Euphorbiaceae | Endémica | HC2 | Arbustivas |
| EBT | Chloraea gavilu Lindl. | Chloraea | Orchidaceae | Endémica | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | Chusquea quila Kunth | Chloraea | Orchidaceae | Endémica | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| QC | Chusquea quila Kunth | Chusquea | Poaceae | Endémica | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| RNN | Chusquea quila Kunth | Chusquea | Poaceae | Endémica | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | Cichorium intybus L. | Chusquea | Poaceae | Endémica | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| RNN | Cirsium arvense (L.) Scop. | Cichorium | Asteraceae | Introducida | HC3 HA | Herbáceas anuales |
| EBT | Cirsium vulgare (Savi) Ten. | Cirsium | Asteraceae | Introducida | HC3 HA | Herbáceas anuales |
| EBT | Cissus striata Ruiz & Pav. subsp. striata | Cirsium | Asteraceae | Introducida | HC3 HA | Herbáceas anuales |
| PCOY | Cissus striata Ruiz & Pav. subsp. striata | Cissus | Vitaceae | Endémica | HC5 | Lianas |
| QC | Cissus striata Ruiz & Pav. subsp. striata | Cissus | Vitaceae | Endémica | HC5 | Lianas |
| RNN | Cissus striata Ruiz & Pav. subsp. striata | Cissus | Vitaceae | Endémica | HC5 | Lianas |
| EBT | Citronella mucronata (Ruiz & Pav.) D. Don | Citronella | Cardiopteridaceae | Endémica | HC1 | Arbóreas |
| RNN | Citronella mucronata (Ruiz & Pav.) D. Don | Citronella | Cardiopteridaceae | Endémica | HC1 | Arbóreas |

| | | | | | | |
|------|---|----------------------|-----------------|-------------|--------|--------------------|
| EBT | <i>Cladanthus mixtus</i> (L.) Chevall. | <i>Cladanthus</i> | Asteraceae | Introducida | HC3 HA | Herbáceas anuales |
| EBT | <i>Clarkia tenella</i> (Cav.) H.F. Lewis & M.R. Lewis subsp. <i>tenella</i> | <i>Clarkia</i> | Onagraceae | Endémica | HC3 HA | Herbáceas anuales |
| RNN | <i>Clinopodium multiflorum</i> (Ruiz & Pav.) Kuntze | <i>Clinopodium</i> | Lamiaceae | Endémica | HC2 | Arbustivas |
| EBT | <i>Cliococca selaginoides</i> (Lam.) C.M. Rogers & Mildner | <i>Cliococca</i> | Linaceae | Nativa | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | <i>Conanthera bifolia</i> Ruiz & Pav. | <i>Conanthera</i> | Tecophilaeaceae | Endémica | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | <i>Conium maculatum</i> L. | <i>Conium</i> | Apiaceae | Introducida | HC3 HA | Herbáceas anuales |
| EBT | <i>Convolvulus arvensis</i> L. | <i>Convolvulus</i> | Convolvulaceae | Introducida | HC4 | Enredaderas |
| EBT | <i>Convolvulus hermanniae</i> L'Hér. | <i>Convolvulus</i> | Convolvulaceae | Nativa | HC4 | Enredaderas |
| RNN | <i>Conyza sumatrensis</i> (Retz.) E. Walker var. <i>leiotheca</i> (S.F. Blake) Pruski & G. Sancho | <i>Conyza</i> | Asteraceae | Nativa | HC3 HA | Herbáceas anuales |
| QC | <i>Coriaria ruscifolia</i> L. | <i>Coriaria</i> | Coriariaceae | Endémica | HC2 | Arbustivas |
| RNN | <i>Coriaria ruscifolia</i> L. | <i>Coriaria</i> | Coriariaceae | Endémica | HC2 | Arbustivas |
| QC | <i>Corynabutilon vitifolium</i> (Cav.) Kearney | <i>Corynabutilon</i> | Malvaceae | Endémica | HC2 | Arbustivas |
| EBT | <i>Crepis capillaris</i> (L.) Wallr. | <i>Crepis</i> | Asteraceae | Introducida | HC3 HA | Herbáceas anuales |
| EBT | <i>Cryptocarya alba</i> (Molina) Looser | <i>Cryptocarya</i> | Lauraceae | Endémica | HC1 | Arbóreas |
| PCOY | <i>Cryptocarya alba</i> (Molina) Looser | <i>Cryptocarya</i> | Lauraceae | Endémica | HC1 | Arbóreas |
| RNN | <i>Cryptocarya alba</i> (Molina) Looser | <i>Cryptocarya</i> | Lauraceae | Endémica | HC1 | Arbóreas |
| EBT | <i>Cuscuta chilensis</i> Ker Gawl. | <i>Cuscuta</i> | Convolvulaceae | Nativa | HC4 | Enredaderas |
| EBT | <i>Cynoglossum creticum</i> Mill. | <i>Cynoglossum</i> | Boraginaceae | Introducida | HC3 HA | Herbáceas anuales |
| PCOY | <i>Cynoglossum creticum</i> Mill. | <i>Cynoglossum</i> | Boraginaceae | Introducida | HC3 HA | Herbáceas anuales |
| PCOY | <i>Cynoglossum paniculatum</i> Hook. & Arn. | <i>Cynoglossum</i> | Boraginaceae | Endémica | HC2 | Arbustivas |
| EBT | <i>Cynosurus echinatus</i> L. | <i>Cynosurus</i> | Poaceae | Introducida | HC3 HA | Herbáceas anuales |
| EBT | <i>Cyperus eragrostis</i> Lam. var. <i>eragrostis</i> | <i>Cyperus</i> | Cyperaceae | Nativa | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| RNN | <i>Cyperus eragrostis</i> Lam. var. <i>eragrostis</i> | <i>Cyperus</i> | Cyperaceae | Nativa | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | <i>Cyperus odoratus</i> L. | <i>Cyperus</i> | Cyperaceae | Nativa | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| RNN | <i>Genista monspessulana</i> (L.) L.A.S. Johnson | <i>Genista</i> | Fabaceae | Introducida | HC2 | Arbustivas |
| RNN | <i>Cytisus striatus</i> (Hill) Rothm. | <i>Cytisus</i> | Fabaceae | Introducida | HC2 | Arbustivas |
| EBT | <i>Dactylis glomerata</i> L. | <i>Dactylis</i> | Poaceae | Introducida | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| RNN | <i>Dasyphyllum diacanthoides</i> (Less.) Cabrera | <i>Dasyphyllum</i> | Asteraceae | Endémica | HC1 | Arbóreas |
| EBT | <i>Daucus carota</i> L. | <i>Daucus</i> | Apiaceae | Introducida | HC3 HA | Herbáceas anuales |

| | | | | | | |
|------|--|--------------|----------------|-------------|--------|--------------------|
| PCOY | <i>Daucus carota</i> L. | Daucus | Apiaceae | Introducida | HC3 HA | Herbáceas anuales |
| RNN | <i>Daucus carota</i> L. | Daucus | Apiaceae | Introducida | HC3 HA | Herbáceas anuales |
| RNN | <i>Delairea odorata</i> Lem. | Delairea | Asteraceae | Introducida | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| QC | <i>Desfontainia fulgens</i> D. Don | Desfontainia | Columelliaceae | Endémica | HC2 | Arbustivas |
| QC | <i>Desmaria mutabilis</i> (Poepp. & Endl.) Tiegh. ex T. Durand & B.D. Jacks. | Desmaria | Loranthaceae | Endémica | HC2 | Arbustivas |
| RNN | <i>Deyeuxia viridiflavescens</i> (Poir.) Kunth var. <i>viridiflavescens</i> | Deyeuxia | Poaceae | Nativa | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | <i>Dichondra sericea</i> Sw. var. <i>sericea</i> | Dichondra | Convolvulaceae | Nativa | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| RNN | <i>Dioscorea humilis</i> Bertero ex Colla subsp. <i>humilis</i> | Dioscorea | Dioscoreaceae | Endémica | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | <i>Dioscorea pedicellata</i> Phil. | Dioscorea | Dioscoreaceae | Endémica | HC4 | Enredaderas |
| EBT | <i>Dipsacus sativus</i> (L.) Honck. | Dipsacus | Dipsacaceae | Introducida | HC3 HA | Herbáceas anuales |
| QC | <i>Discaria chacaye</i> (G. Don) Tortosa | Discaria | Rhamnaceae | Endémica | HC2 | Arbustivas |
| EBT | <i>Draba verna</i> L. | Draba | Brassicaceae | Introducida | HC3 HA | Herbáceas anuales |
| QC | <i>Drimys winteri</i> J.R. Forst. & G. Forst. | Drimys | Winteraceae | Endémica | HC1 | Árbóreas |
| RNN | <i>Drimys winteri</i> J.R. Forst. & G. Forst. | Drimys | Winteraceae | Endémica | HC1 | Árbóreas |
| EBT | <i>Echium plantagineum</i> L. | Echium | Boraginaceae | Introducida | HC3 HA | Herbáceas anuales |
| EBT | <i>Echium vulgare</i> L. var. <i>vulgare</i> | Echium | Boraginaceae | Introducida | HC3 HA | Herbáceas anuales |
| EBT | <i>Elytropus chilensis</i> (A. DC.) Müll. Arg. | Elytropus | Apocynaceae | Endémica | HC4 | Enredaderas |
| QC | <i>Elytropus chilensis</i> (A. DC.) Müll. Arg. | Elytropus | Apocynaceae | Endémica | HC4 | Enredaderas |
| QC | <i>Embothrium coccineum</i> J.R. Forst. & G. Forst. | Embothrium | Proteaceae | Endémica | HC1 | Árbóreas |
| PCOY | <i>Epilobium subdentatum</i> (Meyen) Lievens & Hoch | Epilobium | Onagraceae | Nativa | HC3 HA | Herbáceas anuales |
| EBT | <i>Equisetum bogotense</i> Kunth | Equisetum | Equisetaceae | Nativa | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| QC | <i>Equisetum bogotense</i> Kunth | Equisetum | Equisetaceae | Nativa | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | <i>Ercilla spicata</i> (Bertero) Moq. | Ercilla | Phytolaccaceae | Endémica | HC5 | Lianas |
| EBT | <i>Erodium cicutarium</i> (L.) L'Hér. ex Aiton | Erodium | Geraniaceae | Introducida | HC3 HA | Herbáceas anuales |
| QC | <i>Eryngium humifusum</i> Clos | Eryngium | Apiaceae | Endémica | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | <i>Eryngium paniculatum</i> Cav. & Dombey ex F. Delaroche | Eryngium | Apiaceae | Nativa | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | <i>Escallonia pulverulenta</i> (Ruiz & Pav.) Pers. var. <i>pulverulenta</i> | Escallonia | Escalloniaceae | Endémica | HC2 | Arbustivas |

| | | | | | | |
|-----|---|------------|----------------|-------------|--------|--------------------|
| QC | Escallonia pulverulenta (Ruiz & Pav.) Pers. var. pulverulenta | Escallonia | Escalloniaceae | Endémica | HC2 | Arbustivas |
| RNN | Eucalyptus globulus Labill. | Eucalyptus | Myrtaceae | Introducida | HC1 | Arbóreas |
| EBT | Eucryphia cordifolia Cav. | Eucryphia | Cunoniaceae | Endémica | HC1 | Arbóreas |
| QC | Eucryphia cordifolia Cav. | Eucryphia | Cunoniaceae | Endémica | HC1 | Arbóreas |
| EBT | Eupatorium glechonophyllum Less. | Eupatorium | Asteraceae | Nativa | HC2 | Arbustivas |
| EBT | Euphorbia peplus L. | Euphorbia | Euphorbiaceae | Introducida | HC3 HA | Herbáceas anuales |
| EBT | Euphrasia meiantha Clos | Euphrasia | Orobanchaceae | Nativa | HC3 HA | Herbáceas anuales |
| QC | Euphrasia trifida Poepp. ex Benth. | Euphrasia | Orobanchaceae | Endémica | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | Festuca arundinacea Schreb. | Festuca | Poaceae | Introducida | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | Foeniculum vulgare Mill. | Foeniculum | Apiaceae | Introducida | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | Fonkia uliginosa Phil. | Fonkia | Plantaginaceae | Endémica | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| QC | Potentilla chilensis (L.) Mabb. | Potentilla | Rosaceae | Endémica | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | Francoa appendiculata Cav. | Francoa | Francoaceae | Endémica | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| RNN | Francoa appendiculata Cav. | Francoa | Francoaceae | Endémica | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | Fuchsia magellanica Lam. | Fuchsia | Onagraceae | Endémica | HC2 | Arbustivas |
| QC | Fuchsia magellanica Lam. | Fuchsia | Onagraceae | Endémica | HC2 | Arbustivas |
| RNN | Fuchsia magellanica Lam. | Fuchsia | Onagraceae | Endémica | HC2 | Arbustivas |
| EBT | Fumaria capreolata L. | Fumaria | Papaveraceae | Introducida | HC3 HA | Herbáceas anuales |
| EBT | Galega officinalis L. | Galega | Fabaceae | Introducida | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | Galium aparine L. | Galium | Rubiaceae | Introducida | HC3 HA | Herbáceas anuales |
| EBT | Galium hypocarpium (L.) Endl. ex Griseb. | Galium | Rubiaceae | Nativa | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| RNN | Galium hypocarpium (L.) Endl. ex Griseb. | Galium | Rubiaceae | Nativa | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| QC | Galium werdermannii Standl. | Galium | Rubiaceae | Endémica | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| RNN | Gastridium phleoides (Nees & Meyen) C.E. Hubb. | Gastridium | Poaceae | Nativa | HC3 HA | Herbáceas anuales |
| EBT | Gaultheria insana (Molina) D.J. Middleton | Gaultheria | Ericaceae | Endémica | HC2 | Arbustivas |
| RNN | Gaultheria insana (Molina) D.J. Middleton | Gaultheria | Ericaceae | Endémica | HC2 | Arbustivas |
| QC | Gaultheria phillyreifolia (Pers.) Sleumer | Gaultheria | Ericaceae | Endémica | HC2 | Arbustivas |
| RNN | Gaultheria phillyreifolia (Pers.) Sleumer | Gaultheria | Ericaceae | Endémica | HC2 | Arbustivas |
| QC | Gaultheria poeppigii DC. | Gaultheria | Ericaceae | Endémica | HC2 | Arbustivas |

| | | | | | | |
|------|---|-------------|----------------|-------------|--------|--------------------|
| QC | <i>Gaultheria tenuifolia</i> (Phil.) Sleumer | Gaultheria | Ericaceae | Endémica | HC2 | Arbustivas |
| EBT | <i>Gavilea longibracteata</i> (Lindl.) Sparre ex L.E. Navas | Gavilea | Orchidaceae | Endémica | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | <i>Genista monspessulana</i> (L.) L.A.S. Johnson | Genista | Fabaceae | Introducida | HC2 | Arbustivas |
| EBT | <i>Geranium bertereanum</i> Colla | Geranium | Geraniaceae | Endémica | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | <i>Geranium core-core</i> Steud. | Geranium | Geraniaceae | Endémica | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| QC | <i>Geranium core-core</i> Steud. | Geranium | Geraniaceae | Endémica | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | <i>Geranium purpureum</i> Vill. | Geranium | Geraniaceae | Introducida | HC3 HA | Herbáceas anuales |
| PCOY | <i>Geum quellyon</i> Sweet | Geum | Rosaceae | Endémica | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | <i>Gevuina avellana</i> Molina | Gevuina | Proteaceae | Endémica | HC1 | Arbóreas |
| RNN | <i>Gevuina avellana</i> Molina | Gevuina | Proteaceae | Endémica | HC1 | Arbóreas |
| EBT | <i>Glandularia laciniata</i> (L.) Schnack & Covas | Glandularia | Verbenaceae | Nativa | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| QC | <i>Sticherus squamulosus</i> (Desv.) Nakai | Sticherus | Gleicheniaceae | Nativa | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | <i>Gomortega keule</i> (Molina) Baill. | Gomortega | Gomortegaceae | Endémica | HC1 | Arbóreas |
| QC | <i>Gomortega keule</i> (Molina) Baill. | Gomortega | Gomortegaceae | Endémica | HC1 | Arbóreas |
| PCOY | <i>Grindelia anethifolia</i> (Phil.) A. Bartoli & Tortosa var. <i>anethifolia</i> | Grindelia | Asteraceae | Endémica | HC2 | Arbustivas |
| QC | <i>Griselinia jodinifolia</i> (Griseb.) Taub. | Griselinia | Griselinaceae | Endémica | HC2 | Arbustivas |
| EBT | <i>Griselinia scandens</i> (Ruiz & Pav.) Taub. | Griselinia | Griselinaceae | Endémica | HC2 | Arbustivas |
| QC | <i>Gunnera magellanica</i> Lam. | Gunnera | Gunneraceae | Nativa | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| QC | <i>Gunnera tinctoria</i> (Molina) Mirb. var. <i>tinctoria</i> | Gunnera | Gunneraceae | Endémica | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | <i>Hedera helix</i> L. | Hedera | Araliaceae | Introducida | HC5 | Lianas |
| QC | <i>Oldenlandia salzmännii</i> (DC.) Benth. & Hook. | Oldenlandia | Rubiaceae | Nativa | HC3 HA | Herbáceas anuales |
| EBT | <i>Hedypnois rhagadioloides</i> (L.) F.W. Schmidt | Hedypnois | Asteraceae | Introducida | HC3 HA | Herbáceas anuales |
| EBT | <i>Helenium glaucum</i> (Cav.) Stuntz | Helenium | Asteraceae | Endémica | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | <i>Herbertia lahue</i> (Molina) Goldblatt subsp. <i>lahue</i> | Herbertia | Iridaceae | Endémica | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| RNN | <i>Herreria stellata</i> Ruiz & Pav. | Herreria | Asparagaceae | Endémica | HC4 | Enredaderas |
| EBT | <i>Hieracium chilense</i> Less. | Hieracium | Asteraceae | Endémica | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | <i>Holcus lanatus</i> L. | Holcus | Poaceae | Introducida | HC3 HA | Herbáceas anuales |
| EBT | <i>Hordeum murinum</i> L. subsp. <i>murinum</i> | Hordeum | Poaceae | Introducida | HC3 HA | Herbáceas anuales |
| QC | <i>Hydrangea serratifolia</i> (Hook. & Arn.) F. Phil. | Hydrangea | Hydrangeaceae | Endémica | HC5 | Lianas |

| | | | | | | |
|------|---|---------------|------------------|-------------|--------|--------------------|
| EBT | Hymenophyllum caudiculatum Mart. var. productum (C. Presl) C. Chr. | Hymenophyllum | Hymenophyllaceae | Endémica | HC3 HX | Herbáceas epífitas |
| EBT | Hymenophyllum peltatum (Poir.) Desv. | Hymenophyllum | Hymenophyllaceae | Nativa | HC3 HX | Herbáceas epífitas |
| PCOY | Hymenophyllum peltatum (Poir.) Desv. | Hymenophyllum | Hymenophyllaceae | Nativa | HC3 HX | Herbáceas epífitas |
| RNN | Hymenophyllum peltatum (Poir.) Desv. | Hymenophyllum | Hymenophyllaceae | Nativa | HC3 HX | Herbáceas epífitas |
| EBT | Hymenophyllum plicatum Kaulf. | Hymenophyllum | Hymenophyllaceae | Endémica | HC3 HX | Herbáceas epífitas |
| RNN | Hymenophyllum plicatum Kaulf. | Hymenophyllum | Hymenophyllaceae | Endémica | HC3 HX | Herbáceas epífitas |
| EBT | Hypericum caespitosum Cham. & Schltldl. | Hypericum | Hypericaceae | Endémica | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| QC | Hypericum caespitosum Cham. & Schltldl. | Hypericum | Hypericaceae | Endémica | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | Hypericum perforatum L. | Hypericum | Hypericaceae | Introducida | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| QC | Hypericum perforatum L. | Hypericum | Hypericaceae | Introducida | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| RNN | Hypericum perforatum L. | Hypericum | Hypericaceae | Introducida | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | Hypochaeris radicata L. | Hypochaeris | Asteraceae | Introducida | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | Hypochaeris thrincioides (J. Remy) Reiche | Hypochaeris | Asteraceae | Endémica | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | Hypolepis poeppigii (Kunze) R. Rodr. | Hypolepis | Dennstaedtiaceae | Nativa | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| RNN | Hypolepis poeppigii (Kunze) R. Rodr. | Hypolepis | Dennstaedtiaceae | Nativa | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| PCOY | Jarava plumosa (Spreng.) S.W.L. Jacobs & J. Everett | Jarava | Poaceae | Nativa | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| QC | Jovellana punctata Ruiz & Pav. | Jovellana | Calceolariaceae | Endémica | HC2 | Arbustivas |
| EBT | Jovellana violacea (Cav.) G. Don | Jovellana | Calceolariaceae | Endémica | HC2 | Arbustivas |
| EBT | Juncus bufonius L. var. bufonius | Juncus | Juncaceae | Nativa | HC3 HA | Herbáceas anuales |
| EBT | Juncus imbricatus Laharpe | Juncus | Juncaceae | Nativa | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | Juncus procerus E. Mey. | Juncus | Juncaceae | Nativa | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | Kageneckia oblonga Ruiz & Pav. | Kageneckia | Rosaceae | Endémica | HC1 | Arbóreas |
| RNN | Kageneckia oblonga Ruiz & Pav. | Kageneckia | Rosaceae | Endémica | HC1 | Arbóreas |
| QC | Lagenophora hirsuta Poepp. ex Less. | Lagenophora | Asteraceae | Nativa | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | Lagurus ovatus L. | Lagurus | Poaceae | Introducida | HC3 HA | Herbáceas anuales |
| EBT | Lapageria rosea Ruiz & Pav. | Lapageria | Philesiaceae | Endémica | HC4 | Enredaderas |
| PCOY | Lapageria rosea Ruiz & Pav. | Lapageria | Philesiaceae | Endémica | HC4 | Enredaderas |
| QC | Lapageria rosea Ruiz & Pav. | Lapageria | Philesiaceae | Endémica | HC4 | Enredaderas |
| RNN | Lapageria rosea Ruiz & Pav. | Lapageria | Philesiaceae | Endémica | HC4 | Enredaderas |

| | | | | | | |
|------|--|--------------|-----------------|-------------|--------|--------------------|
| EBT | <i>Lapsana communis</i> L. | Lapsana | Asteraceae | Introducida | HC3 HA | Herbáceas anuales |
| EBT | <i>Lardizabala biternata</i> Ruiz & Pav. | Lardizabala | Lardizabalaceae | Endémica | HC5 | Lianas |
| RNN | <i>Lardizabala biternata</i> Ruiz & Pav. | Lardizabala | Lardizabalaceae | Endémica | HC5 | Lianas |
| EBT | <i>Lathyrus magellanicus</i> Lam. var. <i>magellanicus</i> | Lathyrus | Fabaceae | Nativa | HC4 | Enredaderas |
| RNN | <i>Laurelia sempervirens</i> (Ruiz & Pav.) Tul. | Laurelia | Monimiaceae | Endémica | HC1 | Árbóreas |
| EBT | <i>Leontodon saxatilis</i> Lam. | Leontodon | Asteraceae | Introducida | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| RNN | <i>Lepechinia chamaedryoides</i> (Balb.) Epling | Lepechinia | Lamiaceae | Endémica | HC2 | Arbustivas |
| EBT | <i>Leucanthemum vulgare</i> Lam. | Leucanthemum | Asteraceae | Introducida | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | <i>Libertia chilensis</i> (Molina) Gunckel | Libertia | Iridaceae | Endémica | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| QC | <i>Libertia tricocca</i> Phil. | Libertia | Iridaceae | Endémica | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | <i>Linum bienne</i> Mill. | Linum | Linaceae | Introducida | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | <i>Linum chamissonis</i> Schiede | Linum | Linaceae | Endémica | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| PCOY | <i>Linum usitatissimum</i> L. | Linum | Linaceae | Introducida | HC3 HA | Herbáceas anuales |
| EBT | <i>Lithraea caustica</i> (Molina) Hook. & Arn. | Lithraea | Anacardiaceae | Endémica | HC1 | Árbóreas |
| RNN | <i>Lithraea caustica</i> (Molina) Hook. & Arn. | Lithraea | Anacardiaceae | Endémica | HC1 | Árbóreas |
| EBT | <i>Loasa acanthifolia</i> Desr. | Loasa | Loasaceae | Endémica | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| QC | <i>Loasa acanthifolia</i> Desr. | Loasa | Loasaceae | Endémica | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| QC | <i>Loasa acerifolia</i> Dombey ex Juss. | Loasa | Loasaceae | Endémica | HC3 HA | Herbáceas anuales |
| EBT | <i>Loasa triloba</i> Dombey ex Juss. | Loasa | Loasaceae | Endémica | HC3 HA | Herbáceas anuales |
| EBT | <i>Lobelia tupa</i> L. | Lobelia | Campanulaceae | Endémica | HC2 | Arbustivas |
| PCOY | <i>Lobelia tupa</i> L. | Lobelia | Campanulaceae | Endémica | HC2 | Arbustivas |
| RNN | <i>Lobelia tupa</i> L. | Lobelia | Campanulaceae | Endémica | HC2 | Arbustivas |
| EBT | <i>Lolium multiflorum</i> Lam. | Lolium | Poaceae | Introducida | HC3 HA | Herbáceas anuales |
| PCOY | <i>Lolium perenne</i> L. | Lolium | Poaceae | Introducida | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | <i>Lomatia dentata</i> (Ruiz & Pav.) R. Br. | Lomatia | Proteaceae | Endémica | HC1 | Árbóreas |
| RNN | <i>Lomatia dentata</i> (Ruiz & Pav.) R. Br. | Lomatia | Proteaceae | Endémica | HC1 | Árbóreas |
| QC | <i>Lomatia ferruginea</i> (Cav.) R. Br. | Lomatia | Proteaceae | Endémica | HC1 | Árbóreas |
| QC | <i>Lomatia hirsuta</i> (Lam.) Diels subsp. <i>obliqua</i> (Ruiz & Pav.) R.T. Penn. | Lomatia | Proteaceae | Nativa | HC1 | Árbóreas |
| EBT | <i>Lotus pedunculatus</i> Cav. | Lotus | Fabaceae | Introducida | HC3 HP | Herbáceas perennes |

| | | | | | | |
|------|--|-------------|------------------|-------------|--------|--------------------|
| EBT | <i>Lotus subpinnatus</i> Lag. | Lotus | Fabaceae | Endémica | HC3 HA | Herbáceas anuales |
| PCOY | <i>Lotus subpinnatus</i> Lag. | Lotus | Fabaceae | Endémica | HC3 HA | Herbáceas anuales |
| EBT | <i>Ludwigia peploides</i> (Kunth) P.H. Raven subsp. montevidensis (Spreng.) P.H. Raven | Ludwigia | Onagraceae | Nativa | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | <i>Luma apiculata</i> (DC.) Burret | Luma | Myrtaceae | Endémica | HC1 | Arbóreas |
| PCOY | <i>Luma apiculata</i> (DC.) Burret | Luma | Myrtaceae | Endémica | HC1 | Arbóreas |
| QC | <i>Luma apiculata</i> (DC.) Burret | Luma | Myrtaceae | Endémica | HC1 | Arbóreas |
| RNN | <i>Luma apiculata</i> (DC.) Burret | Luma | Myrtaceae | Endémica | HC1 | Arbóreas |
| EBT | <i>Lupinus arboreus</i> Sims | Lupinus | Fabaceae | Introducida | HC2 | Arbustivas |
| EBT | <i>Lupinus microcarpus</i> Sims | Lupinus | Fabaceae | Nativa | HC3 HA | Herbáceas anuales |
| PCOY | <i>Lupinus microcarpus</i> Sims | Lupinus | Fabaceae | Nativa | HC3 HA | Herbáceas anuales |
| QC | <i>Luzula racemosa</i> Desv. | Luzula | Juncaceae | Nativa | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| RNN | <i>Luzuriaga polyphylla</i> (Hook.) J.F. Macbr. | Luzuriaga | Alstroemeriaceae | Endémica | HC2 | Arbustivas |
| EBT | <i>Luzuriaga radicans</i> Ruiz & Pav. | Luzuriaga | Alstroemeriaceae | Endémica | HC2 | Arbustivas |
| PCOY | <i>Luzuriaga radicans</i> Ruiz & Pav. | Luzuriaga | Alstroemeriaceae | Endémica | HC2 | Arbustivas |
| RNN | <i>Luzuriaga radicans</i> Ruiz & Pav. | Luzuriaga | Alstroemeriaceae | Endémica | HC2 | Arbustivas |
| EBT | <i>Lythrum hyssopifolium</i> L. | Lythrum | Lythraceae | Introducida | HC3 HA | Herbáceas anuales |
| RNN | <i>Madia sativa</i> Molina | Madia | Asteraceae | Nativa | HC3 HA | Herbáceas anuales |
| EBT | <i>Maytenus boaria</i> Molina | Maytenus | Celastraceae | Nativa | HC1 | Arbóreas |
| EBT | <i>Medicago arabica</i> (L.) Huds. | Medicago | Fabaceae | Introducida | HC3 HA | Herbáceas anuales |
| EBT | <i>Medicago polymorpha</i> L. var. <i>polymorpha</i> | Medicago | Fabaceae | Introducida | HC3 HA | Herbáceas anuales |
| EBT | <i>Megalastrum spectabile</i> (Kaulf.) A.R. Sm. & R.C. | Megalastrum | Dryopteridaceae | Endémica | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | Moran | Melica | Poaceae | Endémica | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | <i>Melica violacea</i> Cav. | Melica | Poaceae | Endémica | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | <i>Melissa officinalis</i> L. | Melissa | Lamiaceae | Introducida | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | <i>Mentha pulegium</i> L. | Mentha | Lamiaceae | Introducida | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| QC | <i>Mimulus crinitus</i> A.L. Grant | Mimulus | Phrymaceae | Endémica | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| QC | <i>Mimulus glabratus</i> Kunth | Mimulus | Phrymaceae | Nativa | HC3 HA | Herbáceas anuales |
| QC | <i>Misodendrum gayanum</i> Tiegh. | Misodendrum | Misodendraceae | Endémica | HC2 | Arbustivas |
| QC | <i>Mitraria coccinea</i> Cav. | Mitraria | Gesneriaceae | Endémica | HC2 | Arbustivas |
| EBT | <i>Modiola caroliniana</i> (L.) G. Don | Modiola | Malvaceae | Nativa | HC3 HP | Herbáceas perennes |

| | | | | | | |
|------|---|---------------|---------------|----------|--------|--------------------|
| EBT | Muehlenbeckia hastulata (Sm.) I.M. Johnst. var. fascicularis (Meisn.) Brandbyge | Muehlenbeckia | Polygonaceae | Endémica | HC2 | Arbustivas |
| RNN | Muehlenbeckia hastulata (Sm.) I.M. Johnst. var. fascicularis (Meisn.) Brandbyge | Muehlenbeckia | Polygonaceae | Endémica | HC2 | Arbustivas |
| QC | Mutisia araucana Phil. | Mutisia | Asteraceae | Endémica | HC2 | Arbustivas |
| QC | Mutisia spinosa Ruiz & Pav. var. spinosa | Mutisia | Asteraceae | Endémica | HC2 | Arbustivas |
| RNN | Mutisia spinosa Ruiz & Pav. var. spinosa | Mutisia | Asteraceae | Endémica | HC2 | Arbustivas |
| PCOY | Myoschilos oblongum Ruiz & Pav. | Myoschilos | Santalaceae | Endémica | HC2 | Arbustivas |
| QC | Myrceugenia chrysoarpa (O. Berg) Kausel | Myrceugenia | Myrtaceae | Endémica | HC2 | Arbustivas |
| EBT | Myrceugenia exsucca (DC.) O. Berg | Myrceugenia | Myrtaceae | Endémica | HC1 | Arbóreas |
| RNN | Myrceugenia exsucca (DC.) O. Berg | Myrceugenia | Myrtaceae | Endémica | HC1 | Arbóreas |
| EBT | Myrceugenia leptospermoides (DC.) Kausel | Myrceugenia | Myrtaceae | Endémica | HC2 | Arbustivas |
| EBT | Myrceugenia obtusa (DC.) O. Berg | Myrceugenia | Myrtaceae | Endémica | HC2 | Arbustivas |
| QC | Myrceugenia ovata (Hook. & Arn.) O. Berg var. nannophylla (Burret) Landrum | Myrceugenia | Myrtaceae | Endémica | HC2 | Arbustivas |
| EBT | Myrceugenia parvifolia (DC.) Kausel | Myrceugenia | Myrtaceae | Endémica | HC2 | Arbustivas |
| QC | Myrceugenia parvifolia (DC.) Kausel | Myrceugenia | Myrtaceae | Endémica | HC2 | Arbustivas |
| RNN | Myrceugenia parvifolia (DC.) Kausel | Myrceugenia | Myrtaceae | Endémica | HC2 | Arbustivas |
| RNN | Myrceugenia pinifolia (F. Phil.) Kausel | Myrceugenia | Myrtaceae | Endémica | HC2 | Arbustivas |
| EBT | Myrceugenia planipes (Hook. & Arn.) O. Berg | Myrceugenia | Myrtaceae | Endémica | HC1 | Arbóreas |
| EBT | Myriophyllum aquaticum (Vell.) Verdc. | Myriophyllum | Haloragaceae | Nativa | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | Nassella duriuscula (Phil.) Barkworth | Nassella | Poaceae | Endémica | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | Nassella gigantea (Steud.) M. Muñoz | Nassella | Poaceae | Endémica | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | Nassella laevisissima (Phil.) Barkworth | Nassella | Poaceae | Endémica | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| PCOY | Nassella parodii (Matthei) Barkworth | Nassella | Poaceae | Endémica | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | Nertera granadensis (Mutis ex L. f.) Druce | Nertera | Rubiaceae | Nativa | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| RNN | Nertera granadensis (Mutis ex L. f.) Druce | Nertera | Rubiaceae | Nativa | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | Nierembergia repens Ruiz & Pav. | Nierembergia | Solanaceae | Nativa | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | Notanthera heterophylla (Ruiz & Pav.) G. Don | Notanthera | Loranthaceae | Endémica | HC2 | Arbustivas |
| QC | Nothofagus alpina (Poepp. & Endl.) Oerst. | Nothofagus | Nothofagaceae | Endémica | HC1 | Arbóreas |
| QC | Nothofagus antarctica (G. Forst.) Oerst. | Nothofagus | Nothofagaceae | Endémica | HC1 | Arbóreas |

| | | | | | | |
|------|---|--------------------|-------------------|-------------|--------|--------------------|
| QC | <i>Nothofagus dombeyi</i> (Mirb.) Oerst. | <i>Nothofagus</i> | Nothofagaceae | Endémica | HC1 | Arbóreas |
| RNN | <i>Nothofagus dombeyi</i> (Mirb.) Oerst. | <i>Nothofagus</i> | Nothofagaceae | Endémica | HC1 | Arbóreas |
| PCOY | <i>Nothofagus obliqua</i> (Mirb.) Oerst. | <i>Nothofagus</i> | Nothofagaceae | Endémica | HC1 | Arbóreas |
| RNN | <i>Nothofagus obliqua</i> (Mirb.) Oerst. | <i>Nothofagus</i> | Nothofagaceae | Endémica | HC1 | Arbóreas |
| RNN | <i>Ochagavia carnea</i> (Beer) L.B. Sm. & Looser | <i>Ochagavia</i> | Bromeliaceae | Endémica | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | <i>Oenothera acaulis</i> Cav. | <i>Oenothera</i> | Onagraceae | Endémica | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| PCOY | <i>Oenothera ravenii</i> W. Dietr. subsp. <i>chilensis</i> W. Dietr. | <i>Oenothera</i> | Onagraceae | Endémica | HC3 HA | Herbáceas anuales |
| EBT | <i>Oenothera stricta</i> Ledeb. ex Link subsp. <i>stricta</i> | <i>Oenothera</i> | Onagraceae | Nativa | HC3 HA | Herbáceas anuales |
| EBT | <i>Oldenlandia salzmannii</i> (DC.) Benth. & Hook. | <i>Oldenlandia</i> | Rubiaceae | Nativa | HC3 HA | Herbáceas anuales |
| QC | <i>Olsynium junceum</i> (E. Mey. ex C. Presl) Goldblatt subsp. <i>junceum</i> | <i>Olsynium</i> | Iridaceae | Nativa | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | <i>Ornithopus compressus</i> L. | <i>Ornithopus</i> | Fabaceae | Introducida | HC3 HA | Herbáceas anuales |
| EBT | <i>Osmorhiza chilensis</i> Hook. & Arn. | <i>Osmorhiza</i> | Apiaceae | Nativa | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| PCOY | <i>Osmorhiza chilensis</i> Hook. & Arn. | <i>Osmorhiza</i> | Apiaceae | Nativa | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| QC | <i>Ourisia ruelloides</i> (L. f.) Kuntze | <i>Ourisia</i> | Plantaginaceae | Endémica | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| QC | <i>Ovidia andina</i> (Poepp. & Endl.) Meisn. | <i>Ovidia</i> | Thymelaeaceae | Endémica | HC2 | Arbustivas |
| EBT | <i>Oxalis gyrorhiza</i> Bertero ex Colla | <i>Oxalis</i> | Oxalidaceae | Endémica | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | <i>Oxalis micrantha</i> Bertero ex Colla | <i>Oxalis</i> | Oxalidaceae | Nativa | HC3 HA | Herbáceas anuales |
| EBT | <i>Oxalis perdicaria</i> (Molina) Bertero | <i>Oxalis</i> | Oxalidaceae | Endémica | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | <i>Oxalis rosea</i> Jacq. | <i>Oxalis</i> | Oxalidaceae | Endémica | HC3 HA | Herbáceas anuales |
| QC | <i>Oxalis rosea</i> Jacq. | <i>Oxalis</i> | Oxalidaceae | Endémica | HC3 HA | Herbáceas anuales |
| RNN | <i>Oxalis rosea</i> Jacq. | <i>Oxalis</i> | Oxalidaceae | Endémica | HC3 HA | Herbáceas anuales |
| EBT | <i>Oziroë biflora</i> (Ruiz & Pav.) Speta | <i>Oziroë</i> | Asparagaceae | Nativa | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | <i>Paronychia chilensis</i> DC. subsp. <i>chilensis</i> | <i>Paronychia</i> | Caryophyllaceae | Nativa | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | <i>Pasithea caerulea</i> (Ruiz & Pav.) D. Don | <i>Pasithea</i> | Hemerocallidaceae | Nativa | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| PCOY | <i>Pasithea caerulea</i> (Ruiz & Pav.) D. Don | <i>Pasithea</i> | Hemerocallidaceae | Nativa | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | <i>Paspalum dasyleurum</i> Kunze ex E. Desv. | <i>Paspalum</i> | Poaceae | Endémica | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| QC | <i>Persea lingue</i> (Ruiz & Pav.) Nees | <i>Persea</i> | Lauraceae | Endémica | HC1 | Arbóreas |
| RNN | <i>Persea lingue</i> (Ruiz & Pav.) Nees | <i>Persea</i> | Lauraceae | Endémica | HC1 | Arbóreas |
| EBT | <i>Petrorhagia dubia</i> (Raf.) G. López & Romo | <i>Petrorhagia</i> | Caryophyllaceae | Introducida | HC3 HA | Herbáceas anuales |

| | | | | | | |
|------|--|----------------------|----------------|-------------|--------|--------------------|
| EBT | <i>Peumus boldus</i> Molina | <i>Peumus</i> | Monimiaceae | Endémica | HC1 | Arbóreas |
| PCOY | <i>Peumus boldus</i> Molina | <i>Peumus</i> | Monimiaceae | Endémica | HC1 | Arbóreas |
| RNN | <i>Peumus boldus</i> Molina | <i>Peumus</i> | Monimiaceae | Endémica | HC1 | Arbóreas |
| RNN | <i>Pinus radiata</i> D. Don | <i>Pinus</i> | Pinaceae | Introducida | HC1 | Arbóreas |
| EBT | <i>Piptochaetium angolense</i> Phil. | <i>Piptochaetium</i> | Poaceae | Endémica | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | <i>Piptochaetium depressum</i> (Steud.) C. Peña <i>Piptochaetium fuscum</i> (Nees ex Steud.) Barkworth, Cialdella & Gandhi | <i>Piptochaetium</i> | Poaceae | Endémica | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | <i>Pitavia punctata</i> (Ruiz & Pav.) Molina | <i>Pitavia</i> | Rutaceae | Endémica | HC1 | Arbóreas |
| RNN | <i>Pitavia punctata</i> (Ruiz & Pav.) Molina | <i>Pitavia</i> | Rutaceae | Endémica | HC1 | Arbóreas |
| EBT | <i>Plagiobothrys polycaulis</i> (Phil.) I.M. Johnst. <i>Plantago australis</i> Lam. subsp. <i>cumingiana</i> (Fisch. & C.A. Mey.) Rahn | <i>Plagiobothrys</i> | Boraginaceae | Endémica | HC3 HA | Herbáceas anuales |
| QC | <i>Plantago lanceolata</i> L. | <i>Plantago</i> | Plantaginaceae | Endémica | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | <i>Plantago lanceolata</i> L. | <i>Plantago</i> | Plantaginaceae | Introducida | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| RNN | <i>Plantago major</i> L. | <i>Plantago</i> | Plantaginaceae | Introducida | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | <i>Plantago truncata</i> Cham. & Schltld. | <i>Plantago</i> | Plantaginaceae | Endémica | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| RNN | <i>Plantago truncata</i> Cham. & Schltld. | <i>Plantago</i> | Plantaginaceae | Endémica | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | <i>Pleopeltis macrocarpa</i> (Bory ex Willd.) Kaulf. | <i>Pleopeltis</i> | Polypodiaceae | Nativa | HC3 HX | Herbáceas epífitas |
| RNN | <i>Pleopeltis macrocarpa</i> (Bory ex Willd.) Kaulf. | <i>Pleopeltis</i> | Polypodiaceae | Nativa | HC3 HX | Herbáceas epífitas |
| EBT | <i>Poa annua</i> L. | <i>Poa</i> | Poaceae | Introducida | HC3 HA | Herbáceas anuales |
| EBT | <i>Poa denudata</i> Steud. | <i>Poa</i> | Poaceae | Endémica | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | <i>Poa pratensis</i> L. subsp. <i>pratensis</i> | <i>Poa</i> | Poaceae | Introducida | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | <i>Podanthus ovatifolius</i> Lag. | <i>Podanthus</i> | Asteraceae | Endémica | HC2 | Arbustivas |
| QC | <i>Podanthus ovatifolius</i> Lag. | <i>Podanthus</i> | Asteraceae | Endémica | HC2 | Arbustivas |
| RNN | <i>Podanthus ovatifolius</i> Lag. | <i>Podanthus</i> | Asteraceae | Endémica | HC2 | Arbustivas |
| RNN | <i>Podocarpus salignus</i> D. Don | <i>Podocarpus</i> | Podocarpaceae | Endémica | HC1 | Arbóreas |
| EBT | <i>Polygala gayi</i> A.W. Benn. | <i>Polygala</i> | Polygalaceae | Endémica | HC3 HA | Herbáceas anuales |
| PCOY | <i>Polygala gayi</i> A.W. Benn. <i>Polygonum hydropiperoides</i> Michx. var. <i>hydropiperoides</i> | <i>Polygala</i> | Polygalaceae | Endémica | HC3 HA | Herbáceas anuales |
| EBT | <i>Polygonum persicaria</i> L. | <i>Polygonum</i> | Polygonaceae | Nativa | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | <i>Polygonum persicaria</i> L. | <i>Polygonum</i> | Polygonaceae | Introducida | HC3 HA | Herbáceas anuales |

| | | | | | | |
|------|--|-------------------------|-----------------|-------------|--------|--------------------|
| QC | <i>Synammia feuillei</i> (Bertero) Copel. var. <i>feuillei</i> | <i>Synammia</i> | Polypodiaceae | Endémica | HC3 HX | Herbáceas epífitas |
| EBT | <i>Polypogon viridis</i> (Gouan) Breistr. | <i>Polypogon</i> | Poaceae | Introducida | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | <i>Polystichum chilense</i> (H. Christ) Diels var. <i>chilense</i> | <i>Polystichum</i> | Dryopteridaceae | Endémica | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| QC | <i>Polystichum chilense</i> (H. Christ) Diels var. <i>chilense</i> | <i>Polystichum</i> | Dryopteridaceae | Endémica | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| | <i>Polystichum subintegerrimum</i> (Hook. & Arn.) R. Rodr. | <i>Polystichum</i> | Dryopteridaceae | Endémica | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | <i>Pombalia parviflora</i> (Mutis ex L.f.) Paula-Souza | <i>Pombalia</i> | Violaceae | Nativa | HC2 | Arbustivas |
| RNN | <i>Populus alba</i> L. | <i>Populus</i> | Salicaceae | Introducida | HC1 | Arbóreas |
| EBT | <i>Proustia pyrifolia</i> DC. fma. <i>pyrifolia</i> | <i>Proustia</i> | Asteraceae | Endémica | HC2 | Arbustivas |
| PCOY | <i>Proustia pyrifolia</i> DC. fma. <i>pyrifolia</i> | <i>Proustia</i> | Asteraceae | Endémica | HC2 | Arbustivas |
| EBT | <i>Prunella vulgaris</i> L. | <i>Prunella</i> | Lamiaceae | Introducida | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| QC | <i>Prunella vulgaris</i> L. | <i>Prunella</i> | Lamiaceae | Introducida | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| RNN | <i>Prunella vulgaris</i> L. | <i>Prunella</i> | Lamiaceae | Introducida | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | <i>Pseudognaphalium viravira</i> (Molina) Anderb. | <i>Pseudognaphalium</i> | Asteraceae | Endémica | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | <i>Pteris chilensis</i> Desv. | <i>Pteris</i> | Pteridaceae | Endémica | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| RNN | <i>Quercus robur</i> L. | <i>Quercus</i> | Fagaceae | Introducida | HC1 | Arbóreas |
| RNN | <i>Quillaja saponaria</i> Molina | <i>Quillaja</i> | Quillajaceae | Endémica | HC1 | Arbóreas |
| QC | <i>Quinchamalium chilense</i> Molina | <i>Quinchamalium</i> | Schoepfiaceae | Nativa | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | <i>Quinchamalium chilense</i> Molina | <i>Quinchamalium</i> | Schoepfiaceae | Nativa | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| QC | <i>Ranunculus hydrophilus</i> Gaudich. | <i>Ranunculus</i> | Ranunculaceae | Endémica | HC3 HA | Herbáceas anuales |
| EBT | <i>Ranunculus muricatus</i> L. | <i>Ranunculus</i> | Ranunculaceae | Introducida | HC3 HA | Herbáceas anuales |
| QC | <i>Ranunculus repens</i> L. var. <i>repens</i> | <i>Ranunculus</i> | Ranunculaceae | Introducida | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | <i>Raphanus sativus</i> L. | <i>Raphanus</i> | Brassicaceae | Introducida | HC3 HA | Herbáceas anuales |
| QC | <i>Raukua laetevirens</i> (Gay) Frodin | <i>Raukua</i> | Araliaceae | Endémica | HC2 | Arbustivas |
| EBT | <i>Rhamnus diffusus</i> Clos | <i>Rhamnus</i> | Rhamnaceae | Endémica | HC2 | Arbustivas |
| EBT | <i>Rhaphithamnus spinosus</i> (Juss.) Moldenke | <i>Rhaphithamnus</i> | Verbenaceae | Nativa | HC2 | Arbustivas |
| QC | <i>Rhaphithamnus spinosus</i> (Juss.) Moldenke | <i>Rhaphithamnus</i> | Verbenaceae | Nativa | HC2 | Arbustivas |
| RNN | <i>Rhaphithamnus spinosus</i> (Juss.) Moldenke | <i>Rhaphithamnus</i> | Verbenaceae | Nativa | HC2 | Arbustivas |
| EBT | <i>Rhodophiala maculata</i> (L'Hér.) Ravenna | <i>Rhodophiala</i> | Amaryllidaceae | Endémica | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| QC | <i>Ribes magellanicum</i> Poir. subsp. <i>magellanicum</i> | <i>Ribes</i> | Grossulariaceae | Endémica | HC2 | Arbustivas |

| | | | | | | |
|------|--|-------------|-----------------|-------------|--------|--------------------|
| EBT | <i>Ribes punctatum</i> Ruiz & Pav. | Ribes | Grossulariaceae | Nativa | HC2 | Arbustivas |
| RNN | <i>Ribes punctatum</i> Ruiz & Pav. | Ribes | Grossulariaceae | Nativa | HC2 | Arbustivas |
| RNN | <i>Rosa rubiginosa</i> L. | Rosa | Rosaceae | Introducida | HC2 | Arbustivas |
| EBT | <i>Rosa rubiginosa</i> L. | Rosa | Rosaceae | Introducida | HC2 | Arbustivas |
| PCOY | <i>Rosa rubiginosa</i> L. | Rosa | Rosaceae | Introducida | HC2 | Arbustivas |
| RNN | <i>Rubus ulmifolius</i> Schott | Rubus | Rosaceae | Introducida | HC2 | Arbustivas |
| EBT | <i>Rumex acetosella</i> L. | Rumex | Polygonaceae | Introducida | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | <i>Rumex conglomeratus</i> Murray | Rumex | Polygonaceae | Introducida | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| RNN | <i>Rumex conglomeratus</i> Murray | Rumex | Polygonaceae | Introducida | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | <i>Rumex crispus</i> L. | Rumex | Polygonaceae | Introducida | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | <i>Rumex maricola</i> J. Remy | Rumex | Polygonaceae | Endémica | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | <i>Rumex pulcher</i> L. | Rumex | Polygonaceae | Introducida | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | <i>Salix babylonica</i> L. | Salix | Salicaceae | Introducida | HC1 | Arbóreas |
| EBT | <i>Salix caprea</i> L. | Salix | Salicaceae | Introducida | HC1 | Arbóreas |
| QC | <i>Sambucus nigra</i> L. subsp. <i>nigra</i> | Sambucus | Adoxaceae | Introducida | HC2 | Arbustivas |
| PCOY | <i>Samolus latifolius</i> Duby | Samolus | Primulaceae | Endémica | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | <i>Sanguisorba minor</i> Scop. | Sanguisorba | Rosaceae | Introducida | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| PCOY | <i>Sanguisorba minor</i> Scop. | Sanguisorba | Rosaceae | Introducida | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | <i>Sanicula crassicaulis</i> Poepp. ex DC. | Sanicula | Apiaceae | Endémica | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| QC | <i>Sanicula graveolens</i> Poepp. ex DC. | Sanicula | Apiaceae | Nativa | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | <i>Sarmienta scandens</i> (J.D. Brandis ex Molina) Pers. | Sarmienta | Gesneriaceae | Endémica | HC2 | Arbustivas |
| QC | <i>Saxegothaea conspicua</i> Lindl. | Saxegothaea | Podocarpaceae | Endémica | HC1 | Arbóreas |
| PCOY | <i>Scabiosa atropurpurea</i> L. | Scabiosa | Dipsacaceae | Introducida | HC2 | Arbustivas |
| RNN | <i>Senecio aquaticus</i> Hill subsp. <i>barbareifolius</i> (Wimm. & Grab.) Walters | Senecio | Asteraceae | Introducida | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| QC | <i>Senecio glaber</i> Less. | Senecio | Asteraceae | Endémica | HC2 | Arbustivas |
| EBT | <i>Senecio nigrescens</i> Hook. & Arn. | Senecio | Asteraceae | Endémica | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| RNN | <i>Senecio sylvaticus</i> L. | Senecio | Asteraceae | Introducida | HC3 HA | Herbáceas anuales |
| RNN | <i>Acrisione denticulata</i> (Hook. & Arn.) B. Nord. | Acrisione | Asteraceae | Endémica | HC2 | Arbustivas |
| EBT | <i>Senna stipulacea</i> (Aiton) H.S. Irwin & Barneby var. <i>stipulacea</i> | Senna | Fabaceae | Endémica | HC2 | Arbustivas |

| | | | | | | |
|------|--|-----------------------|-----------------|-------------|--------|--------------------|
| RNN | <i>Senna stipulacea</i> (Aiton) H.S. Irwin & Barneby var. stipulacea | <i>Senna</i> | Fabaceae | Endémica | HC2 | Arbustivas |
| EBT | <i>Sherardia arvensis</i> L. | <i>Sherardia</i> | Rubiaceae | Introducida | HC3 HA | Herbáceas anuales |
| EBT | <i>Silene gallica</i> L. | <i>Silene</i> | Caryophyllaceae | Introducida | HC3 HA | Herbáceas anuales |
| EBT | <i>Sisyrinchium chilense</i> Hook. subsp. chilense | <i>Sisyrinchium</i> | Iridaceae | Nativa | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| PCOY | <i>Sisyrinchium chilense</i> Hook. subsp. chilense | <i>Sisyrinchium</i> | Iridaceae | Nativa | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| QC | <i>Sisyrinchium chilense</i> Hook. subsp. chilense | <i>Sisyrinchium</i> | Iridaceae | Nativa | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| RNN | <i>Sisyrinchium chilense</i> Hook. subsp. chilense | <i>Sisyrinchium</i> | Iridaceae | Nativa | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | <i>Solanum crispum</i> Ruiz & Pav. | <i>Solanum</i> | Solanaceae | Endémica | HC2 | Arbustivas |
| QC | <i>Solanum crispum</i> Ruiz & Pav. | <i>Solanum</i> | Solanaceae | Endémica | HC2 | Arbustivas |
| RNN | <i>Solanum crispum</i> Ruiz & Pav. | <i>Solanum</i> | Solanaceae | Endémica | HC2 | Arbustivas |
| EBT | <i>Solanum nigrum</i> L. | <i>Solanum</i> | Solanaceae | Introducida | HC3 HA | Herbáceas anuales |
| QC | <i>Solanum valdiviense</i> Dunal | <i>Solanum</i> | Solanaceae | Endémica | HC2 | Arbustivas |
| EBT | <i>Solenomelus pedunculatus</i> (Gillies ex Hook.) Hochr. | <i>Solenomelus</i> | Iridaceae | Endémica | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| PCOY | <i>Solenomelus pedunculatus</i> (Gillies ex Hook.) Hochr. | <i>Solenomelus</i> | Iridaceae | Endémica | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | <i>Sonchus asper</i> (L.) Hill | <i>Sonchus</i> | Asteraceae | Introducida | HC3 HA | Herbáceas anuales |
| EBT | <i>Sonchus oleraceus</i> L. | <i>Sonchus</i> | Asteraceae | Introducida | HC3 HA | Herbáceas anuales |
| EBT | <i>Sophora cassioides</i> (Phil.) Sparre | <i>Sophora</i> | Fabaceae | Endémica | HC1 | Árbóreas |
| QC | <i>Sporobolus indicus</i> (L.) R. Br. var. indicus | <i>Sporobolus</i> | Poaceae | Nativa | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | <i>Stellaria arvalis</i> Fenzl ex F. Phil. | <i>Stellaria</i> | Caryophyllaceae | Endémica | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | <i>Stellaria chilensis</i> Pedersen | <i>Stellaria</i> | Caryophyllaceae | Nativa | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | <i>Stellaria media</i> (L.) Cirillo var. media | <i>Stellaria</i> | Caryophyllaceae | Introducida | HC3 HA | Herbáceas anuales |
| EBT | <i>Stenandrium dulce</i> (Cav.) Nees | <i>Stenandrium</i> | Acanthaceae | Nativa | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| PCOY | <i>Sticherus squamulosus</i> (Desv.) Nakai | <i>Sticherus</i> | Gleicheniaceae | Nativa | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| RNN | <i>Sticherus squamulosus</i> (Desv.) Nakai | <i>Sticherus</i> | Gleicheniaceae | Nativa | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| QC | <i>Symphyotrichum vahlii</i> (Gaudich.) G.L. Nesom | <i>Symphyotrichum</i> | Asteraceae | Endémica | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | <i>Synammia feuillei</i> (Bertero) Copel. var. feuillei | <i>Synammia</i> | Polypodiaceae | Endémica | HC3 HX | Herbáceas epífitas |
| RNN | <i>Synammia feuillei</i> (Bertero) Copel. var. feuillei | <i>Synammia</i> | Polypodiaceae | Endémica | HC3 HX | Herbáceas epífitas |
| EBT | <i>Taraxacum officinale</i> F.H. Wigg. | <i>Taraxacum</i> | Asteraceae | Introducida | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | <i>Teucrium bicolor</i> Sm. | <i>Teucrium</i> | Lamiaceae | Endémica | HC2 | Arbustivas |

| | | | | | | |
|------|---|---------------|------------------|-------------|--------|--------------------|
| PCOY | <i>Trichocline aurea</i> (D. Don) Reiche | Trichocline | Asteraceae | Endémica | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | <i>Trichopetalum plumosum</i> (Ruiz & Pav.) J.F. Macbr. | Trichopetalum | Asparagaceae | Endémica | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | <i>Trifolium dubium</i> Sibth. | Trifolium | Fabaceae | Introducida | HC3 HA | Herbáceas anuales |
| EBT | <i>Trifolium polymorphum</i> Poir. var. <i>polymorphum</i> | Trifolium | Fabaceae | Nativa | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| QC | <i>Trifolium pratense</i> L. | Trifolium | Fabaceae | Introducida | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| QC | <i>Triptilion benaventei</i> J. Remy | Triptilion | Asteraceae | Endémica | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | <i>Triptilion spinosum</i> Ruiz & Pav. | Triptilion | Asteraceae | Endémica | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| QC | <i>Triptilion spinosum</i> Ruiz & Pav. | Triptilion | Asteraceae | Endémica | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | <i>Trisetum caudulatum</i> Trin. | Trisetum | Poaceae | Endémica | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | <i>Tristerix corymbosus</i> (L.) Kuijt | Tristerix | Loranthaceae | Endémica | HC2 | Arbustivas |
| QC | <i>Tristerix corymbosus</i> (L.) Kuijt | Tristerix | Loranthaceae | Endémica | HC2 | Arbustivas |
| RNN | <i>Tristerix verticillatus</i> (Ruiz & Pav.) Barlow & Wiens | Tristerix | Loranthaceae | Nativa | HC2 | Arbustivas |
| QC | <i>Tristerix verticillatus</i> (Ruiz & Pav.) Barlow & Wiens | Tristerix | Loranthaceae | Nativa | HC2 | Arbustivas |
| EBT | <i>Tropaeolum ciliatum</i> Ruiz & Pav. subsp. <i>ciliatum</i> | Tropaeolum | Tropaeolaceae | Endémica | HC4 | Enredaderas |
| QC | <i>Tropaeolum speciosum</i> Poepp. & Endl. | Tropaeolum | Tropaeolaceae | Endémica | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | <i>Ugni molinae</i> Turcz. | Ugni | Myrtaceae | Endémica | HC2 | Arbustivas |
| QC | <i>Ugni molinae</i> Turcz. | Ugni | Myrtaceae | Endémica | HC2 | Arbustivas |
| RNN | <i>Ugni molinae</i> Turcz. | Ugni | Myrtaceae | Endémica | HC2 | Arbustivas |
| EBT | <i>Ulex europaeus</i> L. | Ulex | Fabaceae | Introducida | HC2 | Arbustivas |
| RNN | <i>Ulex europaeus</i> L. | Ulex | Fabaceae | Introducida | HC2 | Arbustivas |
| EBT | <i>Uncinia multifaria</i> Nees ex Boott | Uncinia | Cyperaceae | Endémica | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | <i>Uncinia phleoides</i> (Cav.) Pers. | Uncinia | Cyperaceae | Nativa | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| PCOY | <i>Valeriana laxiflora</i> DC. | Valeriana | Valerianaceae | Endémica | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| QC | <i>Valeriana laxiflora</i> DC. | Valeriana | Valerianaceae | Endémica | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| QC | <i>Valeriana polemoniifolia</i> Phil. | Valeriana | Valerianaceae | Endémica | HC3 HA | Herbáceas anuales |
| EBT | <i>Verbascum thapsus</i> L. | Verbascum | Scrophulariaceae | Introducida | HC3 HA | Herbáceas anuales |
| EBT | <i>Verbascum virgatum</i> Stokes | Verbascum | Scrophulariaceae | Introducida | HC3 HA | Herbáceas anuales |
| EBT | <i>Verbena litoralis</i> Kunth var. <i>litoralis</i> | Verbena | Verbenaceae | Nativa | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| RNN | <i>Veronica serpyllifolia</i> L. | Veronica | Plantaginaceae | Introducida | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | <i>Vicia benghalensis</i> L. | Vicia | Fabaceae | Introducida | HC3 HA | Herbáceas anuales |

| | | | | | | |
|-----|---|--------------|---------------|-------------|--------|--------------------|
| EBT | <i>Vicia hirsuta</i> (L.) Gray | Vicia | Fabaceae | Introducida | HC3 HA | Herbáceas anuales |
| RNN | <i>Vicia nigricans</i> Hook. & Arn. | Vicia | Fabaceae | Endémica | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | <i>Vicia sativa</i> L. subsp. <i>nigra</i> (L.) Ehrh. | Vicia | Fabaceae | Introducida | HC3 HA | Herbáceas anuales |
| EBT | <i>Vicia sativa</i> L. subsp. <i>sativa</i> | Vicia | Fabaceae | Introducida | HC3 HA | Herbáceas anuales |
| EBT | <i>Vinca major</i> L. | Vinca | Apocynaceae | Introducida | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | <i>Viola capillaris</i> Pers. var. <i>capillaris</i> | Viola | Violaceae | Endémica | HC2 | Arbustivas |
| EBT | <i>Viola huidobrii</i> Gay | Viola | Violaceae | Endémica | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | <i>Viola maculata</i> Cav. var. <i>maculata</i> | Viola | Violaceae | Endémica | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | <i>Viola reichei</i> Skottsbo. | Viola | Violaceae | Endémica | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| QC | <i>Viola reichei</i> Skottsbo. | Viola | Violaceae | Endémica | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| EBT | <i>Wahlenbergia linarioides</i> (Lam.) A. DC. | Wahlenbergia | Campanulaceae | Nativa | HC3 HP | Herbáceas perennes |
| QC | <i>Weinmannia trichosperma</i> Cav. | Weinmannia | Cunoniaceae | Endémica | HC1 | Arbóreas |



Manuscrito anexo, publicado en la revista Gayana Botánica,
http://www.scielo.cl/scielo.php?script=sci_serial&pid=0717-6643&lng=es&nrm=iso.

En el marco del desarrollo de esta tesis y en relación al tema de la evaluación de la riqueza de especies, se evaluó la distribución de la diversidad de plantas nativas dentro de la península de Hualpén. Esto con el fin de determinar si existía una homogeneidad vegetacional o una subfragmentación dentro de la península. Como consecuencia de este trabajo se decidió realizar el muestreo de especies para el análisis de la diversidad genética, dentro del área de mayor riqueza de especies nativas que resultó ser la estación de biología terrestre (EBT).

Gayana Bot. 74(1), 2017 ISSN 0016-5301 Gayana Bot. 74(1): XX-XX, 2017

Artículo original

Diversidad taxonómica y genética del sitio prioritario Península de Hualpén, Región del Bío-Bío, Chile. Implicancias para la conservación

**Taxonomic and genetic diversity of the priority site Hualpen Peninsula, Región
Bío-Bío, Chile. Implications for conservation**

GLENDIA FUENTES^{1*}, ANITA CISTERNAS², GRACIELA VALENCIA³, MARITZA MIHOČ³, EDUARDO RUIZ¹,
RODRIGO HASBÚN⁴, SOFÍA VALENZUELA⁴ & CARLOS M. BAEZA¹

¹Departamento de Botánica Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción, Casilla 160-C, Concepción, Chile. ²Plant Biology and Conservation, Weinberg College of Arts and Science. Northwestern University, O.T. Hogan Hall, 2205 Tech Drive 60208 Evanston, IL. USA. ³Instituto de Ecología y Biodiversidad (IEB): Dirección: Las Palmeras 3425, Ñuñoa, Santiago, Chile. ⁴Departamento de Silvicultura, Facultad de Ciencias Forestales, Universidad de Concepción. Victoria 631, Barrio Universitario, Casilla 160-C, Correo 3, Concepción, Chile.

*glfuente@udec.cl

RESUMEN

Dentro de los componentes de la diversidad biológica se encuentran la diversidad taxonómica y genética. El análisis de ambos resulta indispensable para la elaboración de estrategias de manejo y conservación de áreas prioritarias para la conservación. La península de Hualpén alberga uno de los últimos relictos de bosque costero de la región del Biobío, concentrado en la Estación de Biología Terrestre cedida en comodato a la Universidad de Concepción, por parte de la gobernación de Concepción. En este estudio se evaluó la variabilidad taxonómica y genética de la península con el fin de contribuir al desarrollo de estrategias de conservación y futuro desarrollo de planes de manejo en esta. Para ello se cuantificó la riqueza de especies a lo largo de 20 transectos, localizados dentro de la península. A su vez, se evaluó la diversidad genética con marcadores AFLP para 5 especies no relacionadas filogenéticamente. Se encontró un total de 90 especies, donde el 78% son nativas y el 22% son especies introducidas. La riqueza de especies nativas se concentró en la estación de biología terrestre, presentando diferencias significativas con el resto de los sitios muestreados. El análisis de los marcadores moleculares mostró valores de diversidad genética congruentes con los reportados para especies de similares características biológicas. Además, los resultados de diversidad genética para las especies estudiadas concuerdan con lo reportados en otros sitios de su distribución geográfica de estas especies. Por lo tanto, la estación de biología terrestre concentra altos valores de diversidad específica y genética. Esto podría ser el reflejo de la protección del sitio por parte de la entidad administradora. Considerando la presencia de especies en peligro dentro de la estación biológica y la riqueza de especies en el área, se aconseja incluir a la estación de biología terrestre y algunos lugares aledaños en el sistema de áreas protegidas por el estado.

Palabras claves: Relicto nativo, riqueza de especies, variabilidad genética, conservación

ABSTRACT

Taxonomic and genetic diversity are among the components of biodiversity. Both components need to be taken in consideration to establish management and conservation strategies in high-priority areas for conservation. Pedro del Rio Zañartu park in the peninsula of Hualpén, contains one of the last relicts of the coastal forest of the Bio-Bio Region, mainly concentrated in the Terrestrial Biological Station assigned to the University of Concepcion near to the city of Concepcion.

In this study, we evaluated both taxonomic and genetic diversity of the peninsula to establish conservation strategies and future management plans in the area. We quantified the number of species along 20 transects within the park and in the surrounding areas. In addition, we measured the genetic diversity in 6 phylogenetically unrelated species, using AFLP markers. A total of 90 species were recorded, 78 % native and 22 % non-native. The highest species richness was found in the Terrestrial Biological Station area, having significance difference with the rest of the sampling sites. The genetic analysis showed similar values of genetic diversity than previously reported for species with similar biological traits and for the same studied species, in different zones of their distribution.

Therefore, high levels of species richness and genetic diversity were found in the biological station. This could be as a result of the management and protection by the university. Considering the presence of endangered species within the Terrestrial Biological Station and the spatial distribution of species richness in the area, we recommend that the Terrestrial Biological Station and surrounding areas need to be part of the areas protected by the government.

Key words: Native Relict, species richness, genetic diversity, conservation.

INTRODUCCIÓN

Existe plena conciencia que el explosivo crecimiento de las poblaciones humanas y sus efectos locales, regionales y globales han provocado graves problemas ambientales (Ojeda 1998). Factores tales como la fragmentación de hábitats, el cambio climático, y la degradación de ambientes están influenciando la distribución y abundancia de especies a partir de factores directos e indirectos frecuentemente impredecibles (Primm & Rave 2000, Bellard *et al.* 2012). Por otro lado, una de las consecuencias más dramáticas es el deterioro de la diversidad biológica en todos sus niveles (Woodruff 2001, Kameswara 2004). En este escenario, decidir qué conservar y dónde hacerlo es un problema de difícil solución.

Tradicionalmente, uno de los principales criterios para definir qué conservar se ha focalizado en la preservación de *hotspots* de biodiversidad, es decir, zonas que albergan una alta concentración de especies endémicas (al menos 0,5% del total global) y que hayan experimentado una drástica disminución de hábitats (Myers *et al.* 2000). No obstante, uno de los avances en relación a las estrategias de conservación, es su conceptualización de conservar no solo a una especie en particular o su diversidad genética, sino que también considerar a la comunidad en la cual se encuentran inmersas (Fitzpatrick & Keller 2014, Weinig *et al.* 2014). Este enfoque permite conservar las especies en peligro, e incorpora la dinámica evolutiva del sitio. En consecuencia, las áreas de protección, resguardan no solo la riqueza de especies, sino que también la riqueza genética que poseen el conjunto de las especies que coexisten (Vandergast *et al.* 2008).

Entendiendo que no solo la extinción de especies lleva a pérdida de la diversidad biológica, se ha propuesto el análisis de la variabilidad genética para conservar y estudiar los procesos que mantienen y generan dicha biodiversidad (Myers & Knoll 2001, Forest *et al.* 2007, Latta 2008). Los procesos evolutivos que modifican la variabilidad, y por ende, la diversidad biológica a nivel genético son las mutaciones, deriva, flujo génico y selección (Lewontin 1974, Eguiarte 1999). Estos procesos denominados en su conjunto procesos micro-evolutivos, generan variación a nivel de individuos y poblaciones a través del cambio en las frecuencias alélicas (Filipchenko 1927), y constituyen un factor importante en la adaptación de las especies a diferentes ambientes. La pérdida de diversidad genética (variabilidad alélica) en poblaciones naturales, reduce la capacidad de las especies para

evolucionar y hacer frente a cambios ambientales (Frankahm 2005, Meirmans *et al.* 2011). Por lo tanto, la conservación de la diversidad genética, permite que las especies mantengan su potencial de adaptarse a cambios ambientales (Jay *et al.* 2012, Lasky *et al.* 2012).

Se ha señalado que la riqueza de especies y la diversidad genética están correlacionadas positivamente debido a la influencia paralela de los factores ambientales (*e.g.* área, conectividad, y heterogeneidad ambiental) en ambos niveles de diversidad (Kahilainen *et al.* 2014). Sin embargo, son escasos los estudios que hayan evaluado de manera conjunta estos dos aspectos, existiendo un ejemplo en plantas alpinas (ver Taberlet *et al.* 2012), estudio en el cual no se encontró dicha correlación. De acuerdo a esta hipótesis, las zonas de transición climática presentarían altos valores de endemismo, riqueza específica y variabilidad genética, debido a la amplitud de variables climáticas y ecológicas que poseen (Smith 2001).

En Chile, una zona de transición climática importante se ubica en la Región del Biobío (36° Lat. sur). Para esta zona se ha descrito un alto nivel de endemismo (Villagrán *et al.* 1995, Villagrán & Hinojosa 1997a, 1997b) y una alta riqueza de especies (Cavieres *et al.* 2005). Esta zona a su vez, se encuentra altamente amenazada debido a la drástica reducción de bosque nativo, el cual ha experimentado una reducción del 64% (Lara *et al.* 2012). Esta zona de transición climática se encuentra inmersa en el *hotspot* de diversidad descrito para Chile por Myers *et al.* (2001), determinado en función de las particularidades de su flora y fauna (altos niveles de endemismos) y a la fuerte presión producto del cambio del uso de suelo (pérdida de hábitats) en estas regiones del país (Arroyo *et al.* 2004). A partir de 1996 se han propuesto para esta zona numerosos sitios prioritarios para la conservación (Muñoz *et al.* 1996, Cavieres *et al.* 2005, Ibarra-Vidal *et al.* 2005). No obstante, hasta el día de hoy, no existe un marco legal que permita conservarlos.

Ante la urgencia de conservación en la región, decidir qué conservar y donde hacerlo requiere de los mayores esfuerzos para evitar la pérdida de especies, comunidades y su inherente variabilidad genética. En este contexto, la Península de Hualpén es uno de los últimos relictos de vegetación nativa en la zona costera de la región del Biobío (Polyméris 1995). Entre sus formaciones vegetales destaca el Bosque Caducifolio de Concepción (Gajardo 1994), el cual cubría la cordillera de la Costa en la región, no obstante, fue

reemplazada por cultivos agrícolas y plantaciones forestales (CONAF <http://www.conaf.cl/parques/reserva-nacional-nonguen/>) y en la actualidad, en la región del Biobío, solo se encuentra protegido un 3,4% del bosque nativo por el Sistema Nacional de Áreas Silvestres del Estado (Lara *et al.* 2012). En cuanto a su flora, cabe destacar, la presencia de especies endémicas, de distribución restringida y en peligro de conservación como son *Pitavia punctata* Molina y *Gomortega keule* (Molina) Baill. (Muñoz 1996). A su vez, desde el punto faunístico posee sitios de nidificación de aves migratorias, además de la presencia de mamíferos como son *Dromiciops glirioides* Thomas (1894), *Myocastor coypus* Molina (1782), especies también con problemas de conservación (Consejo de Monumentos Nacionales <http://www.monumentos.cl/catalogo/625/w3-article-26236.html>).

De acuerdo a lo anterior y considerando que han pasado 40 años de haber sido declarada Santuario de la Naturaleza y 20 años desde el último estudio de vegetación en la Península, el objetivo del presente trabajo fue evaluar la distribución de la riqueza y diversidad de especies vegetales en la península centrándose en aquellas áreas que aún conservan vegetación nativa, determinando a su vez, la variación genética en las áreas de mayor riqueza y diversidad de especies nativas. Con estos resultados se contribuirá al desarrollo de estrategias de conservación y futuro desarrollo de planes de manejo en la península.

MATERIALES Y MÉTODOS

ÁREA DE ESTUDIO

La península de Hualpén se ubica en el borde costero de la Bahía de Concepción entre los 36°45' - 36°49' S y los 73°9' - 73°13'O (Figura 2.2.1.). En 1976 fue declarada Santuario de la Naturaleza, ante la necesidad de conservar los ecosistemas que estaban bajo una fuerte presión antrópica (Polyméris 1995, Decreto N°556 del Ministerio de Educación, Ley No 17.288 de Monumentos Nacionales).

La vegetación de la península incluye comunidades boscosas, donde entran en contacto especies del bosque esclerófilo con especies del bosque costero higrófilo (Polyméris 1995). La convergencia de estas comunidades ha sido explicada, en parte, por su ubicación dentro de la zona de transición entre los climas mediterráneo y templado,

gradiente climático que abarca latitudinalmente desde los 36°00' hasta los 38°30' sur y longitudinalmente desde los 71°00'O hasta el Océano Pacífico (Di Castri & Hajek 1976). El libre acceso a las diferentes áreas de la península y la presencia de predios privados, han fomentado la reducción de la cobertura de especies nativas, la colonización de especies introducidas y el aumento de plantaciones como *Pinus radiata* D. Don y *Eucalyptus globulus* Labill (Figura 2.2.1.).

Al sur de la península, próximo a la desembocadura del río Biobío y en dirección hacia los acantilados de Rocoto se ubica el Parque Pedro del Río Zañartu (Figura 2.2.1.). El parque cuenta con cerca de 73 hectáreas, donde se alcanza una altitud promedio de 60 m s.n.m. Al interior del parque se distingue el sector en el cual se ubica la Estación de Biología Terrestre de 89 ha, fundada en el año 1970 y que fue cedida en comodato a la Universidad de Concepción por parte de la Gobernación de Concepción. Periódicamente la Estación de Biología Terrestre, en adelante EBT, se encuentra sujeta a labores de manejo destinados a favorecer la mantención de la flora nativa. Entre las principales actividades del plan de manejo se encuentran la restricción del tráfico de público, eliminación de especies introducidas, mantención y reducción de senderos y exclusión de animales domésticos.

RIQUEZA Y DIVERSIDAD TAXONÓMICA

Para evaluar la distribución de la riqueza y diversidad de plantas vasculares en la península se realizó un muestreo en 20 sitios distribuidos aleatoriamente: 9 en la EBT, 8 en el sector de la desembocadura y 3 en el resto de la península (Figura 2.2.1.). Los sitios muestreados corresponden a sectores donde la vegetación no presentaba signos de perturbación reciente y se escogieron de forma independiente de la presencia de especies introducidas. No se muestreó localidades dominadas por plantaciones forestales, cultivos o zonas con un alto grado de degradación en la vegetación (Figura 2.2.1.).

En cada sitio se realizó un transecto lineal de 20 m, en donde se registró los puntos de intersección de las distintas especies vegetales. Con esto se determinó riqueza y abundancia de las especies en cada sitio. Para evaluar el esfuerzo de muestreo, se realizaron curvas de rarefacción, donde se contrastó la riqueza de especies observada y esperada para el área de estudio, utilizando el índice de Mao Tau y Chao 1, respectivamente (Colwell &

Coddington, 1994). Para determinar si existen diferencias significativas entre las curvas de valores observados y esperados, se utilizaron los intervalos de confianza al 95%. Los análisis de rarefacción se realizaron con el programa EstimateS 8.2 (Colwell 2009).

Los nombres científicos y clasificación taxonómica de las especies registradas se establecieron de acuerdo a Stevens (2001 en adelante). Las especies se clasificaron de acuerdo a su origen en nativas e introducidas siguiendo lo establecido por Zuloaga *et al.* (2008).

La cobertura de las especies se estimó contabilizando los puntos de intersección de los individuos en el transecto. Los valores de cobertura se utilizaron para estimar la diversidad de los sitios en términos de heterogeneidad y equitatividad. La heterogeneidad de los sitios se midió mediante el índice de Shannon-Wiener (H) (énfasis en especies raras) y el índice de Simpson (D) (énfasis en especies comunes). La equitatividad de los sitios se evaluó utilizando índice de equitatividad de Shannon (J) (Tabla 2.2.S1). Debido a que los datos no cumplen con los supuestos de normalidad y homogeneidad de varianza, las comparaciones se realizaron mediante la prueba no-paramétrica de Wilcoxon con el programa R-project (R Core Team 2014).

Para visualizar las relaciones de distancia entre sitios se realizó un análisis de agrupamiento UPGMA (*Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean*). La matriz de distancia (euclidiana) entre sitios se confeccionó a partir de las variables número de especies nativas y número de especies introducidas por sitio. Para evaluar la composición de especies de los grupos obtenidos en el análisis de agrupamiento se realizaron comparaciones de medias entre los valores de especies totales, especies nativas y especies introducidas por sitio. Todos estos análisis se desarrollaron con los paquetes *Agricolae* y *pvclust* para R-project (R Core Team 2014). Para evaluar las diferencias entre sitios de muestreo en función de su composición (nivel comunitario) se efectuó un análisis de escalamiento multidimensional no métrico (siglas en inglés NMS, MDS o NMDS). La matriz de distancia Bray-Curtis se confeccionó a partir de los datos de cobertura por transecto. El análisis se llevó a cabo mediante el paquete *Vegan 2.3-5.tar.gz* para R-project (R Core Team 2014).

DIVERSIDAD GENÉTICA

En la península, existen numerosos sitios que se encuentran inmersos en una matriz con severa perturbación antrópica, generándose zonas de vegetación nativa discontinuas y con menor número de especies arbóreas y arbustivas, e interrumpidas por caminos y senderos. En su conjunto estas alteraciones podrían afectar la variabilidad genética dentro de los parches nativos, por ejemplo por el efecto de deriva génica debido a la reducción de los tamaños poblacionales especialmente en las especies herbáceas, no siendo tan evidente en las especies longevas. Debido a esto, previa a la obtención de muestras para los análisis genéticos se realizó una clasificación cualitativa de la vegetación de la península para determinar las zonas de mayor riqueza y abundancia de especies nativas.

De acuerdo a la categorización de los sitios de la península, el análisis de la diversidad genética se realizó en ejemplares localizados dentro de la ETB, a través de la estimación de la variabilidad genética en un grupo de taxa no relacionados filogenéticamente, ya que esto garantiza la evaluación de la diversidad dentro de los distintos componentes (diferentes niveles taxonómicos) siguiendo lo propuesto por Vandergast *et al.* (2008). Entre los criterios de selección de las 5 especies evaluadas se consideró: la representación de grupos taxonómicos distantes, su representación (abundancia y frecuencia) en el área evaluada, la inclusión de hábitos de crecimiento diferentes, la factibilidad de acceso para la toma de muestras y el fácil reconocimiento taxonómico en terreno (Tabla 2.2.1.). En este estudio se utilizaron especies diploides ya que el uso de poliploides puede resultar en una sobre estimación de la diversidad genética, debido a los mecanismos de reparación del genoma (*e. g.* genes silenciados en cromosomas duplicados) (Ohno 1972, Comai 2000). Las especies seleccionadas fueron: *Blechnum hastatum* Kaulf., *Aextoxicon punctatum* Ruiz & Pavón, *Luma apiculata* (DC.) Burret, *Cissus striata* Ruiz et Pav. y *Lapageria rosea* Ruiz et Pav. (Tabla 2.2.1.). Para cada especie se muestrearon 40 individuos con una distancia promedio de 5 m entre ellos, para evitar el muestreo de clones. Los individuos fueron geo-referenciados y las muestras, consistentes en hojas nuevas de cada especie, fueron almacenadas en sílica gel para su posterior análisis. Para evaluar la correlación entre la diversidad genética y el tamaño de la muestra de cada

especie se realizó un test de Pearson, el cual no mostró diferencias significativas para ninguno de los estimadores de diversidad genética ($p < 0,050$).

EXTRACCIÓN DE ADN

La extracción de ADN total se realizó utilizando un protocolo modificado del método CTAB (Doyle & Doyle 1987). El protocolo involucra una limpieza de la muestra con el buffer Sorbitol (0,35 M), para eliminar el exceso de polisacáridos (Tel – Zur *et al.* 1999). La calidad del ADN fue comprobada en geles de agarosa al 1% y se realizó la dilución de las muestras para el análisis de AFLP en la proporción 1:5, diluyendo con agua nano pura (Hasbún *et al.* 2012). Las muestras se almacenaron a $- 20^{\circ}\text{C}$ hasta ser usadas en los análisis de AFLP.

AMPLIFICACIÓN AFLP Y GENOTIPIFICACIÓN

La técnica de AFLP (*Amplified Fragment of Length Polymorphism*) se realizó siguiendo el protocolo optimizado por Hasbún *et al.* (2012). En la amplificación selectiva se utilizaron partidores con las mismas secuencias que los partidores preseleativos más 3 bases adicionales. Se probaron 22 combinaciones de marcadores AFLP. La selección de las combinaciones a utilizar, fue verificada en geles de agarosa al 2%. Se realizó una búsqueda preliminar de la mejor combinación, evaluando la cantidad de fragmentos, nitidez e intensidad de los fragmentos amplificados entre 50 y 500 pares de bases (pb). Los protocolos fueron estandarizados en los Laboratorios de Sistemática Molecular del Departamento de Botánica de la Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas y Laboratorio de Epigenética de la Facultad de Ciencias Forestales, ambos de la Universidad de Concepción. Los productos de amplificación selectiva fueron corridos en un secuenciador automático (Applied Biosystem 3130, 16 capilares) en el Laboratorio de Genómica Forestal del Centro de Biotecnología de la Universidad de Concepción.

Sobre la base de los electroferogramas de AFLP obtenidos, se construyó una matriz binaria de datos (ausencia / presencia de bandas), con *GeneMarker*® *The Biologist Friendly Software* (Trial Versión <http://www.softgenetics.com/downloads.php>). Se consideraron aquellas bandas entre 100 y 450 bp, que presentaron una buena intensidad y

definición, con al menos 1 bp de diferencia entre ellas. Adicionalmente, se realizó un chequeo visual de cada uno de los perfiles, para reducir el número de falsos positivos (Bonin 2007, Turner 2013,). Luego se determinó la presencia de loci que estaban presente en solo un individuo para ser eliminados del análisis, según lo recomendado por Bonin *et al.* (2004). La matriz final para todas las combinaciones se unificó y fue utilizada para los análisis de diversidad genética.

ESTADÍSTICOS DE DIVERSIDAD GENÉTICA

Para estimar la diversidad genética a nivel de especie se utilizaron los siguientes índices: heterocigosidad esperada (H_e) (Nei 1973), riqueza alélica mediante el Número de alelos diferentes (N_a), Número de alelos efectivos por (N_e), índice de Shannon (I) y el porcentaje de loci polimórficos AFLP ($\%P$). Todos los índices fueron calculados con el programa GenAlEx versión 6.5 (Peakall & Smouse 2012). Para evaluar las diferencias estadísticas en los valores de los parámetros de diversidad entre especies, se realizó un análisis de varianza (ANOVA de una vía) y Test HSD (*Honestly-significant-difference*) de Tukey en el programa R con el paquete Rcmdr (Fox 2005).

RESULTADOS

DIVERSIDAD TAXONÓMICA

Para los 20 puntos de muestreo seleccionados (T1-T20) (Figura 2.2.2.), se encontró un total de 90 especies de plantas vasculares, pertenecientes a 79 géneros, 46 familias y 28 ordenes (Tabla 2.2.S2.). El 78% de las especies registradas son nativas y el 22% corresponden a especies introducidas. Cabe destacar que de las nativas registradas el 29% son endémicas para Chile. El 80 % de las especies nativas registradas se encuentran localizadas principalmente en el sector de la EBT sujeta a plan de manejo (T1-T6) (Figura 2.2.2.). En cuanto a las curvas de rarefacción los valores registrados no muestran diferencias entre lo esperado y lo observado (Tabla 2.2.S3.), y a pesar que las curvas no alcanzan la asíntota el muestreo realizado en la península es representativo de la diversidad taxonómica de esta.

Los mayores valores para los índices de diversidad de especies se encuentran fuera de la reserva en los sitios T9 y T14 (Tabla 2.2.2.), los cuales presentan, a su vez los índices

más altos de equitatividad (J), sin embargo, en este último sitio se encuentra una mayor proporción de especies introducidas en relación a los puntos que se encuentran dentro de la EBT.

Los resultados obtenidos para el total de las especies muestran que la riqueza de la península mostró un mayor promedio de especies nativas dentro de la EBT ($W= 78,5$, $p= 0,002$). A su vez, los sitios dentro de la EBT muestran los índices más altos de diversidad (H y D). No obstante, al comparar los índices de diversidad (H y D) y equitatividad entre los grupos dentro de la estación (EBT) y fuera de esta (FEBT), no se encuentran diferencias significativas para ninguno de ellos (H: $W = 66$; $p= 0,051$; D: $W= 60$; $p= 0,153$ y J: $W= 44$; $p= 0,904$).

Al comparar los mismos grupos (EBT y FEBT), pero realizando el análisis solo con las especies nativas, se encuentra una mayor riqueza de especies y mayor diversidad en los sitios de la EBT, sin embargo, la equitatividad sigue sin mostrar diferencias significativas (Figura 2.2.3.).

De acuerdo al análisis de agrupamiento en base a la riqueza de especies nativas e introducidas de cada transecto, se obtuvo 2 grupos de sitios (Figura 2.2.4.). El primer grupo constituido por T1-T6, T9 y T14 (Grupo rojo), corresponde a sitios que poseen principalmente especies nativas (93% del total de especies nativas registradas en este estudio) y el segundo (Grupo azul) constituido por los sitios restantes, los cuales albergan una mayor proporción de especies introducidas, estando representado el 90% del total de especies introducidas registradas. Pese a las diferencias en la composición de especies de los sitios que forman los grupos, solo se observan diferencias significativas en el número de especies nativas ($W= 71$, $p= 0,004$) y en el número total de especies por sitios ($W= 70$, $p= 0,005$). A su vez, no se observaron diferencias significativas entre el número de especies introducidas entre los grupos ($W= 17$, $p= 0,064$). Cabe destacar, que en la conformación del Grupo Azul se incluye a los sitios T7 y T8, que aunque solo presentan especies nativas, el número total de estas está por debajo de la media general de los sitios (3 y 4 especies, respectivamente; $media=7$ especies).

De acuerdo al análisis de ordenamiento (MDS), se puede distinguir la conformación de dos grupos ($Stress=0,045$) con diferencias significativas en solo uno de los ejes (Figura

2.2.5). Los grupos identificados son concordantes con la diferenciación de sitios al interior de EBT (T1-T6) y Fuera de la EBT (T7-T20). Los sitios de la EBT presentan poca diferenciación entre ellos a diferencia de los sitios fuera de la reserva los cuales son muy diferentes entre sí.

DIVERSIDAD GENÉTICA

El número de individuos muestreados fue 40, sin embargo, el número de individuos analizados varió de 36 a 12, debido a problemas de extracción o amplificación. Para las tres combinaciones de partidores (Eco AGG/ MseGAC; Eco ATA/ Mse CTG y Eco AGG/Mse GAC) se obtuvo un total de fragmentos amplificados (bandas) que varió entre 115 en *B. hastatum* a - 266 en *L. rosea*.

Los mayores valores de diversidad genética para los índices de *He*, *I* y *Ne* se encontraron en *B. hastatum* y *A. punctatum*, en tanto *C. striata* muestra los menores valores en todos los índices salvo en *Na*. Los valores de *P%* muestran una tendencia diferente, registrando el menor porcentaje en *B. hastatum* y el mayor en *A. punctatum* (Tabla 2.2.3.).

En el análisis de medias muestra que en todos los estimadores de diversidad genética existen diferencias significativas entre especies (*He*: $F=15.55$ $p<0,001$; *I*: $F=20,57$ $p<0,001$; *Ne*: $F=10,89$, $p<0,001$; *Na*: $F=47,95$, $p<0,001$), siendo *B. hastatum* la única que muestra diferencias significativas con el resto de las especies (Anexo 3). En particular, para la *He* e *I* no se registraron diferencias significativas entre *L. apiculata* - *A. punctatum*, *L. apiculata*, *C. striata* y *Lapageria rosea* - *Luma apiculata* ($p>0,05$). Para *Ne* además de las tres combinaciones anteriores se agregan *C. striata* - *A. punctatum* ($p>0,05$), finalmente, el patrón de *Na* no registra diferencias entre *C. striata* - *A. punctatum*, *Luma apiculata* - *A. punctatum* y *L. apiculata* - *C. striata* ($p>0,05$).

DISCUSIÓN

De acuerdo a nuestros resultados la distribución espacial de la riqueza y la diversidad de especies en la península de Hualpén es heterogénea, destacándose la diversidad de especies y formaciones vegetales incluidas en la Estación de Biología Terrestre de la Universidad de Concepción. A nivel específico, cuando se considera el total de especies registradas, los índices de riqueza y diversidad aunque son mayores en los de la EBT, no son significativamente diferentes al resto de los sitios de la península. Sin embargo, cuando se evalúa la distribución de solo las especies nativas estas diferencias se hacen significativas (Número de especies, H y D significativamente mayor en la EBT, $p > 0,05$).

Por otro lado, la composición de especies en los diferentes sitios considerados da cuenta de la heterogeneidad de sus comunidades, pudiendo reconocerse dos grandes grupos: aquellas comunidades en las que las especies nativas corresponden al componente principal (en nuestro trabajo, representadas por los sitios T1-T6) y aquellas en donde las especies introducidas son las que cobran relevancia (sitios T9-T20). De esta forma, la introducción de especies en la península altera las comunidades nativas cambiando sus características intrínsecas (e.g. composición y estructura). Consecuentemente, la disimilitud de los sitios en el análisis de ordenamiento (dispersión en los dos ejes del MDS) permitiría considerar que en la mayor parte de los sitios predominan las especies introducidas pudiendo ser considerados cada uno de ellos, como comunidades diferentes. Del total de especies introducidas registradas, el 75% corresponden a especies invasoras para Chile (Fuentes *et al.* 2014), las cuales por definición modifican el paisaje que habitan (Lockwood *et al.* 2007). Los patrones aquí encontrados son consistentes con la idea de que cuando las especies invasoras invaden comunidades nativas cambian su composición, estructura y diversidad (Mack *et al.* 2000, Vilá *et al.* 2011).

De acuerdo a Polymeris (1995) la heterogeneidad entre las comunidades de la península, puede deberse a la fragmentación y degradación progresiva de la vegetación boscosa experimentada en sus comunidades. Diversos estudios han mostrado que la fragmentación es uno de los principales responsables de la pérdida de especies en ecosistemas terrestres (Saunders *et al.* 1991, Vitousek 1994). Del mismo modo, se ha asociado a la fragmentación y pérdida de hábitat con la reducción del tamaño poblacional

(Burkey 1995). Se sabe que en poblaciones pequeñas y aisladas existe una mayor probabilidad de perder variación genética por pérdida de alelos (Ellstrand & Ellam 1993, Frankham *et al.* 2003). Sin embargo, nuestros resultados muestran que la fragmentación que ha experimentado la península de Hualpén, durante las últimas décadas, parece no haber afectado los valores de diversidad genética de las comunidades vegetales que alberga la EBT. En este sentido, los valores de diversidad genética en términos de He , reportados en este estudio, muestran que *B. hastatum*, *L. rosea* y *C. striata* alcanzan valores similares a los reportados en el trabajo de Nybom (2004) para especies con el mismo tipo de reproducción, ciclo de vida y distribución geográfica. No obstante, que para las especies arbóreas *A. punctatum* y *L. apiculata* se registran valores levemente menores a los enunciados por este autor. Consistentemente, al comparar nuestros resultados con los reportados por Torres-Díaz *et al.* (2013) en el Parque Coyañmahuida, las especies *Lapageria rosea*, *Luma apiculata*, *A. punctatum* y *C. striata*, presentan valores de He similares, en tanto que nuestros resultados en términos de $P\%$ son incluso mayores (*C. striata* $He=0,215$, $P\%=98$; *Lapageria rosea* $He=0,212$, $P\%=79$; *A. punctatum* $He=0,227$, $P\%=77,4$; *Luma apiculata* $He=0,211$, $P\%=95,6$).

Es así como este trabajo da cuenta de dos aspectos importantes para la conservación, en primer lugar la necesidad de establecer medidas de mantención y protección de la diversidad de flora nativa, a través de estrategias de conservación efectiva por medio del estado de Chile. La no inclusión de las formaciones vegetales de la península de Hualpén en el SNASPE ha fomentado la introducción de especies, el aumento de la superficie de plantaciones y la aumento de número de parches y disminución de la superficie promedio de cada uno (Lara *et al.* 2012, Miranda *et al.* 2016). Pese a ello los valores de diversidad de especies y genética que posee EBT muestra la efectividad del manejo que se ha hecho hasta la fecha por parte de la entidad a cargo de este terreno, cabe destacar que esta es la única zona sujeta a manejo. En segundo lugar, deja en evidencia la necesidad de realizar más estudios que permitan actualizar la información sobre el estado de la flora del lugar y la diversidad genética de los distintos grupos de plantas presentes y su interacción con los parámetros ecológicos de la zona. Además de estudios de diversidad genética fuera de la EBT que permitan evaluar por ejemplo la hipótesis que plantea que la

riqueza de especies y la diversidad genética están correlacionadas positivamente (Kahilainen *et al.* 2014) y así visualizar si efectivamente las zonas protegidas poseen mayor diversidad genética que las zonas no protegidas. Con ello se podría no solo evaluar el hecho que zonas sometidas a manejo conservan de mejor manera ambos aspectos de la diversidad biológica, sino que además permitirían la elaboración de planes de manejo adecuados que incluyan ambos niveles de la diversidad, para recuperar áreas que registren menores valores de uno o ambos componentes (taxonómico y/o genético).

Por lo tanto, de acuerdo a los resultados obtenidos, la EBT necesita ser mantenida fortaleciendo los planes de manejo que se han dado hasta la fecha, y se recomienda, ampliar la evaluación de nuevos sitios en sectores aledaños que puedan ser incorporados para potenciar la conectividad entre parches de vegetación nativa. Se recomienda además incluir o considerar las características genéticas de las especies presentes en este sector en futuras estrategias de conservación, específicamente aquellas que incluyan restauración *in situ*, en especial dentro de la EBT. Por último y debido a los antecedentes del rápido efecto que tienen factores como el cambio climático global sobre la variabilidad genética de las especies vegetales (Bellard *et al.* 2012), se recomienda establecer parcelas permanentes de monitoreo con el fin de evaluar como se ve afectada la diversidad en todos sus niveles ante este tipo de alteraciones.

Finalmente, es necesario destacar que la evaluación de la riqueza de especies y la diversidad genética de las comunidades, tradicionalmente se ha abordado de manera independiente, y este estudio muestra la importancia de realizar evaluaciones conjuntas de los dos niveles de diversidad dentro y entre las zonas de interés para la conservación.

AGRADECIMIENTOS

Se agradece el financiamiento del PROYECTO DIUC N° 211.111.057 - 1.0. Administración de la reserva Hualpén, en especial a Don Ricardo León, por su valiosa ayuda en los muestreos y a Dra. (C) María Moreno por sus revisiones y comentarios.

Tabla 2.2.1. Categorías taxonómicas y algunas características biológicas de las seis especies utilizadas en el estudio de variabilidad genética.

| Especie | Clase | Orden | Familia | N° cromosómico | Hábito |
|-----------------------------|---------------|------------------|---------------|----------------|----------------------------|
| <i>Blechnum hastatum.</i> | Filicopsida | Filicales | Blechnaceae | 2N= 66 | Hierba terrestre (Perenne) |
| <i>Luma apiculata</i> | Magnoliopsida | Myrtales | Myrtaceae | 2N=22 | Arbusto o árbol (Perenne) |
| <i>Gevuina avellana</i> | Magnoliopsida | Proteales | Proteaceae | 2N=26 | Árbol (Perenne) |
| <i>Aextoxicon punctatum</i> | Magnoliopsida | Berberidopsiales | Aextoxicaceae | 2N=32 | Arbusto o árbol (Perenne) |
| <i>Cissus striata</i> | Magnoliopsida | Vitales | Vitaceae | 2N=34 | Liana (Perenne) |
| <i>Lapageria rosea</i> | Liliopsida | Liliales | Philesiaceae | 2N=30 | Enredadera (Perenne) |

Antecedentes para otras especie del género: *Cissus sulcicaulis* (Baker)Planch.

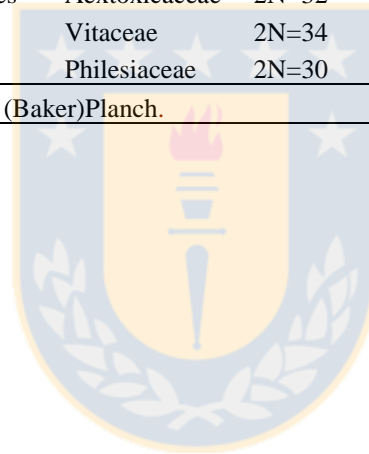


Tabla 2.2.2. Valores de diversidad, para sitio de muestreo, determinados a través de los índices de diversidad de Shannon (H) y Simpson (D), y de equitatividad de Shannon (J). Grupos de sitios: Estación de Biología Terrestre (EBT) y Fuera de Estación de Biología Terrestre (FEBT).

| Sitio | H | D | J | Grupos de sitios |
|-------|-------|-------|-------|------------------|
| T1 | 1,550 | 0,699 | 0,604 | EBT |
| T2 | 1,635 | 0,646 | 0,577 | EBT |
| T3 | 1,846 | 0,765 | 0,682 | EBT |
| T4 | 2,117 | 0,844 | 0,782 | EBT |
| T5 | 1,770 | 0,752 | 0,625 | EBT |
| T6 | 1,565 | 0,707 | 0,630 | EBT |
| T7 | 0,690 | 0,424 | 0,498 | FEBT |
| T8 | 0,489 | 0,245 | 0,353 | FEBT |
| T9 | 2,207 | 0,878 | 0,888 | FEBT |
| T10 | 1,570 | 0,758 | 0,807 | FEBT |
| T11 | 0,846 | 0,484 | 0,610 | FEBT |
| T12 | 0,192 | 0,091 | 0,277 | FEBT |
| T13 | 1,801 | 0,804 | 0,866 | FEBT |
| T14 | 2,819 | 0,919 | 0,876 | FEBT |
| T15 | 1,099 | 0,667 | 1,000 | EBT |
| T16 | 1,226 | 0,579 | 0,630 | EBT |
| T17 | 1,402 | 0,622 | 0,564 | EBT |
| T18 | 1,274 | 0,666 | 0,612 | FEBT |
| T19 | 1,245 | 0,657 | 0,599 | FEBT |
| T20 | 1,063 | 0,558 | 0,593 | FEBT |

Tabla 2.2.3. Estadísticos de diversidad genética intra-poblacional para cada una de las especies en estudio. Número de individuos (N°), Número de alelos diferentes (N_a) y Número de alelos efectivos (N_e), Índice de Shannon (I), Heterocigosidad esperada (H_e), Porcentaje de loci polimórficos ($P\%$).

| Especie | N° | N_a | N_e | I | H_e | $P\%$ |
|-----------------------------|-------------|-------|-------|-------|-------|-------|
| <i>Cissus striata</i> | 33 | 1,965 | 1,286 | 0,32 | 0,195 | 98 |
| EE | | 0,018 | 0,019 | 0,014 | 0,01 | |
| <i>Blechnum hastatum</i> | 30 | 1,896 | 1,325 | 3,353 | 0,22 | 94 |
| EE | | 0,014 | 0,028 | 0,02 | 0,012 | |
| <i>Luma apiculata</i> | 19 | 1,958 | 1,269 | 0,321 | 0,194 | 97,9 |
| EE | | 0,024 | 0,02 | 0,014 | 0,011 | |
| <i>Lapageria rosea</i> | 27 | 1,976 | 1,288 | 0,333 | 0,202 | 98,1 |
| EE | | 0,07 | 0,012 | 0,012 | 0,009 | |
| <i>Aextoxicon punctatum</i> | 20 | 1,986 | 1,328 | 0,362 | 0,255 | 99,3 |
| EE | | 0,014 | 0,023 | 0,014 | 0,012 | |
| Media | | 1,956 | 1,299 | 0,406 | 0,211 | 97,43 |
| EE | | 0,035 | 0,026 | 1,35 | 0,026 | 2,02 |

LEYENDAS DE FIGURAS

Figura 2.2.1. Mapa de la península de Hualpén, con detalle de los sitios de muestreo, con polígonos de cobertura vegetal

Figura 2.2.2. Gráfico de la distribución de porcentaje de especies nativas e introducidas, para cada transecto.

Figura 2.2.3. Gráficos de caja que muestran las diferencias de las variables; riqueza, índices de diversidad y equitatividad, entre los grupos EBT y Fuera de EBT. Se incluye los valores del Test no paramétrico de Wilcoxon (W) y su significancia (valor-p). Los análisis solo consideran la abundancia de especies nativas.

Figura 2.2.4. Dendrograma de agrupamiento y mapa de distribución de sitios de muestreo. Puntos rojos indican sitios ubicados dentro de la EBT (Estación de Biología Terrestre) y pertenecientes al Grupo 1. Puntos azules indican sitios ubicados fuera de la EBT (tanto dentro como fuera del parque Pedro del Río Zañartu), pertenecientes al Grupo 2.

Figura 2.2.5. Escalamiento multidimensional no métrico realizado a partir de la matriz de abundancia de especies nativas e introducidas encontradas en cada uno de los sitios. Los círculos negros corresponden a los sitios encontrados dentro de la EBT y los círculos grises corresponden a los sitios fuera de la EBT. En negro la media de los vectores de similitud. Las barras corresponden a ± 2 errores estándar.

Figura 2.2.1

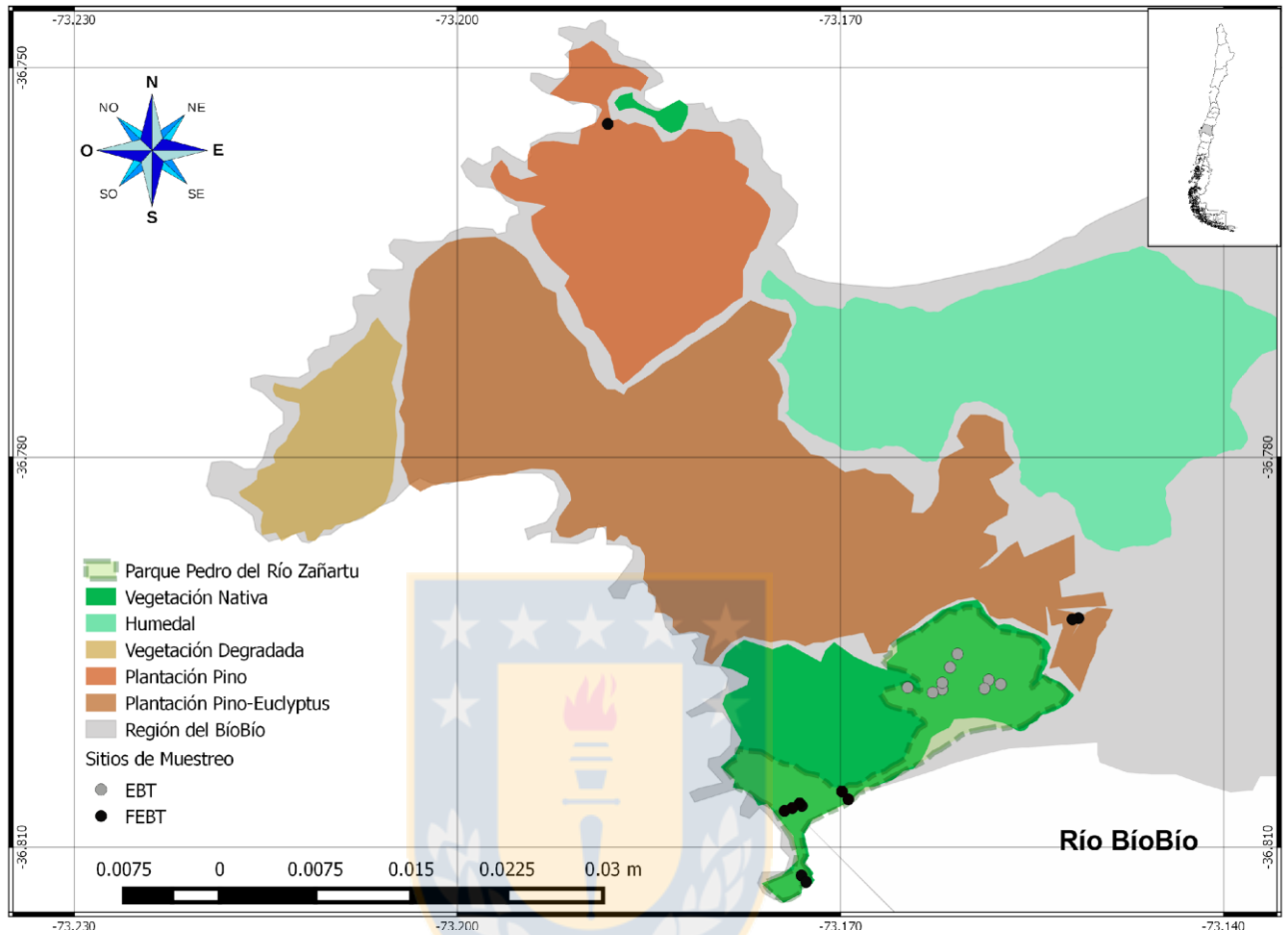


Figure 2.2.2

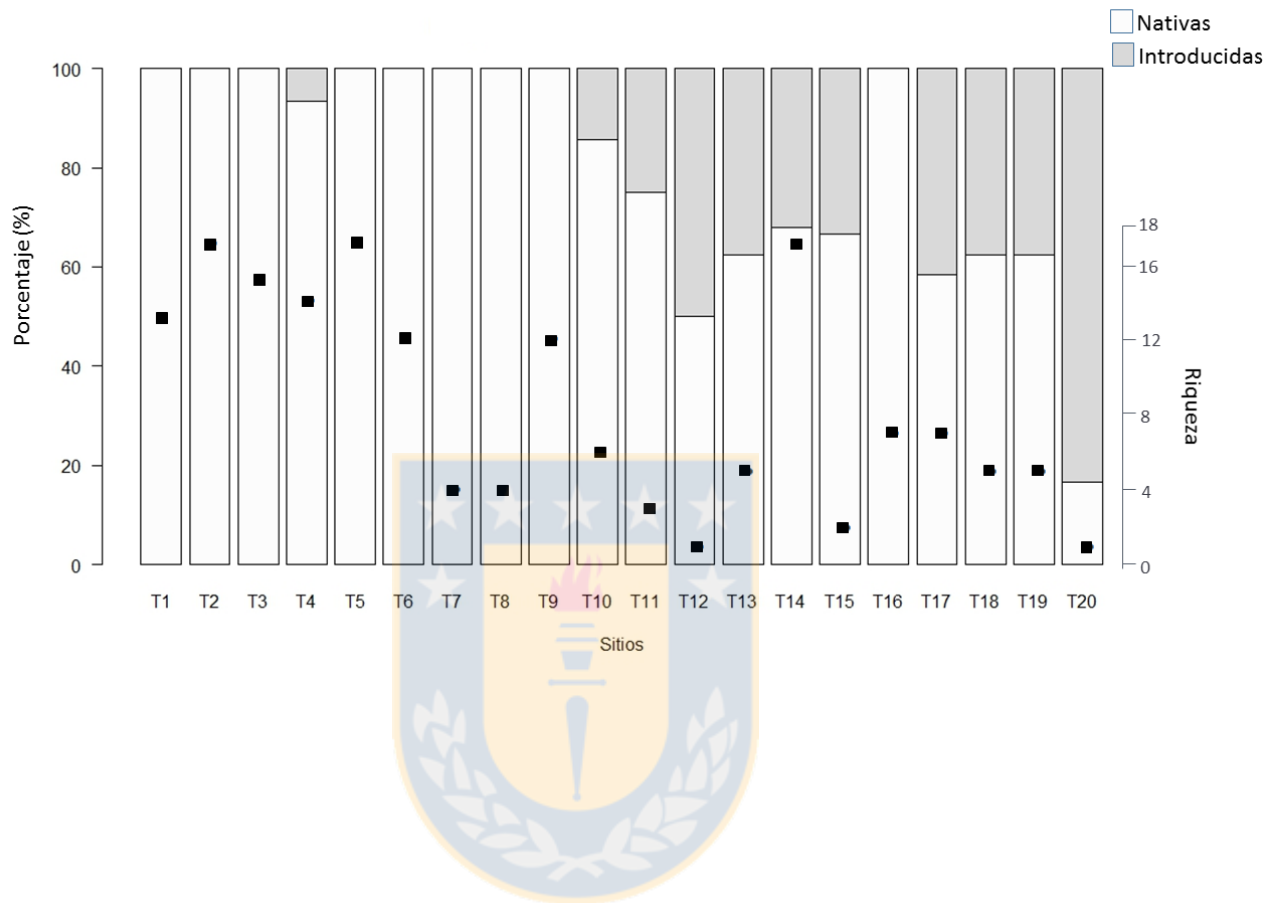


Figura 2.2.3

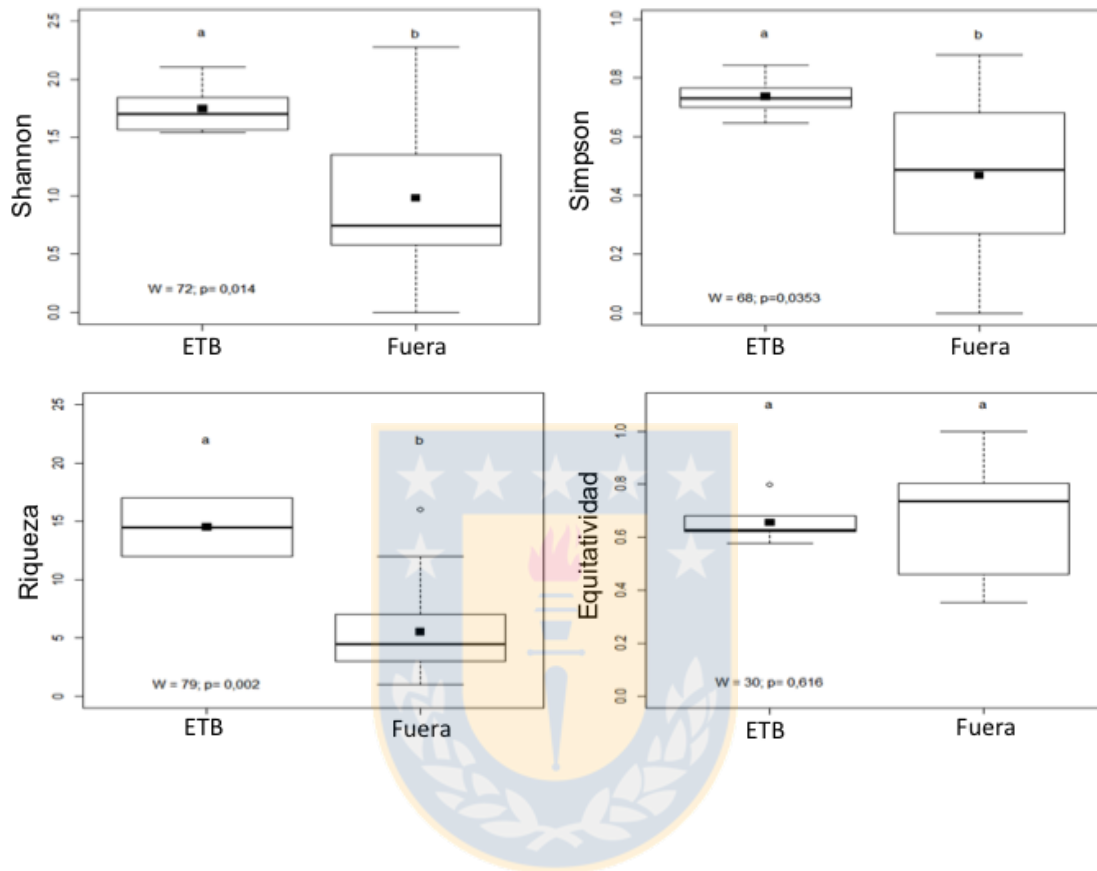


Figura 2.2.4

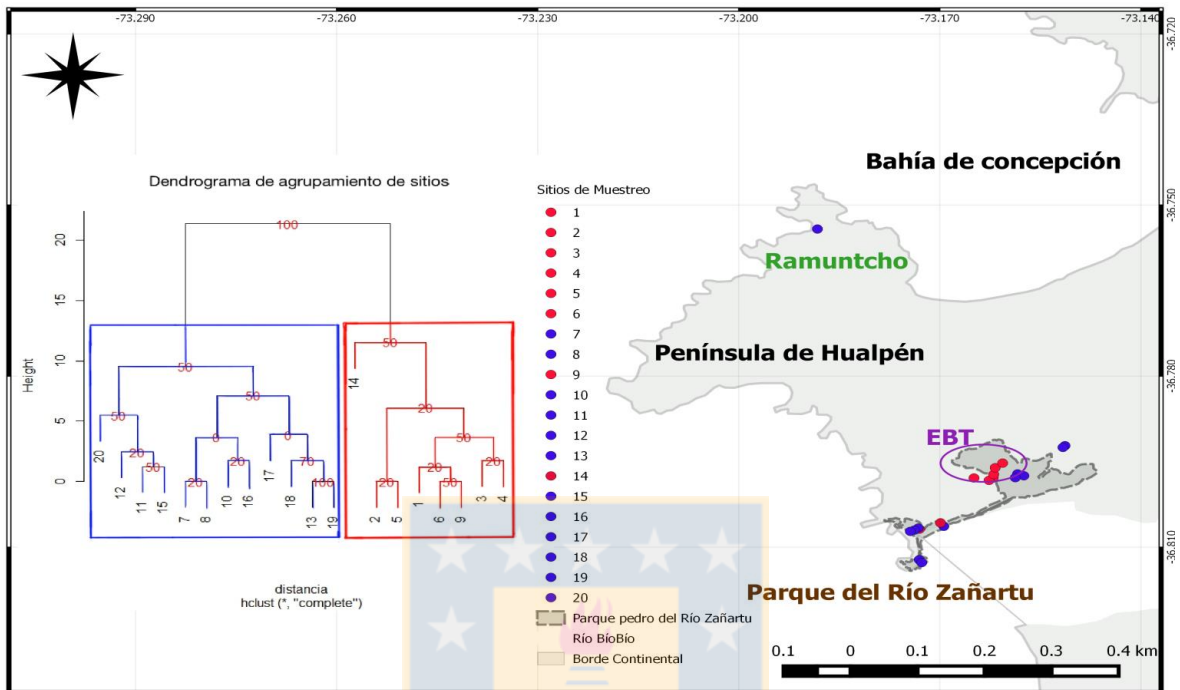
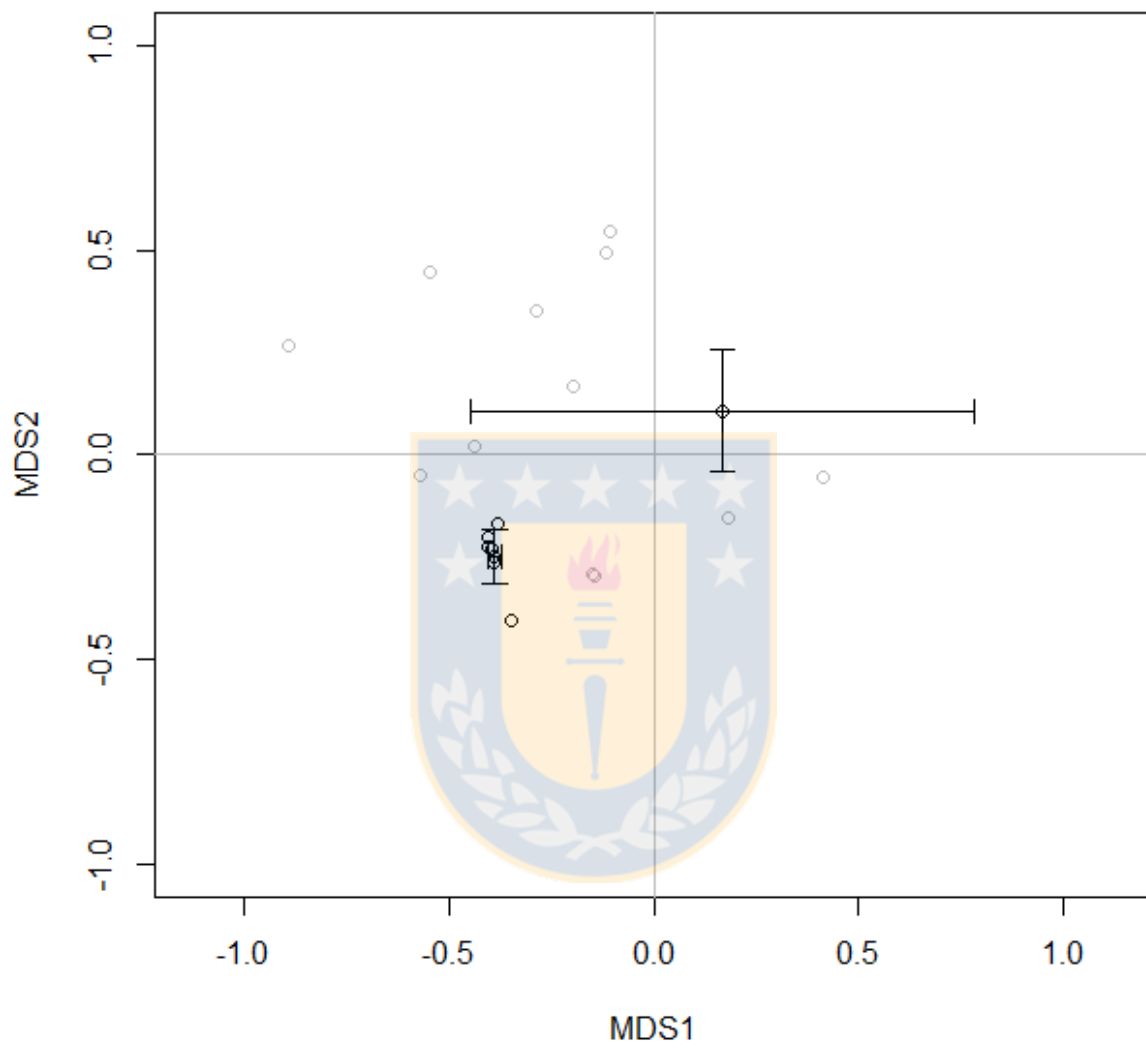


Figura 2.2.5



INFORMACIÓN DE ANEXOS

Tabla 2.2.S1. Fórmulas de los índices de diversidad y equitatividad utilizados.

Tabla 2.2.S2. Listado de especies y sus categorías taxonómicas. Se indica además su origen (Nativo, Endémico o Introducido) y si hábito.

Figura 2.2.S3. Curvas de rarefacción para la estimación del óptimo de muestro en el parque del Pedro del Río Zañartu.

Tabla 2.2.S3. Test HSD (*Honestly-significant-difference*) de Tukey Valor significativo en la comparación de medias entre pares de especies. (+= $p < 0,05$, -= $p > 0,05$).



Tabla 2.2.S1. Fórmulas de los índices de diversidad y equitatividad utilizados.

| Índice | Símbolo | Fórmula |
|------------------------------------|---------|---------------------|
| Índice de Shannon-Wiener | H | $-\sum p_i \ln p_i$ |
| Índice de Simpson | D | $\sum p_i^2$ |
| Índice de Equitatividad de Shannon | J | $H/\ln(S)$ |

Definiciones:

S: número de especies en la muestra

p_i : proporción individuos pertenecientes a i especie ($p_i = n_i/N$, con n_i = número de individuos de la i especie en la muestra y N = Total de individuos muestreados)

\ln : logaritmo natural



Table 2.2.S2. Listado de especies y sus categorías taxonómicas. Se indica además su origen (Nativo, Endémico o Introducido) y si hábito.

| ESPECIES | FAMILIA | ORDEN | ORIGEN | HÁBITO |
|--|------------------|-------------------|-------------|-------------------------------------|
| <i>Adiantum chilense</i> Kaulf. | Pteridaceae | Polypodiales | Nativo | Hierba Perenne |
| <i>Adiantum sulphureum</i> Kaulf. | Pteridaceae | Polypodiales | Nativo | Hierba Perenne |
| <i>Aextoxicon punctatum</i> Ruiz & Pav. | Aextoxicaceae | Berberidopsidales | Nativo | Arbusto o árbol Perenne |
| <i>Agrostis castellana</i> Boiss. & Reut. | Poaceae | Poales | Introducido | Hierba Perenne |
| <i>Alonsoa meridionalis</i> (L. f.) Kuntze | Scrophulariaceae | Lamiales | Endémico | Hierba Perenne |
| <i>Amaranthus retroflexus</i> L. | Amaranthaceae | Caryophyllales | Introducido | Hierba Anual |
| <i>Ambrosia chamissonis</i> (Less.) Greene | Asteraceae | Asterales | Introducido | Hierba Perenne |
| <i>Aristotelia chilensis</i> (Molina) Stuntz | Elaeocarpaceae | Oxalidales | Nativo | Arbusto o árbol Perenne |
| <i>Arrhenatherum elatius</i> (L.) P. Beauv. ex J. Presl & C. Presl | Poaceae | Poales | Introducido | Hierba Perenne |
| <i>Baccharis racemosa</i> (Ruiz & Pav.) DC. | Asteraceae | Asterales | Nativo | Arbusto Perenne |
| <i>Bidens laevis</i> (L.) Britton, Stern & Poggenb. | Asteraceae | Asterales | Nativo | Hierba Perenne |
| <i>Blechnum chilense</i> (Kaulf.) Mett. | Blechnaceae | Eupolypod II | Nativo | Hierba Perenne |
| <i>Blechnum hastatum</i> Kaulf. | Blechnaceae | Eupolypod II | Nativo | Hierba terrestre o saxícola Perenne |
| <i>Bomarea salsilla</i> (L.) Herb. | Alstroemeriaceae | Liliales | Nativo | Hierba Perenne |
| <i>Briza minor</i> L. | Poaceae | Poales | Introducido | Hierba Anual |
| <i>Bromus berteroi</i> Colla | Poaceae | Poales | Nativo | Hierba Anual |
| <i>Bromus lithobius</i> Trin. | Poaceae | Poales | Nativo | Hierba Perenne |
| <i>Calceolaria integrifolia</i> L. | Calceolariaceae | Lamiales | Nativo | Arbusto Perenne |
| <i>Cestrum parqui</i> L'Hér. | Solanaceae | Solanales | Nativo | Arbusto Perenne |
| <i>Chascolytrum koelerioides</i> (Trin.) Essi, Longhi-Wagner & Souza-Chies | Poaceae | Poales | Endémico | Hierba Perenne |
| <i>Chiropetalum tricuspdatum</i> (Lam.) A. Juss. | Euphorbiaceae | Malpighiales | Nativo | Subarbusto Perenne |

| | | | | |
|---|-------------------|-----------------|-------------|-------------------------------------|
| <i>Cissus striata</i> Ruiz & Pav. | Vitaceae | Vitales | Nativo | Liana Perenne |
| <i>Citronella mucronata</i> (Ruiz & Pav.) D. Don | Cardiopteridaceae | Aquifoliales | Endémico | Árbol Perenne |
| <i>Cryptocarya alba</i> (Molina) Looser | Lauraceae | Lurales | Endémico | Árbol Perenne |
| <i>Cynosurus echinatus</i> L. | Poaceae | Poales | Introducido | Hierba Anual |
| Cyperaceae 1 | Cyperaceae | Poales | Nativo | Hierba Perenne |
| Cyperaceae 2 | Cyperaceae | Poales | Nativo | Hierba Perenne |
| <i>Cyperus eragrostis</i> Lam. | Cyperaceae | Poales | Nativo | Hierba Perenne |
| <i>Cytisus scoparius</i> (L.) Link | Fabaceae | Fabales | Introducido | Arbusto Perenne |
| <i>Dactylis glomerata</i> L. | Poaceae | Poales | Introducido | Hierba Perenne |
| <i>Dichondra sericea</i> Sw. | Convolvulaceae | Solanales | Nativo | Hierba Perenne |
| <i>Distichlis spicata</i> (L.) Greene | Poaceae | Poales | Nativo | Hierba Perenne |
| <i>Echium plantagineum</i> L. | Boraginaceae | Boraginales | Introducido | Hierba |
| <i>Eleusine tristacha</i> (Lam.) Lam. | Poaceae | Poales | Nativo | Hierba Anual |
| <i>Eryngium paniculatum</i> Cav. & Dombey ex F. Delaroché | Apiaceae | Apiales | Nativo | Hierba Perenne |
| <i>Eucalyptus globulus</i> Labill. | Myrtaceae | Myrtales | Introducido | Árbol Perenne |
| <i>Francoa appendiculata</i> Cav. | Francoaceae | Geraniales | Endémico | Hierba Perenne |
| <i>Galium aparine</i> L. | Rubiaceae | Gentianales | Introducido | Hierba Anual |
| <i>Galium hypocarpium</i> (L.) Endl. ex Griseb. | Rubiaceae | Gentianales | Nativo | Hierba Perenne |
| <i>Genista monspessulana</i> (L.) L.A.S. Johnson | Fabaceae | Fabales | Introducido | Arbusto Perenne |
| <i>Gevuina avellana</i> Molina | Proteaceae | Proteales | Nativo | Árbol Perenne |
| <i>Griselinia scandens</i> (Ruiz & Pav.) Taub. | Griselinaceae | Apiales | Endémico | Arbusto Perenne |
| <i>Holcus lanatus</i> L. | Poaceae | Poales | Introducido | Hierba Anual |
| <i>Hymenophyllum caudiculatum</i> Mart. | Hymenophyllaceae | Hymenophyllales | Nativo | Hierba epífita Perenne |
| <i>Hymenophyllum peltatum</i> (Poir.) Desv. | Hymenophyllaceae | Hymenophyllales | Nativo | Hierba epífita o epipéfrica Perenne |
| <i>Hypochaeris radicata</i> L. | Asteraceae | Asterales | Introducido | Hierba Perenne |
| <i>Jovellana violacea</i> (Cav.) G. Don | Calceolariaceae | Lamiales | Endémico | Arbusto o subarbusto |

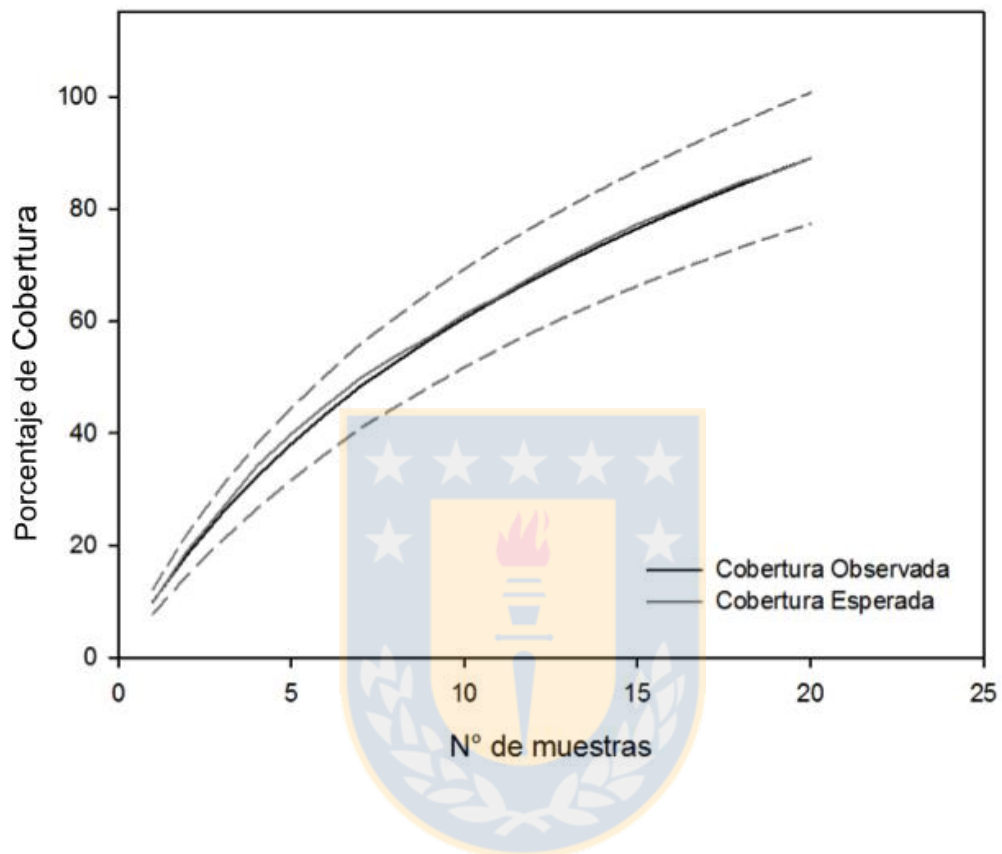
| | | | | |
|--|-----------------|--------------------------|-------------|--------------------------------|
| | | | | (Perenne) |
| <i>Juncus bufonius</i> L. | Juncaceae | Poales | Nativo | Hierba Anual |
| <i>Juncus capillaceus</i> Lam. | Juncaceae | Poales | Nativo | Hierba Perenne |
| <i>Lapageria rosea</i> Ruiz & Pav. | Philesiaceae | Liliales | Endémico | Enredadera Perenne |
| <i>Lardizabala biternata</i> Ruiz & Pav. | Lardizabalaceae | Ranunculales | Endémico | Arbusto o liana Perenne |
| <i>Libertia tricocca</i> Phil. | Iridaceae | Asparagales | Endémico | Hierba Perenne |
| <i>Lithraea caustica</i> (Molina) Hook. & Arn. | Anacardiaceae | Sapindales | Endémico | Árbol Perenne |
| <i>Lolium multiflorum</i> Lam. | Poaceae | Poales | Introducido | Hierba Anual o Bianaual |
| <i>Luma apiculata</i> (DC.) Burret | Myrtaceae | Myrtales | Nativo | Arbusto o árbol Perenne |
| <i>Margyricarpus pinnatus</i> (Lam.) Kuntze | Rosaceae | Rosales | Nativo | Arbusto o subarbusto (Perenne) |
| <i>Muehlenbeckia hastulata</i> (Sm.) I.M. Johnst. | Polygonaceae | Caryophyllales | Nativo | Arbusto Perenne |
| <i>Myrceugenia parvifolia</i> (DC.) Kausel | Myrtaceae | Myrtales | Endémico | Arbusto o árbol Perenne |
| <i>Myrceugenia planipes</i> (Hook. & Arn.) O. Berg | Myrtaceae | Myrtales | Nativo | Árbol Perenne |
| <i>Nassella duriuscula</i> (Phil.) Barkworth | Poaceae | Poales | Endémico | Hierba Perenne |
| <i>Oxalis megalorrhiza</i> Jacq. | Oxalidaceae | Oxalidales | Nativo | Hierba Perenne |
| <i>Oxalis perdicaria</i> (Molina) Bertero | Oxalidaceae | Oxalidales | Nativo | Hierba Perenne |
| <i>Oxalis rosea</i> Jacq. | Oxalidaceae | Oxalidales | Endémico | Hierba Anual |
| <i>Peumus boldus</i> Molina | Monimiaceae | Laurales | Endémico | Arbolito o árbol Perenne |
| <i>Phyla nodiflora</i> (L.) Greene | Verbenaceae | Lamiales | Nativo | Hierba Perenne |
| <i>Pinus radiata</i> D. Don | Pinaceae | Pinales | Introducido | Árbol Perenne |
| <i>Piptochaetium montevidense</i> (Spreng.) Parodi | Poaceae | Poales | Nativo | Hierba Perenne |
| <i>Plantago lanceolata</i> L. | Plantaginaceae | Lamiales | Introducida | Hierba Perenne |
| <i>Podanthus ovatifolius</i> Lag. | Asteraceae | Asterales | Endémico | Arbusto Perenne |
| <i>Polystichum chilense</i> (H. Christ) Diels | Dryopteridaceae | Polypodiales-eupolypod I | Nativo | Hierba Perenne |
| <i>Proustia pyrifolia</i> DC. f. | Asteraceae | Asterales | Endémico | Arbusto Perenne |
| <i>Pteris chilensis</i> Desv. | Pteridaceae | Polypodiales | Endémico | Hierba Perenne |

| | | | | |
|--|-----------------|--------------------------|-------------|-------------------------------------|
| <i>Puya chilensis</i> Molina | Bromeliaceae | Poales | Endémico | Hierba Perenne |
| <i>Rhaphithamnus spinosus</i> (Juss.) Moldenke | Verbenaceae | Lamiales | Nativo | Arbusto Perenne |
| <i>Ribes punctatum</i> Ruiz & Pav. | Grossulariaceae | Saxifragales | Nativo | Arbusto Perenne |
| <i>Rubus constrictus</i> P.J. Müll. & Lefèvre | Rosaceae | Rosales | Introducido | Arbusto Perenne |
| <i>Rumex acetosella</i> L. | Polygonaceae | Caryophyllales | Introducido | Arbusto Perenne |
| <i>Rumex maricola</i> J. Remy | Polygonaceae | Caryophyllales | Endémico | Hierba Perenne |
| <i>Sanicula graveolens</i> Poepp. ex DC. | Apiaceae | Apiales | Nativo | Hierba Perenne |
| <i>Sarmienta scandens</i> (J.D. Brandis ex Molina) Pers. | Gesneriaceae | Lamiales | Endémico | Subarbusto Perenne |
| <i>Senecio nigrescens</i> Hook. & Arn. | Asteraceae | Asterales | Endémico | Hierba Perenne |
| <i>Senna stipulacea</i> (Aiton) H.S. Irwin & Barneby | Fabaceae | Fabales | Endémico | Arbusto Perenne |
| <i>Solanum crispum</i> Ruiz & Pav. | Solanaceae | Solanales | Nativo | Arbusto Perenne |
| <i>Stachys pannosa</i> Phil. | Lamiaceae | Lamiales | Endémico | Hierba Perenne |
| <i>Synammia feuillei</i> (Bertero) Copel. | Polypodiaceae | Polypodiales-eupolypod I | Nativo | Hierba epífita o epipéfrica Perenne |
| <i>Tropaeolum tricolor</i> Sweet | Tropaeolaceae | Brassicales | Endémico | Hierba Perenne |
| <i>Uncinia phleoides</i> (Cav.) Pers. | Cyperaceae | Poales | Nativo | Hierba Perenne |
| <i>Verbena litoralis</i> Kunth | Verbenaceae | Lamiales | Nativo | Hierba Perenne |
| <i>Viola capillaris</i> Pers. | Violaceae | Malpighiales | Endémico | Subarbusto Perenne |
| <i>Vulpia bromoides</i> (L.) Gray | Poaceae | Poales | Introducido | Hierba Anual |

Tabla 2.2.S3. Test HSD (*Honestly-significant-difference*) de Tukey Valor significativo en la comparación de medias entre pares de especies. (+= $p < 0,05$, -= $p > 0,05$).

| Pares de especies | He | I | Ne | Na |
|--|----|---|----|----|
| <i>A. punctatum</i> - <i>B. hastatum</i> | + | + | + | + |
| <i>A. punctatum</i> - <i>C. striata</i> | + | + | - | - |
| <i>A. punctatum</i> - <i>Lapageria rosea</i> | - | - | - | - |
| <i>A. punctatum</i> - <i>Luma apiculata</i> | + | + | + | + |
| <i>B. hastatum</i> - <i>C. striata</i> | + | + | + | + |
| <i>B. hastatum</i> - <i>Luma apiculata</i> | + | + | + | + |
| <i>B. hastatum</i> - <i>Lapageria rosea</i> | + | + | + | + |
| <i>C. striata</i> - <i>Luma apiculata</i> | - | - | - | - |
| <i>C. striata</i> - <i>Lapageria rosea</i> | - | - | - | + |
| <i>Lapageria rosea</i> - <i>Luma apiculata</i> | + | + | - | + |

Figura 2.2.S1. Curvas de rarefacción para la estimación del óptimo de muestreo en el parque del Pedro del Río Zañartu.



DISCUSIÓN GENERAL



DISCUSIÓN GENERAL

La importancia de esta tesis radica en el tipo de información que se ha entregado, valores de diversidad genética y taxonómica, en una zona del país que presenta altos niveles de endemismo, pero que se encuentra severamente perturbada. Esto último ha ocasionado la fragmentación del bosque nativo ancestral, teniendo como resultado una estructura de paisaje de la vegetación nativa constituida por parches de vegetación de pequeño tamaño, insertos en matrices urbanas y agro-forestales. Existe evidencia que fragmentos de vegetación nativa más pequeños son incapaces de mantener la estructura de la vegetación arbórea (Tabarelli *et al.* 1999). De esta forma, la fragmentación del bosque nativo generada principalmente por la actividad humana, conlleva cambios en todos los componentes de la biodiversidad, esto es, su composición, estructura y funcionamiento (*sensu* Noss 1990). Por esta razón, la mantención y generación de nueva variación es vital para la conservación de la biodiversidad en estos parches, tanto a nivel específico, como de sitio.

DIVERSIDAD GENÉTICA SELECTIVA Y NEUTRAL

Los *loci* bajo selección pueden ser definidos como zonas conectadas a porciones del genoma que están bajo presiones de selección (Storz 2005). En el presente trabajo se detectaron *loci outliers*, en las cinco especies evaluadas. Para cuatro de ellas se obtuvo correlación entre este tipo de *loci* y variables climáticas. Estos *loci* están comúnmente involucrados en cambios ligados a adaptación (Luikart *et al.* 2003). Sin embargo, este trabajo muestra en su mayoría, la acción de selección estabilizadora, la cual promueve la generación de diversidad genética (Graur & Li 1999). La detección de este tipo de *loci* es relevante para fijar criterios en la evaluación de estrategias de conservación, dado que la reducción de hábitats o del número de individuos en una población, puede potencialmente resultar en la eliminación de estos *loci* presentes en baja frecuencia.

La correlación entre parámetros genéticos y ambientales es relevante para la conservación, ya que al disminuir los tamaños poblacionales existe alta probabilidad de eliminar *loci* en baja frecuencia que pudieran tener un rol en selección y adaptación local (Sakai & Weiser 1973, Jump *et al.* 2006, 2009). Por lo tanto, conservar alelos en baja frecuencia adquiere un valor adicional para la conservación.

En relación a la diversidad genética, esta tesis muestra que existe un claro patrón en la distribución de la variación, observando los mayores valores de diversidad genética en el sitio EBT. A nivel de especie, los valores de diversidad genética, son similares a los reportados en bibliografía para especies de características similares (Nybom 2004), excepto para la especie *Lapageria rosea*, lo que puede estar explicado por su modo de reproducción. Por lo que, a partir de los resultados expuestos, no se observa una disminución considerable de la diversidad genética de estas especies en los sitios analizados. Se debe evaluar sin embargo, valores de diversidad del resto del rango de la distribución de las especies, particularmente en sectores continuos (sin fragmentación), para concluir con mayor certeza sobre el efecto de la fragmentación en el estado de conservación de la componente genética de estas especies. Un aspecto que podría haber contribuido a mitigar los efectos de la fragmentación sobre la diversidad genética, es el hecho que la zona en estudio, en el pasado fue un continuo que pudo tener un rol importante como refugio durante las últimas glaciaciones (Villagrán 2001, Sèrsic *et al.* 2011).

En resumen, estos datos permiten indicar que existen áreas de mayor potencial evolutivo dentro de la zona evaluada. Evidenciado, a través de los mayores valores de diversidad genética intra-sitio y a los menores valores de diversidad genética entre sitios, respondiendo de forma positiva a la Hipótesis planteada en este trabajo y proponiendo al sitio Hualpén, como el área de mayor potencial evolutivo.

DIVERSIDAD GENÉTICA Y RIQUEZA DE ESPECIE EN RELICTOS DE VEGETACIÓN NATIVA

Al evaluar los parámetros de diversidad genética y la riqueza de especies en los cuatro remanentes de vegetación nativa, los modelos lineales sugirieron una relación directa tanto para los promedios de los sitios como para la mayoría de las especies analizadas. En particular destacar el caso de *Luma apiculata* en el cual esta relación fue significativa. Al observar los valores promedio de diversidad para cada sitio, se puede apreciar que los mayores valores de diversidad genética se dan en el sitio con mayor riqueza de especies (EBT). Además, para tres de las cinco especies evaluadas, se repitió este patrón. Por lo anterior se propone a este sitio como el de mayor potencial evolutivo entre los cuatro

evaluados en esta tesis. En resumen y basado en los resultados obtenidos de correlación positiva entre la diversidad genética y la riqueza taxonómica, se acepta la hipótesis planteada.

OTROS ASPECTOS RELEVANTES EVALUADOS EN ESTE TRABAJO

En esta tesis se han reconocido diferencias en la distribución de especies nativas dentro del sitio prioritario para la conservación Península de Hualpén, apreciando que la distribución espacial de la riqueza y la diversidad de especies en la península es heterogénea, destacando la diversidad de especies y formaciones vegetales incluidas en la Estación de Biología Terrestre (EBT).

Se pudo reconocer dos grandes grupos: aquellas comunidades donde las especies nativas corresponden al componente principal y aquellas en donde las especies introducidas cobran relevancia. De esta forma, la introducción de especies en la península altera las comunidades nativas cambiando sus características intrínsecas (e.g. composición y estructura). Los patrones aquí encontrados son consistentes con la idea de que cuando las especies invasoras invaden comunidades nativas cambian su composición, estructura y diversidad (Mack *et al.* 2000, Vilá *et al.* 2011).

Al comparar los resultados de esta tesis con los de Polymeris (1995) se puede en primer lugar, confirmar la heterogeneidad de las comunidades vegetales de la península y en segundo lugar confirmar lo enunciado sobre el efecto de la fragmentación y degradación progresiva de la vegetación al interior de un sitio prioritario. Por lo tanto, se sugiere considerar el efecto de la fragmentación a micro-escala, dentro de parches de vegetación nativa, evaluando con mayor atención su efecto, el cual causa serias modificaciones dentro y entre las comunidad presentes de una zona delimitada y de pequeño tamaño como la península de Hualpén.

Sin embargo, hay que destacar que pese a la fragmentación detectada en la península y por ende la reducción de los tamaños poblacionales de las comunidades nativas que aún persisten en ésta, los resultados de esta tesis muestran que pese a la fragmentación que ha experimentado la península de Hualpén durante las últimas décadas, los valores de diversidad genética de las comunidades vegetales que alberga la EBT parecen no haber sido

afectados mayormente. Los valores de diversidad genética en términos de *He*, reportados en este estudio para la mayoría de las especies, son similares a los reportados para especies con el mismo tipo de reproducción, ciclo de vida y distribución geográfica (Nybom 2004). No obstante, para las especies arbóreas *A. punctatum* y *L. apiculata* se registran valores levemente menores a los enunciados por dicho autor. Por otro lado, los valores de diversidad genética reportada para EBT dentro de la península de Hualpén son similares e incluso mayores que los reportados en el Parque Coyanmahuida para *Lapageria rosea*, *Luma apiculata*, *Aextoxicon punctatum* y *Cissus striata* (Torres-Díaz et al. 2013).

IMPLICANCIAS PARA LA CONSERVACIÓN.

Desde el punto de vista de la conservación en esta tesis se muestra que el análisis conjunto de los dos componentes abordados de la biodiversidad, entregan valiosa información respecto a la comunidad vegetal de interés, pudiendo aplicarse en el desarrollo de planes y estrategias de manejo de los sitios que respondan a la necesidades comunitarias y no sólo de una especie en particular. No por ello se debe dejar de considerar la importancia que agregan a estos sitios las especies de distribución restringida o con problemas de conservación. La incorporación de este tipo de especies (especies paraguas) incrementaría el valor de los sitios en conservación, contribuyendo a la obtención de recursos para la protección efectiva de la comunidad que ellos albergan.

Este estudio propone: la inclusión de la EBT de la península de Hualpén en el SNASPE; fomentar la generación de más información sobre el estado de la flora del lugar y la diversidad genética de los distintos grupos de plantas presentes y su interacción con los parámetros ecológicos de la zona; finalmente y de acuerdo a los resultados obtenidos, en este sitio, se recomienda apoyar las labores de mantención que se han dado hasta la fecha con el desarrollo de planes de manejo efectivos, además de ampliar la evaluación de nuevos sitios en sectores aledaños que puedan ser incorporados para potenciar la conectividad entre parches de vegetación nativa en la península. Se recomienda además, incluir o considerar las características genéticas de las especies presentes en este sector en futuras estrategias de conservación, específicamente aquellas que incluyan restauración *in situ*, en especial dentro de la EBT. Por último y debido a los antecedentes del rápido efecto que tienen factores

como el cambio climático global sobre la variabilidad genética de las especies vegetales (Bellard *et al.* 2012), se recomienda establecer parcelas permanentes de monitoreo con el fin de evaluar como se ve afectada la diversidad en todos sus niveles ante este tipo de alteraciones.



BIBLIOGRAFIA GENERAL

1. ACOSTA M. & A. PREMOLI. 2010. Evidence of chloroplast capture in South American *Nothofagus* (subgenus *Nothofagus*, Nothofagaceae). *Molecular Phylogenetics and Evolution* 54: 235 - 242.
2. AGUILAR, R., M. QUESADA, L. ASHWORTH, D. HERRERIAS & J. LOBO. 2008. Genetic consequences of habitat fragmentation in plant populations: susceptible signals in plant traits and methodological approaches. *Molecular Ecology* 17(24): 5177-5188.
3. ALLENDORF, F.W., P.A. HOHENLOHE & G. LUIKART. 2010. Genomics and the future of conservation genetics. *Natural Reviews Genetics* 11, 697-709.
4. ALLNUTT, T., A. NEWTON, A. LARA, A. PREMOLI, J.J. ARMESTO, R. VERGARA & M. GARDNER. 1999 Genetic variation in *Fitzroya cupressoides* (alerce) a threatened South American conifer. *Molecular Ecology* 8: 975 - 987.
5. ALLNUTT, T. R., A.C. NEWTON, A. PREMOLI & C. LARA. 2003. Genetic variation in the threatened South American conifer *Pilgerodendron uviferum* (Cupressaceae), detected using RAPD markers. *Biological Conservation* 114: 245 - 253.
6. ALTAMIRANO A. & A. LARA. 2010. Deforestación en ecosistemas templados de la precordillera andina del centro-sur de Chile. *Bosque* 31(1): 53-64.
7. ARMESTO, J.J., R. ROZZI, C. SMITH-RAMÍREZ & M.T. ARROYO. 1998. Conservation targets in South American temperate forests. *Science* 282:1271-1272.
8. ARROYO, M.T.K., P. MARQUET, C. MARTICORENA, J. SIMONETTI, L. CAVIERES, F.A. SQUEO & R. ROZZI. 2004. Chilean winter rainfall-valdivian forests. En: Mittermeier, R.A., P. Robles Gil, M. Hoffmann, J. Pilgrim, T. Brooks, C. Goettsch, J. Lamoreux & G.A.B. da Fonseca, eds), "Hotspots Revisited", pp. 99-103. CEMEX, México.
9. ARROYO, M.T., P. MARQUET, C. MARTICORENA, J. SIMONETTI, L. CAVIERES, F. SQUEO, R. ROÍZ & F. MASSARDO. 2008. El hotspot chileno, prioridad mundial para la conservación, Pp. 90 - 93. En: J. Rovira, J. Ugalde & M. Stutzin (eds.), *Biodiversidad de Chile, Patrimonio y Desafíos*, CONAMA., Ocho Libros Editores, Santiago, Chile.
10. BEAUMONT, M. & R. NICHOLS. 1996. Evaluating loci for use in the genetic analysis of population structure. *Proceedings: Biological Sciences* 263: 1619 - 1626.

11. BEAUMONT, M.A. & D.J. BALDING. 2004. Identifying adaptive genetic divergence among populations from genome scans. *Molecular Ecology* 13: 969 – 980.
12. BEKESSY, S., T. ALLNUTT, A. PREMOLI, A. LARA, R. ENNOS, M. BURGMAN, M. CORTES & A. NEWTON. 2002. Genetic variation in the vulnerable and endemic monkey puzzle tree, detected using RAPDs. *Heredity* 88: 243 –249.
13. BELLARD, C., P. BERTELSMEIER, LEADLEY, W. THUILLER & F. COURCHAMP 2012. Impacts of climate change on the future of biodiversity. *Ecology Letters* 15, 365–377.
14. BOCAZ-TORRES, P., A. ANGULO & L.E. PARRA. 2013. Diversidad de macrolepidópteros nocturnos de la Reserva Nacional Nonguén (Región del Bío-Bío, Chile) (Insecta: Lepidoptera). *SHILAP Revitalepidoptera* 41 (163): 337-347.
15. BONIN, A., D. EHRICH & S. MANEL. 2007. Statistical analysis of amplified fragment length polymorphism data: a toolbox for molecular ecologists and evolutionists. *Molecular Ecology* 16: 3737 - 3758.
16. BROOK B.W., D.W. TONKYN, J.J. O'GRADY & R. FRANKHAM. 2002. Contribution of inbreeding to extinction risk in threatened species. *Conservation Ecology* 6:1-16.
17. BROWN R., J. WEGHORST, K.V. OLSON, M. DUYA, A.J. BARLEY, M.V. DUYA, M. SHEKELLE, I. NERI-ARBOLEDA, J.A. ESSELSTYN, N. J. DOMINY, P.S. ONG, G.L. MORITZ, A. LUCZON, M.L. DIESMOS, A.C. DIESMOS & C.D. SILER. 2014. Conservation Genetics of the Philippine Tarsier: Cryptic Genetic Variation Restructures Conservation Priorities for an Island Archipelago Primate. *PLoS ONE* 9(8): 104340. doi:10.1371/journal.pone.0104340
18. BURKET, T.V. 1989. Extinction in nature reserves: the effect of fragmentation and the importance of migration between reserve fragments. *Oikos* 55:75-81
19. CALDECOTT, J.O., M.D. JENKINS, T.H. JOHNSON & B. GROOMBRIDGE. 1996. Priorities for conserving global species richness and endemism. *Biodiversity and Conservation* 5: 699-727.
20. CAMPBELL, A. 2003. Save those molecules! Molecular biodiversity and life. *Journal of Applied Ecology*. 40, 193–203.
21. CARRASCO, C. 1976. Flora vascular del Parque Botánico Hualpén (Concepción, Chile). Tesis. Licenciatura en Biología. Instituto de Biología. Universidad de Concepción, Concepción, Chile. 267 pp.

22. CAVIERES L., M. MIHOC, A. MARTICORENA, C. MARTICORENA, M. BAEZA & M. ARROYO. 2005. La Flora vascular de la Cordillera de la Costa en la Región del Biobío: patrones de distribución de riqueza de especies, géneros familias y endemismos. pp. 245 - 253: En: C. Smith - Ramírez , J.J. Armesto & C. Valdovinos (eds). Historia, Ecología y Biodiversidad de la cordillera de Costa de Chile. Editorial Universitaria S.A., Santiago, Chile.
23. CHEN, L. & G. YANG. 2009. A genomic scanning using AFLP to detect candidate loci under selection in the finless porpoise (*Neophocaena phocaenoides*). *Genes Genetic Systematic*. 84: 307-313.
24. COLWELL, R., & J. CODDINGTON. 1994. Estimating Terrestrial Biodiversity through Extrapolation. *Philosophical Transaction Biological Sciences*. 345: 101-118
25. COLWELL, R.K. 2009. EstimateS: Statistical estimator of species richness and shared species from samples. Version 8.2. User's Guide and application published at: <http://purl.oclc.org/estimates>
26. COMAI, L. 2000. Genetic and epigenetic interactions in allopolyploid plants. *Plant Molecular Ecology* 43: 387-399.
27. CONAMA. 2005. Plan de Acción de País para la Implementación de la Estrategia Nacional de Biodiversidad. Comisión Nacional del Medio Ambiente, Gobierno de Chile, Santiago, Chile.
28. CONOVER, D. & E. SCHULTZ. 1995. Phenotypic similarity and the evolutionary significance of countergradient variation. *Trend in Ecology & Evolution* 10: 249-252.
29. COWLING, R.M., P.W. RUNDEL, B.B. LAMONT, M.K. ARROYO & M. ARIANOUTSOU. 1996. Plant diversity in Mediterranean climates regions. *Trends in Ecology & Evolution* 11: 362 - 366.
30. DENTON, G., T. LOWELL, C., HEUSSER, P. MORENO, B. ANDERSEN, L. HEUSSER, C. SCHLÜCHTER & D. MARCHART. 1999. Interhemispheric Linkage of Paleoclimate during the Last Glaciation. *Geografiska Annaler*. 81 (2): 107-153.
31. DI CASTRI F. & E. HAJEK. 1976. Bioclimatología de Chile. Ediciones de la Pontificia Universidad Católica de Chile Santiago. Chile. 129 pp.

32. DOYLE, J.J. & J.L. DOYLE. 1987. A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue. *Phytochemical Bulletin* 19: 11 - 15. 16.
33. ECHEVERRIA, C., D. COOMES, J. SALAS, J. M. REY-BENAYAS, A. LARA & A. NEWTON. 2006. Rapid deforestation and fragmentation of Chilean temperate forest. *Biological Conservation*. 130: 481-494.
34. EGUIARTE, L. 1999. Una guía para principiantes a la genética de poblaciones. pp. 35-50. En J. Nuñez-Farfán & L.E. Eguiarte (eds). *La Evolución Biológica*. Facultad de Ciencias, Instituto de Ecología, UNAM, CONABIO.
35. ELLSTRAND, N. & D. ELAN. 1993. Population genetic consequences of small population size: implications for plant conservation. *Annual Review of Ecology and Systematics* 24: 217–242.
36. ENDLER, J. A. 1986. *Natural Selection in the Wild*. Monographs in Population Biology 21. Princeton University Press, 336pp.
37. EXCOFFIER, L., T. HOFER & M. FOLL. 2009. Detecting loci under selection in a hierarchically structured population. *Heredity*. 103; 285-298.
38. EXCOFFIER, L. & H. LISCHER. 2010. Arlequin suite version 3.5: a new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. *Molecular Ecology Resources*. 10: 564-567.
39. FILIPCHENKO, I.A. 1927. *Variabilitat und variation (Variability and variation)*. Gebrüder Bromtraeger, Berlin.
40. FITZPATRICK, M. & S. KELLER. 2014. Ecological genomics meets community-level modelling of biodiversity: mapping the genomic landscape of current and future environmental adaptation. *Ecology Letters* 18: 1-16.
41. FLEISHMAN, E., J. R. THOMSON, R. MAC NALLY, D. D. MURPHY & J. P. FAY. 2005. Using indicator species to predict species richness of multiple taxonomic groups. *Conservation Biology* 19:1125–1137.
42. FOREST, F., R. GRENYER, M. ROUGET, T. DAVIES, R. COWLING, D. FAITH, A. BALMFORD, J. MANNING, S. PROCHES, M. VAN DER BANK, G. REEVES, T. HEDDERSON & V. SAVOLAINEN. 2007. Preserving the evolutionary potential of flora in biodiversity hotspots. *Nature* 445: 757 - 760.

43. FOX, J. 2005. The R Commander: A Basic Statistics Graphical User Interface to R. *Journal of Statistical Software* 14: 1- 42
44. FRANKHAM, R. 1995. Effective population size/adult population size ratios in wildlife: a review. *Genetical Research* 66: 95-107.
45. FRANKHAM, R. 2003. Genetic and conservation biology. *Comptes Rendus Biologies*.326: S22-S29.
46. FRANKHAM, R. 2005. Genetics and extinction. *Biological conservation* 126: 131-140.
47. FREELAND, J. 2005. *Molecular Ecology*. John Wiley & Sons Ltd, England. 388 pp.
48. FUENTES, N., P. SÁNCHEZ, A. PAUCHARD, J. URRUTIA, L. CAVIERES, & A. MARTICORENA. 2014. *Plantas Invasoras del Centro-Sur de Chile: Una Guía de Campo*. Laboratorio de Invasiones Biológicas (LIB), Concepción, Chile. 276 pp.
49. GAJARDO, R. 1994. *La vegetación natural de Chile. Clasificación y distribución geográfica*: Editorial Universitaria. Santiago. 165 pp.
50. GRAUR, D. & W.-H. LI. 1999. *Fundamentals of Molecular Evolution*, 2nd Edition, Sinauer Associates, Sunderland, Massachusetts. 479 pp.
51. GUGERLI, F., T. ENGLISH, H. NIKLFELD, A. TRIBSCH, Z. MIREK, Z., M. RONIKIER, M. ET AL. & INTRABIODIV CONSORTIUM. 2008. Relationships among levels of biodiversity and the relevance of intraspecific diversity in conservation – a project synopsis. *Perspectives in Plant Ecology, Evolution and Systematics*. 10: 259–281.
52. HANSKI I.1998. Metapopulation dynamics *Nature*396 41- 49.
53. HASBUN, R., C. ITURRA, P. MORAGA, P. WACHTENDORFF, P. QUIROGA & S. VALENZUELA. 2012. An efficient and reproducible protocol for production of AFLP markers in tree genomes, using fluorescent capillary detection. *Tree Genetics & Genomes* 8 (4): 925 -931.
54. HALL B. 1999. Toward an understanding of evolutionary potential. *fems Microbiology letters*182 (1): 1 -6.
55. HENDRY, A.P. & M.T. KINNISON. 2001. An introduction to microevolution: rate, pattern, process. *Genetica* 112 - 113: 1 - 8.
56. HENRÍQUEZ, C .2002. El dilema de *Lapageria rosea* en bosques fragmentados:

¿cantidad o calidad de la progenie? Tesis de Doctorado, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile. Santiago, Chile. 133 pp.

57. HENRÍQUEZ, C. 2004. Efecto de la fragmentación del hábitat sobre la calidad de las semillas en *Lapageria rosea*. *Revista Chilena de Historia Natural* 77: 177-184.

58. HEUSSER, C.J., J. RABASSA, A. BRANDANI & R. STUCKENRATH. 1988. Late-Holocene vegetation of the Andean Araucaria region, Province Neuquen, Argentina. *Mountain Research and Development*. 8 (1): 53–63.

59. HEWITT, G. 2004. Genetic consequences of climatic oscillations in the Quaternary. *Philosophical Transactions of The Royal Society Biological sciences*. 358: 183- 195.

60. HEWITT, G. 1996. Some genetic consequences of ice ages, and their role in divergence and speciation. *Biological Journal of the Linnean Society*. 58: 247-276.

61. HILL W. & B. WEIR. 2004. Moment estimation of population diversity and genetic distance from data on recessive markers. *Molecular Ecology* 13: 895 - 908.

62. HOFFMANN A, MTK ARROYO, F LIBERONA, M MUÑOZ & J WATSON. 1998. Plantas Altoandinas en la Flora Silvestre de Chile. Ediciones Fundación Claudio Gay, Santiago. 208 pp.

63. HIJMANS, R. J. & C. H. GRAHAM. 2006. The ability of climate envelope models to predict the effect of climate change on species distributions. *Global Change Biology*, 12, 2272-2281.

64. HOLDEREGGER R., U. KAMM & F. GUGERLI. 2006. Adaptive vs. neutral genetic diversity: implications for landscape genetics. *Landscape Ecology* 21:797–807

65. HOLSINGER K.E. 2012. Lecture notes in population genetics. Stanford University, Stanford, USA. 325 pp.

66. HUBBELL, S.P. 2001. *The Unified Neutral Theory of Biodiversity and Biogeography*. Princeton University Press, Princeton, New Jersey.

67. HUFBAUER R. & C. RODERICK. 2005. Microevolution in biological control: Mechanisms, patterns and processes *Biological Control*. 35: 227 - 239.

68. IBARRA-VIDAL, H., C. SEPÚLVEDA, D. SAAVEDRA & E. MALDONADO. 2005. Propuesta de conservación de los bosques nativos en la cordillera costera del Maule y Bío-Bío (VII y VIII regiones). Pp 617 - 631. En: Smith - Ramírez C, Armesto J.J., & C.

Valdovinos (eds.). Historia, Ecología y Biodiversidad de la cordillera de Costa de Chile. Editorial Universitaria S.A. Santiago, Chile.

69. JAY, F., S. MANEL, N. ALVAREZ, E.Y. DURAND, W. THULLER, R. HOLDEREGGER, P. TABERLET & O. FRANCOIS. 2012. Forecasting changes in population genetic structure of alpine plants in response to global warming. *Molecular Ecology* 21: 2354 - 2368.
70. JENSEN, D.B., M. TORN & J. HARTE. 1993. Chapter one: Biodiversity Basics Pp.5: In *Our Own Hands: A Strategy for Conserving California's Biological Diversity*. Berkeley: University of California Press.
71. JIMÉNEZ, P. & C. COLLADA. 2000. Técnicas para la evaluación de la diversidad genética y su uso en los programas de conservación. *Investigación Agraria: Sistemas y Recursos Forestales* 2: 237-248.
72. JOOST, S., A. BONIN, M. BRUFORD, L. DESPRES, C. CONORD, G. ERHARAT & P. TABORLET. 2007. A spatial analysis method (SAM) to detect candidate loci for selection: towards a landscape genomics approach to adaptation. *Molecular ecology*. 16(18): 3955-3969.
73. JUMP, A., J. MUNT, J. MARTÍNEZ-IZQUIERDO & J. PEÑUELAS. 2006. Natural selection and climate change: temperature-linked spatial and temporal trends in gene frequency in *Fagus sylvatica*. *Molecular Ecology* 15 (11): 3469-3480.
74. JUMP, A., MUNT, J., R. MARCHANT & J. PEÑUELAS. 2009. Environmental change and the option value of genetic diversity. *Trends in Plant Sciences* 14:51-58.
75. KAHILAINEN, A., M. PUURTINEN & J.S. KOTIAHO. 2014. Review paper Conservation implication of species–genetic diversity correlations. *Global Ecology and Conservation* 2: 315–333
76. KAMESWARA, R. 2004. Plant genetic resources: Advancing conservation and use through biotechnology. *African Journal of Biotechnology* 3(2): 136 - 145.
77. KINGSOLVER, J. & D. PFENNIG. 2007. Patterns and power of phenotypic selection in nature. *BioScience* 57: 561-572.
78. KIRK, H. & J.R. FREELAND. 2011. Applications and Implications of Neutral versus Non-neutral Markers in Molecular Ecology. *International Journal of Molecular Sciences*, 12, 3966- 3988.

79. KOPP, M. 2010. Speciation and the neutral theory of biodiversity. Modes of speciation affect patterns of biodiversity in neutral communities. *Bioessay* 32: 564-570.
80. LARA, A., M. SOLARI, M. PRIETO & M. PEÑA. 2012. Reconstrucción de la vegetación y uso de suelo hacia 1550 y sus cambios a 2007 en la ecorregión de los bosques valdivianos lluviosos de Chile (35° - 43°30' S). *Bosque* 33 (1): 13. 23.
81. LANDE, R. & S. ARNOLD. 1983. The measurement of selection on correlated characters. *Evolution* 37: 1210–1226.
82. LASKY, J.R., D.L., DES MARAIS, J., MCKAY, J.H., RICHARDS, T.E. JUENGER & T.H. KEITT. 2012. Characterizing genomic variation of *Arabidopsis thaliana*: the roles of geography and climate. *Molecular Ecology* 22: 5512 - 5529.
83. LATTA, R. 2008. Conservation genetics as applied evolution: from genetic pattern to evolutionary process. *Conservation Genetics as Applied Evolution* 1: 84 -94.
84. LAZO, I., R. GINOCCHIO, H. COFRÉ, Y. VILINA & A. IRIARTE. 2008. Nuestra diversidad biológica, Pp. 49 - 55. In: J. Rovira, J. Ugalde & M. Stutzin (eds.), *Biodiversidad de Chile, Patrimonio y Desafíos*, CONAMA., Ocho Libros Editores, Santiago de Chile.
85. LEWONTIN, R.C. 1974. *The Genetic Basis of Evolutionary Change*. Columbia University Press, New York.
86. LOCKWOOD, J.L., M.F. HOOPES & M.P. MARCLUTTI. 2007. *Invasion ecology*. Blackwell Publishing. United Kingdom. 312 pp.
87. LUIKART, G., P. ENGLAND, D. TALLMON, S. JORDAN & P. TABERLET. 2003. The power and promise of population genomics: from genotyping to genome typing. *Nature Reviews Genetics*. 4: 981–994.
88. MACK, R.N., D. SIMBERLOFF, W.M. LONSDALE, H. EVANS, M. CLOUT & F. BAZZAZ. 2000. Biotic invasions: Causes, epidemiology, global consequences and control. *Issues in Ecology* 5: 1-25.
89. MANEL, S., S. JOOST, B. EPPERSON, R. HOLDEREGGER, A. STOFER, M. RESENBERG, K. SCRIBNER, A. BONIN & M.J. FORTIN. 2010. Perspectives on the use of landscape genetic to detect genetic adaptive variation in the field. *Molecular Ecology* 9: 3760-3772.

90. MANEL, S. & R. HOLDEREGGER. 2013. Ten years of landscape genetics. *Trends in Ecology & Evolution*. 28, 614–621.
91. MARGULES C.R. & R.L. PRESSEY. 2000. Systematic conservation planning. *Nature* 405 243–253.
92. MARSHALL, J.L. & C.D. CAMP. 2006. Environmental correlates of species and genetic richness in lungless salamanders (family Plethodontidae). *Acta Oecol.* 29, 33–44.
93. MARTICORENA, C. 1990. Contribución a la estadística de la Flora vascular de Chile. *Gayana Botánica* 47 (3 - 4): 85 - 114.
94. MARTICORENA, A., D. ALARCÓN, L. ABELLO & C. ATALA. 2010. Guía de Campo: Plantas Trepadoras, Epífitas y Parásitas Nativas de Chile. Ediciones Corporación de la Madera. Concepción, Chile. 290 pp.
95. MEIRMANS, D., J. GOUDET, INTRABIODIV CONSORTIUM & O. GAGGIOTTI. 2011. Ecology and life history affect different aspects of the population structure of 27 high-alpine plants. *Molecular Ecology* 20(15): 3144 – 55.
96. MERILÄ, J., B., SHELDON & L. KRUIK. 2001. Explaining stasis: micro evolutionary studies in natural populations. *Genetica* 112 - 113: 199 - 222.
97. MIRANDA, A., A. ALTAMIRANO, L. CAYUELA, A. LARA & M. GONZÁLEZ. 2016. Native forest loss in the Chilean biodiversity hotspot: revealing the evidence. *Regional Environmental Impact* doi:10.1007/s10113-016-1010-7.
98. MITTERMEIER, R.A., P. ROBLES, M. HOFFMANN, J. PILGRIM, T. BROKS, C.G. MITTERMEIER, J. LAMOREUX & G. DA FONSECA. 2004. Hotspots revisited: Earth's biologically richest and most endangered ecoregions. CEMEX, Mexico, D.F. 392 pp.
99. MMA. 2014. Infraestructura de datos espaciales. Available at: <http://ide.mma.gob.cl> (accessed May, 16th 2014).
100. MOORE J.S., V. BOURRET, M. DIONNE, I. BRADBURY, P. OREILLY, M. KENT, G. CHAPUT & L. BERNATCHEZ. 2014. Conservation genomics of anadromous Atlantic salmon across its North American range: outlier loci identify the same patterns of population structure as neutral loci. *Molecular Ecology* 23, 5680–5697.
101. MORITZ, C. 2002. Strategies to Protect biological diversity and the evolutionary processes that sustain it. *Systematic Biology* 51 (2): 238 - 254.

102. MUÑOZ, M., H. NUÑEZ & J. YÁÑEZ. 1996. Libro rojo de los sitios prioritarios para la conservación de la diversidad biológica en Chile. CONAF, Ministerio de Agricultura. Santiago, Chile.
103. MURCIA C. 1995. Edge effects in fragmented forests: implications for conservation. *Trends in Ecology and Evolution* 10: 58-62.
104. MYERS, N., R. MITTERMEIER, C. MITTERMEIER, G. DA FONSECA G. & J. KENT. 2000. Biodiversity hotspots for conservation priorities. *Nature* 403: 853-858.
105. MYERS, N. & A.H. KNOLL. 2001. The biotic crisis and the future evolution. *Proceedings of the National Academy of science (USA)* 98: 5389 - 5392.
106. NEI M. 1973. Analysis of genetic diversity in subdivided populations. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 70 (12): 3321 - 3323.
107. NOSS, R. F. 1990. Indicators for monitoring biodiversity a hierarchical approach. *Conservation Biology*. 4: 355-364.
108. NYBOM H.D. 2004. Comparison of different nuclear DNA markers for estimating intraspecific genetic diversity in plants. *Molecular Ecology* 13: 1143 - 1155.
109. OHNO S. 1972. So much “junk” DNA in our genome. *Brookhaven Symposia. In Biology*. 23:366 – 370.
110. OJEDA, F.P. 1998. Estado actual de la conservación de la diversidad biológica en Chile. *Revista Chilena de Historia Natural* 71: 117 - 120.
111. PAPADOPOULOU, A., ANASTASIOU, I., SPAGOPOULOU, F., M. STALIMEROU, S. TERZOPOULOU, A. LEGAKIS & A. P. VOGLER. 2011. Testing the species-genetic diversity correlation in the Aegean archipelago: toward a haplotype-based macroecology?. *The American Naturalist* 178, 241–255.
112. PAUCHARD, A. & P. VILLARROEL. 2002. Protected areas in Chile: history, current status and challenges. *Natural Areas Journal* 22:318-330.
113. PAUCHARD, A., M. AGUAYO & P. ALABACK. 2006a. Cuantificando la fragmentación del paisaje: las métricas y sus significados ecológicos. In A. Grez, J. A. Simonetti & R. Bustamante (Eds). *Biodiversidad de ambientes fragmentados de Chile. Patrones y procesos a diferentes escalas*. Editorial Universitaria. Santiago. 228 pp.

114. PAUCHARD, A., M. AGUAYO, E. PEÑA & R. URRUTIA. 2006b. Multiple effects of urbanization on the biodiversity of developing countries: The case of a fast-growing metropolitan area (Concepción, Chile). *Biological Conservation*, 127: 272-281.
115. PEAKALL, R. & P. S. MUSE. 2012. GenAlEx 6.5 genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research an update. *Bioinformatics* 28: 2537 - 2539.
116. POLYMERIS C. 1995. Vegetación actual de la Península de Hualpén: clasificación y dinámica. Tesis de grado de Magíster en Ciencias, Mención Botánica, Universidad de Concepción, Chile, 190 pp.
117. PONCE, M., K. MEHLTRETER & E.R. DE LA SOTA. 2002. Análisis biogeográfico de la diversidad pteridofítica en Argentina y Chile continental. *Revista Chilena de Historia Natural*, 75, 703-717.
118. PREMOLI, A.C., C.P. SOUTO, A.E. ROVERE & T.R. ALLNUT. 2002. Patterns of isozyme variation as indicators of biogeographic history in *Pilgerodendron uviferum* (D.Don) Florin. *Diversity and Distribution* 8: 57 - 66.
119. PRIMM, S. L., & P. RAVEN. 2000. Biodiversity- Extinction by numbers. *Nature* 403: 843- 845.
120. RAYMOND, M., C. BERTICAT, M. WEILL, N. PASTEUR & C. CHEVILLON. 2001. Insecticide resistance in the mosquito *Culex pipiens*: what have we learned about adaptation?. *Genetica* 112-113: 287-296.
121. R CORE TEAM. 2014. R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. ISBN 3-900051-07-0URL: <http://www.R-project.org/>.
122. RIECHERT, S.E., F. SINGER & T.C. JONES. 2001. High gene flow levels lead to gamete wastage in a desert spider system. *Genetica* 112-113: 297-319.
123. RODRÍGUEZ, R., D. ALARCÓN & J. ESPEJO. 2009. Guía de Campo: Helechos Nativos del Centro y Sur de Chile. Ediciones Corporación de la Madera. Concepción, Chile. 212 Pp.
124. ROGERS, A. R. & H. HARPENDING. 1992. Population growth makes waves in the distribution of pairwise genetic differences. *Molecular Biology and Evolution*. 9: 552-

569.

125. RONDANELLI, M. 1999. Historia vegetacional del bosque andino de *Araucaria araucana* (Molina) K. Koch, en la cuenca del alto valle del río Biobío, provincia de Lonquimay, Chile centro-sur, durante el Holoceno. Análisis palinológico del perfil Miraflores. Zentralbl. Geol. Paläontol. 2 (7;8); 1041-1051.
126. RUIZ, E., F. GONZÁLEZ, C. TORRES - DÍAZ, G. FUENTES, M. MARDONES, T. STUESSY, R. SAMUEL, J. BECERRA & M. SILVA. 2007. Genetic diversity and differentiation within and among Chilean populations of *Araucaria araucana* (Araucariaceae) based on allozyme variability. Taxon 56: 1221 - 1228.
127. SAKAI, A. & C. WEISER. 1973. Freezing resistance of tree in north America with reference to tree regions. Ecology. 54 (1): 118-126.
128. SAUNDERS, D.A., HOBBS, R., & C.R. MARGULES. 1991. Biological consequences of ecosystem Fragmentation: A Review. Conservation Biology 5(1): 18 - 32.
129. SÉRSIC, A., A. COSACOV, A. COCUCCI, L. JOHNSON, R. POZNER, L. AVILA, J. SITES & M. MORANDO. 2011. Emerging phylogeographic patterns of plants and terrestrial vertebrates from Patagonia. Biological Journal of the Linnean Society 103: 475-494.
130. SCHMIDT, P., E. SERRAO, G. PEARSON, C. RIGINOS, P. RAWSON, T. HILBISH, S. BRAWLEY, G. TRUSSEL, E. CARRINGTON, D. WETHEY, J. GRAHAME, F. BONHOMME & D. RAND. 2008. Ecological genetic in the Atlantic: Environmental gradients and adaptation at specific loci. Ecology 89: S91-S107.
131. SGRÒ, C., A. LOWE & A. HOFFMANN. 2011. Building evolutionary resilience for conserving biodiversity under climate change. Evolutionary Applications ISSN 1752-4571. 4: 326–337
132. SLATKIN, M. 1985. Gene flow in natural populations. Annual Review of Ecology and Systematics. 16: 393-430.
133. SLATKIN, M. 1999. Flujo génico en poblaciones naturales. En: Nuñez - Farfán J. y L. E. Eguiarte (eds.), La Evolución Biológica, pp 85-118. Facultad de Ciencias, Instituto de Ecología, UNAM, CONABIO.
134. SMITH, T., S. KARK, C. SCHNEIDER & R. WAYNE. 2001. Biodiversity hotspots and beyond: the need for preserving environmental transitions. Trends in Ecology &

Evolution 16 (8) 431.

135. SQUEO, F.A., R.A. ESTÉVEZ, A. STOLL, C.F. GAYMER, L. LETELIER & L. SIERRALTA. 2012. Towards the creation of an integrated system of protected areas in Chile: achievements and challenges. *Plant Ecology & Diversity*, 5, 233-243.

136. SOLER, M. 2002. Evolución, la base de la Biología. Proyecto Sur de Ediciones S.L. Granada, España. 552 pp.

137. SOUTO C., P. MTHIASSEN, M. ACOSTA, M QUIROGA, R. VIDAL-RUSSELL, CECHEVERRÍA & A. PREMOLI. 2015. Identifying Genetic Hotspots by Mapping molecular Diversity of Widespread: Trees when Commonness Matters. *Journal of Heredity* 1:537-545.

138. STEVENS, P.F. (2001 en adelante). Angiosperm Phylogeny Website. Versión 12 (2012). Disponible en: <http://www.mobot.org/MOBOT/research/APweb/> (Visitado enero 2016).

139. STORZ, J. & M. BEAUMONT. 2002 Testing for genetic evidence of population expansion and contraction: an empirical analysis of microsatellite DNA variation using a hierarchical Bayesian model. *Evolution* 56: 154–166.

140. STORZ J. 2005. Invited Review: Using genome scans of DNA polymorphism to infer adaptative population divergence. *Molecular Ecology* 14: 641-688.

141. SOULÉ, M. E. 1976. Allozyme variation, its determinants in space and time. Pages 60-77 in F. J. Ayala, editor. *Molecular evolution*. Sinauer Associates, Sunderland, Massachusetts.

142. TABARELLI, M., W. MANTOVANI & C. A. PERES. 1999. Effects of habitat fragmentation on plant guild structure in the montane Atlantic forest of southeastern Brazil. *Biological Conservation*, 91:119-127.

143. TABERLET, P., N. ZIMMEMANN, T. ENGLISCH, T. A. TRIBSCH, R. HOLDEREGGER, R. ALVAREZ, H. NIKLED, G. COLDEA, Z. MIREK, A. MOILANEN, W. AHLEMER, O. AJMANE, E. BOMA, M. BOVIO, P. CHOLER, E. CIÈSLAK, L. COLLI, V. CRISTEA, J.R. DALMAS, B. FRAJMAN, L. GARRAUD, M. GAUDEUL, L. GIELLY, W. GUTEMANN, N. JOGAN, A. KAGALO, G. KORBERCKA, P. KÜPTER, B. LEQUETTE, D. ROMAN LETZ, S. MANEL, G. MANSION, K. MARHOLD, F. MARTINI, R. NEGUINI, F. NIÑO, O. PAUM, M. PELLECCIA, M. PERICO, G.

PIEKÓS-MIRKOVA, H. PROSSER, F. PUSCAS, M. RONIKIER, M. SCHEUERER, M. SCHNEEWEISS, G. SCHÖNSWETTER, P. SCHARH-EHERNDORFER, L. SCHIIPFER, F. SELVAGGI, A. STEIMANN, K. THIEL-EGENTER, C. VAN LOO, M. WINKLER, M. WOHLGEMUTH, T. WRABER, T. F. GUGERLI. & INTRABIODIV CONSORTIUM. 2012. Genetic diversity in widespread species is not congruent with species richness in alpine plant communities. *Ecology Letters*. 15: 1439-1448.

144. TEL-ZUR, N., S. ABBO & Y. MYSLABODKI. 1999. Modified CTAB procedure for DNA Isolation from Epiphytic Cacti of the genera *Hylocereus* and *Selenicereus* (Cactaceae). *Plant Molecular Biology Reporter* 17: 249 – 254.

145. TENEB, E., L. CAVIERES, M.J. PARRA & A. MARTICORENA. 2004. Patrones geográficos de distribución de árboles y arbustos en la zona de transición mediterráneo-templada de Chile. *Revista chilena de historia natural* 77: 51-71.

146. TIGANO, A. & V.L. FRIESEN 2016. Genomics of local adaptation with gene flow. *Molecular ecology* 25: 2144-2164.

147. THOMASSEN, H.A., T. FULLER, W. BUERMANN, B. MILA, C. KIESWETTER, V.P. JARRÍN-, S. CAMERON, E. MASON, R. SCHWIEZER, J. SCHULNEGGER, J. CHAO, O. WANG, M. PERALVP, C. SCHNEIDER, C. GRAHAM, J. POLLINGER, S. SAATCHI, R. WYNE & T. SMITH. 2011. Mapping evolutionary process: a multi-taxa approach to conservation prioritization. *Evolutionary Applications* 4: 397–413.

148. TOLLEFSRUD MM, KISSLING R, GUGERLI F, JOHNSEN O, SKROPPA T ET AL. 2008. Genetic consequences of glacial survival and postglacial colonization in Norway spruce: combined analysis of mitochondrial DNA and fossil pollen. *Molecular Ecology*, 17, 4134–4150.

149. TORRES-DÍAZ, C., E. RUIZ, C. SALGADO-LUARTE, M.A. MOLINA-MONTENEGRO & E. GIANOLLI. 2013. Within-population genetic diversity of climbing plants and trees in a temperate forest in central Chile. *Gayana Botánica* 70 (1): 36- 43.

150. TURNER, B., O. PAUN, J. MUNZIENGER, S. DUANGJAI, M.W. CHASE & R. SAMUEL. 2013. Analyses of amplified fragment length polymorphism (AFLP) indicate rapid radiation of *Diospyros species* (Ebenaceae) endemic to New Caledonia. *BMC Evolutionary Biology* 13: 269.

151. UICN. 2012. Categorías y Criterios de la Lista Roja de la UICN: Versión 3.1. Segunda edición. Gland, Suiza y Cambridge, Reino Unido.
152. VANDERGAST, A., A. BOHONAK, S. HATHAWAY & J. BOYS. 2008. Are hotspots of evolutionary potential adequately protected in southern California? *Biological conservation* 141: 1648-1664.
153. VELEN, T. & C. DONOSO. 1987. Alteración natural y dinámicaregenerativa de las especies chilenas de *Nothofagus* de la región de los Lagos. *Bosque* 8 (2):133-142.
154. VELLEND M. & M. A. GEBER. 2005. Connections between species diversity and genetic diversity. *Ecology Letters* 8: 767:781.
155. VELLEND M. 2005. Species Diversity and Genetic Diversity: Parallel Processes and Correlated Patterns. *The American Naturalist* 166 (2): 199 – 215.
156. VELLEND M. & M.A. GEBER . 2005. Reviews and syntheses: Connections between species diversity and genetic diversity. *Ecology Letters* 8: 767–781.
157. VELLEND M., G. VE LAJOIE, A. BOURRET, C. MURRIA, S.W. KEMBEL & D. GARANT. 2014. Invited reviews and syntheses: Drawing ecological inferences from coincident patterns of population- and community-level biodiversity. *Molecular Ecology* 23, 2890–2901.
158. VERA-ESCALONA, I., G. D'ELÍA, N. GOUIN, F. FONTANELLA, C. MUÑOZ-MENDOZA, J. SITES & P. VICTORIANO. 2012. Lizards on Ice: Evidence for Multiple Refugia in *Liolaemus pictus* (Liolaemidae) during the Last Glacial Maximum in the Southern Andean Beech Forests. *Plos One* 7 (11): 1-10, e48358.
159. VILÀ, M., J.L. ESPINAR, M. HEJDA, P. E. HULME, V. JAROSIK, J. L. MARON, J. PERGL, U. SCHAFFNER, Y. SUN & P. PYSEK. 2011. Ecological impacts of invasive alien plants: a meta-analysis of their effects on species, communities and ecosystems. *Ecology Letters* 14: 702–708.
160. VILLAGRÁN C., P. MORENO, R. VILLA & J. ARMESTO.1995. Antecedentes palinológicos acerca de la historia cuaternaria de los bosques chilenos Pp: 51-69. En: J.J. Armesto, C. Villagrán & M.T. Arroyo (eds.), *Ecología de los bosques nativos de Chile*. Editorial. Universitaria, Santiago, Chile.

161. VILLAGRAN, C. & L. HINOJOSA. 1997A. Historia de los bosques del sur de Sudamérica I: antecedentes paleobotánicos, geológicos y climáticos del Terciario del cono sur de América. *Revista Chilena de Historia Natural* 70: 225-239.
162. VILLAGRAN, C. & L. HINOJOSA. 1997B. Historia de los bosques del sur de Sudamérica II: Análisis fitogeográfico. *Revista Chilena de Historia Natural* 70: 241 - 267.
163. VILLAGRÁN, C. 2001. Un modelo de la historia de la vegetación de la Cordillera de la Costa de Chile central-sur: la hipótesis glacial de Darwin. *Revista Chilena de Historia Natural* 74: 793-803.
164. VILLAGRÁN C., P. MORENO & R. VILLA. 1995. Antecedentes palinológicos acerca de la historia cuaternaria de los bosques chilenos Pp: 51 - 69. En: J.J. Armesto, C. Villagrán & M.T. Arroyo (eds.), *Ecología de los bosques nativos de Chile*. Editorial Universitaria, Santiago, Chile.
165. VITOUSEK P.M. 1994. Beyond Global Warming: Ecology and Global Change. *Ecology* 75(7): 1861 - 1876.
166. VOS, P., R. HOGERS, M. BLEEKER, M. REIJANS, T. VAN DE LEE, M. HORNES, A. FRJTERS, J. POT, J. PELEMAN, M. KUIPER & M. ZABEAU. 1995. AFLP: a new technique for DNA fingerprinting. *Nucleic Acids Research* 23 (21): 4407 – 4414.
167. WANG T. , Z. WANG, F. XIA & Y. SU. 2016. Local adaptation to temperature and precipitation in naturally fragmented populations of *Cephalotaxus oliveri*, an endangered conifer endemic to China. *Scientific Reports* 6: 25031.
168. WEINIG, C., B. EWERS & S.M. WELCH. 2014. Ecological genomics and process modeling of local adaptation to climate. *Current Opinion in Plant Biology* 18: 66–72.
169. WOŁODARSKY-FRANKE A. & S. DÍAZ. 2011. Cordillera de Nahuelbuta, Reserva Mundial de la Biosfera. Reserva Mundial de Biodiversidad. Valdivia, Chile: WWF.
170. WEINIG, C., B. EWERS & S.M. WELCH. 2014. Ecological genomics and process modeling of local adaptation to climate. *Current Opinion in Plant Biology* 18: 66–72.
171. WILLIS, K. & R. WITTAKER. 2002. The Refugial Debate. *Science* 287: 1406-1407.
172. WRIGHT, S. 1948. On the roles of directed and random changes in gene. Frequency in the genetics of populations. *Evolution* 2: 279 - 295.

173. WOODRUFF, D. 2001. Declines of biomes and biotas and the future of evolution. *Proceedings of National Academy of Science*. 98 (10): 5471 – 54
174. ZULOAGA, F.O., O. MORRONE & M. J. BELGRABO (eds.). 2008. Catálogo de las plantas vasculares del Cono Sur (Argentina, sur de Brasil, Chile, Paraguay y Uruguay). *Monograph Systematic Botany, Missouri Botanical Garden* 107(2). Disponible on line en: http://www2.darwin.edu.ar/Proyectos/Flora_Argentina/FA.asp

