



**Universidad de Concepción**  
**Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas**

**DELIMITACIÓN DE UNIDADES DE CONSERVACIÓN A TRAVÉS DE LA  
EVALUACIÓN DE DOS COMPONENTES DE LA VARIABILIDAD GENÉTICA, EN  
*Gaultheria renjifoana* Phil. (ERICACEAE), UNA ESPECIE EN PELIGRO  
CRÍTICO.**

Seminario de Título presentado a la  
Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas  
Para optar al título de Bióloga

**Andrea Patricia Beltrán Repiso.**  
**(andrebeltran@udec.cl)**

Seminario de Título ha sido desarrollado en el Departamento de Botánica,  
Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción.

Prof. Guía

Dra. Glenda Alicia Fuentes Arce

---

Prof. Co-guía

Dr. Patricio López Sepúlveda

Prof. Evaluadores

Dra. Anita Cisterna

---

Dr. Oscar Toro

---

Prof. Coordinador Seminario de Título

Dr. Víctor Hernández Santander

---

Concepción, 14 de abril del 2025

*Dedicada a mi padre Alberto Beltrán Cuevas, quien en algún momento de la vida también amo la biología, quien me heredó ese gustito tan entretenido por aprender siempre más y a quien le habría encantado verme como Bióloga.*

*Te amo por siempre.*

## AGRADECIMIENTOS

Quiero partir agradeciendo a mi gran profe guía, Dra. Glenda Fuentes, por ser un pilar importante en el transcurso final de mi pregrado, en conjunto con el Dr. Patricio López, quiénes han apoyado de forma importante mi formación y no solo a nivel académico, sino que también en lo personal, han sido refugio y contención en momentos importantes durante este proceso, gracias por todo el apoyo y preocupación de parte de los dos, son grandes profesionales, pero por sobre todo grandes personas.

De igual forma agradecer a mi familia, a mi madre Patricia Repiso y a mi hermano Nicolás Beltrán por todo lo que me han entregado y me siguen entregando, por estar siempre para apoyarme hasta en lo más mínimo y por todo el amor que me entregan constantemente.

A mi compañero, Ariel Riquelme, gracias por tu infinito amor, por tu contención y tus cuidados a lo largo de este camino. Gracias por motivarme a seguir, por sostenerme cuando lo necesité y por caminar a mi lado en cada paso.

No puedo dejar de mencionar a mis amigas, las que más de una vez me rescataron de la oscuridad. Gracias por la contención, por hacer de esta carrera un viaje más llevadero, divertido e interesante, mi ramillete de lindas flores Simona, Paci, Frani, Javi Pez, Javi Farías, Noemi y Perlita. Y a mi gran amigo y Carex favorito, Paulo, gracias por ser una fuente constante de inspiración y por todos los momentos de ñoñería y risas.

Gracias, de corazón.

# ÍNDICE

AGRADECIMIENTOS	2
ÍNDICE DE FIGURAS	4
ÍNDICE DE TABLAS	5
RESUMEN.	6
ABSTRACT.	6
INTRODUCCIÓN.	7
Diversidad genética y delimitación de unidades conservación.	7
Fragmentación en Chile.	10
Especie en estudio.	10
PREGUNTA DE INVESTIGACIÓN.	12
HIPÓTESIS.	12
OBJETIVOS.	13
Objetivo general:	13
Objetivos específicos:	13
METODOLOGÍA.	14
Zona de estudio.	14
Recolección de muestras.	14
Extracción de ADN.	15
Genotipificación de SNP	15
Elección de parámetros de trabajo para la selección de SNP.	16
Obtención de matrices neutrales y outliers.	16
Parámetros genéticos.	16
Delimitación de Unidades de Conservación (UC) en G. renjifoana.	17
RESULTADOS.	17
SNP.	17
Diversidad genética Neutral y Outliers para marcadores SNP.	18
Parámetros genéticos Neutrales y Outliers para marcadores SNP.	19
Estimación de la estructura genética neutral y outliers.	23
.	24
Delimitación de Unidades de Conservación (UC) en G. renjifoana	27
DISCUSIÓN.	28
CONCLUSIÓN.	32



## ÍNDICE DE FIGURAS

Figura 1: Mapa de distribución geografía para <i>Gaultheria renjifoana</i>	17
Figura 2: Gráfico AMOVA de matriz neutral.	26
Figura 3: Gráfico AMOVA matriz outliers.	27
Figura 4: Gráfico indica el número de clúster genéticos inferidos para matriz neutral. $K=4$	27
Figura 5: Barplot de matriz neutral, $K=4$ . Los colores indican cada clúster genético.	28
Figura 6: Gráfico indica el número de clúster genéticos inferidos para matriz outliers. $K=3$ .	29
Figura 7: Barplot de matriz outliers, $K=3$ . Los colores indican cada clúster genético.	29

## ÍNDICE DE TABLAS

Tabla 1: Matrices y número de SNP	21
Tabla 2: Comparación de parámetros entre matrices.	21
Tabla 3: Número de SNP en matriz neutral y matriz outliers.	22
Tabla 4: Parámetros de diversidad genética para los matices neutrales y outliers.	24
Tabla 5: Análisis de F-estadísticos para matriz neutral y matriz outliers.	25
Tabla 6: Fst entre pares de poblaciones para matriz neutral.	26
Tabla 7: Fst entre pares de poblaciones para matriz outliers.	26

## RESUMEN.

*Gaultheria renjifoana*, endémica de la región del Biobío, enfrenta un riesgo crítico de extinción. Este estudio buscó delimitar unidades de conservación (UC) mediante el análisis comparativo de variabilidad genética neutral y adaptativa, utilizando datos de SNP obtenidos en cuatro localidades dentro de la distribución geográfica de la especie. A través del análisis de diversidad, estructura genética y diferenciación entre matrices neutrales y outliers, se detectaron patrones claros de aislamiento genético y posible selección local. Los resultados muestran una mayor estructura genética en locus bajo selección, lo que permitió definir las UC sugeridas, proponiendo tres unidades de conservación. La inclusión de información adaptativa aportó elementos clave para una delimitación más precisa, destacando la necesidad de integrar ambos enfoques para desarrollar acciones de conservación efectivas en la especie en estudio.

Palabras claves: *Gaultheria renjifoana*, SNP, Unidades de Conservación, alelos neutrales, alelos outliers.

## ABSTRACT.

*Gaultheria renjifoana*, an endemic species from the Biobío Region, faces a critical risk of extinction. This study aimed to delimit conservation units (CU) through a comparative analysis of neutral and adaptive genetic variability, using SNP data obtained from four localities within the species' geographic range. Through the analysis of genetic diversity, structure, and differentiation between neutral and outlier datasets, clear patterns of genetic isolation and possible local selection were detected. The results revealed greater genetic structure at locus under selection, which enabled the definition of suggested CUs; hence, allowing the proposal of three conservation units. The inclusion of adaptive information provided key insights for a more precise delimitation, highlighting the need to integrate both approaches to develop effective conservation actions for the species under study.

Keywords: *Gaultheria renjifoana*, SNP, Conservation Units, neutral alleles, outlier alleles.

## INTRODUCCIÓN.

La fragmentación del hábitat, impulsada por la destrucción y degradación de los ecosistemas naturales debido a actividades antropogénicas representa una de las principales amenazas para la biodiversidad (Pereira et al., 2010; Ghazoul et al., 2015). El cambio en el uso del suelo, tanto para actividades agrícolas como forestales, ha generado paisajes altamente modificados, donde los ecosistemas originales quedan reducidos a pequeños parches aislados, disminuyendo significativamente la conectividad entre las poblaciones remanentes (Keith et al., 2013; Lindenmayer et al., 2006).

Este proceso afecta particularmente a aquellas especies raras que se caracterizan por presentar una baja abundancia relativa, una distribución geográfica restringida o una especialización ecológica extrema (Rabinowitz, 1981). Debido a su reducido tamaño poblacional y al aislamiento entre poblaciones, estas especies suelen experimentar bajos niveles de diversidad genética, lo que puede conducir a un aumento en la endogamia y la deriva genética (Frankham et al., 2010). Esta combinación de factores hace a las especies particularmente vulnerables a la extinción (Diamond, 1984; Pimm et al., 1988).

### *Diversidad genética y delimitación de unidades conservación.*

La diversidad genética, entendida como las variaciones heredables presentes dentro de los organismos, entre los individuos de una población y entre las poblaciones de una especie (Allendorf et al., 2012), constituye el pilar fundamental de la biodiversidad, ya que es la fuente primaria de variabilidad biológica en las poblaciones naturales (Jiménez & Collada, 2000). Estas variaciones son esenciales para los procesos evolutivos, permitiendo a las especies adaptarse a los cambios ambientales y responder a presiones selectivas a lo largo del tiempo, asegurando su persistencia (Lande & Barrowclough, 1987; Rossetto et al., 1995, Kardos et al., 2021).

Las poblaciones naturales con altos niveles de diversidad genética están mejor preparadas para afrontar eventos de fragmentación del hábitat o inestabilidad ambiental, ya que presentan una mayor capacidad de adaptación a estas perturbaciones (Hoffmann & Sgrò,

2011). En contraste, las poblaciones pequeñas o aisladas, típicas de ambientes fragmentados, experimentan una reducción en la variabilidad genética debido a procesos como la deriva genética y la endogamia. El aislamiento entre poblaciones reduce el flujo génico, lo que altera la estructura genética poblacional y favorece el aislamiento reproductivo, generando una pérdida de variación genética intraespecífica, afectando el potencial adaptativo de las especies, aumentando su vulnerabilidad ante cambios extremos y elevando el riesgo de extinción (Mattera et al. 2020, Kardos et al., 2021). Este potencial adaptativo es la capacidad de una población para responder a cambios ambientales mediante la selección natural. Esta capacidad depende directamente de la variación adaptativa, la cual está determinada por la diversidad genética de la especie. A su vez, esta diversidad permite la presencia de variantes genéticas con mayor eficiencia biológica para enfrentar cambios en el entorno (Stadler y Stephens, 2002; Jump et al., 2009).

La variabilidad adaptativa se puede inferir a partir del análisis de locus potencialmente bajo selección, también llamados locus outliers (Luitkart 2003). Estos corresponden a regiones genómicas codificantes que se encuentran ligadas a zonas neutrales del genoma, las que al estar sujetas a dinámicas directas de selección natural, pueden arrastran a los locus neutrales en su dinámica de heredabilidad. Esto nos ayuda a identificar qué poblaciones podrían estar experimentando procesos adaptativos locales (Feng, et al., 2015).

Estas regiones genéticas son importantes de pesquisar para la conservación de especies, por lo que evaluar y comprender la variabilidad genética en su totalidad de una especie, es decir desde el punto de vista neutral como selectiva, es esencial para definir acciones de conservación que consideren los procesos microevolutivos en forma integral, esto es flujo génico, deriva genética y selección (Holderegger et al., 2006, Allendorf et al., 2012). Es aún más relevante considerar los dos aspectos de la variación al momento de identificar áreas prioritarias, especialmente en especies raras o en peligro y así mitigar los efectos negativos de la fragmentación. (Jiménez & Collada, 2000; Shanshan et al., 2006; Wang et al., 2016).

Además, la identificación de loci outliers permite detectar señales de adaptación local que no serían evidentes mediante el análisis exclusivo de marcadores neutrales. Esta

información es particularmente valiosa en contextos de cambio climático o presión antropogénica, donde ciertas poblaciones pueden estar desarrollando respuestas adaptativas únicas para sobrevivir en ambientes específicos. Ignorar esta dimensión adaptativa podría conducir a decisiones de conservación que no consideren la capacidad evolutiva de las poblaciones, comprometiendo su viabilidad a largo plazo. Por ello, integrar el análisis de loci bajo selección en estudios de genética de la conservación permite no solo preservar la diversidad genética existente, sino también fomentar la resiliencia evolutiva de las especies frente a futuros desafíos ambientales.

La variación genética a nivel intraespecífico es la fuente primaria de diversidad en organismos vivos, siendo un factor clave para la adaptación a cambios ambientales (Schaal et al., 1991). Por lo que es sumamente importante conservar esta variabilidad genética, una herramienta útil para ello son las Unidades de Conservación (UC), las cuales se definen como poblaciones dentro de una especie que se consideran prioritarias para la conservación, en este caso, por poseer características genéticas distintivas (Fraser & Bernatchez, 2001).

Una forma de evaluar o determinar UC es la propuesta por Funk et al. (2012), quienes sugieren integrar información tanto de variación neutral como adaptativa para definir las y priorizarlas, y así capturar todos los aspectos que influyen dentro de la variabilidad genética de las especies, permitiendo preservar el potencial evolutivo de estas (Vogler & Desalle, 1994; Waples, 1991; Funk et al., 2012). Las UC desde un punto de vista genético, son fundamentales para maximizar el potencial de adaptación de la especie a futuros cambios ambientales, ya que cada unidad mantiene variabilidad genética única que puede ser clave para la resiliencia poblacional (Funk et al., 2012).

Uno de los marcadores moleculares que se ha transformado en una herramienta útil para los estudios de genética poblacional, permitiendo evaluar la variación genética, son los SNP o polimorfismos de un solo nucleótido. Estos corresponden a mutaciones de un solo par de bases nucleotídicas en una posición específica del genoma y constituyen la forma más común de variación del ADN entre alelos. Si bien frecuentemente se estudian en el genoma nuclear, siendo la forma más común de variación de ADN entre alelos, los SNP también

pueden encontrarse en genomas mitocondriales y cloroplásticos. Estos marcadores bialélicos han destacado por haber aumentado considerablemente el conocimiento sobre diversidad genética en plantas (Morgil et al., 2020; Georges and Gruber 2019). Esto se debe a varias características que los hacen especialmente valiosos para los estudios genéticos: su alta abundancia y distribución a lo largo del genoma, su naturaleza estable y reproducible.

Existen diversos métodos para la detección de SNP, los que han evolucionado con las nuevas tecnologías de secuenciación de nueva generación (NGS), ofreciendo un método útil cuando se trabaja con especies en peligro crítico o raras es el método MiG-seq (Multiplexed ISSR Genotyping by sequencing) propuesto por Suyama & Matsuki (2015).

La tecnología de MiG-seq se ha convertido en una alternativa atractiva, en comparación a otras técnicas de genotipado vía representación reducida (i.e., RADSeq, GBS, DARTseq, etc), debido a su menor costo por muestra, el corto tiempo de procesamiento y los estándares de calidad flexibles que posee la construcción de sus librerías. En particular, destaca la baja cantidad y calidad de ADN requerida para su implementación, lo que resulta particularmente beneficioso en estudios de especies en peligro de extinción, donde la obtención de material biológico, en términos de cantidad y calidad, puede ser limitada (Nishimura et al., 2022).

### *Fragmentación en Chile.*

En Chile históricamente el bosque ha sido degradado, se estima la pérdida de cerca de un 50% de bosques primarios antes de la colonización (Lara et al. 2012). Posterior a eso, el cambio de uso de suelo y el paisaje fue transformado de bosque nativo a matorrales, praderas, plantaciones agrícolas y forestales. Se ha estimado que la degradación de bosque nativo llega a un total de 60.000 ha a 71.000 ha anuales durante las últimas dos o tres décadas (Lara et al., 2019). Sumado a eso, la zona central de Chile ha sufrido grandes cambios a causa de los incendios forestales, sobre todo en la región del Biobío (por ejemplo, de los años 2017 y 2023), conduciendo a que esta zona esté altamente perturbada. Todos estos factores ocasionan que el paisaje vegetal nativo presente cambios regresivos en cuanto a su extensión, forma y riqueza (Castillo et al., 2012). Reduciendo su superficie y conduciendo a la fragmentación de los bosques nativos, lo que conlleva a un aislamiento de

las poblaciones y a una pérdida de biodiversidad, sobre todo nativa, y sus servicios ecosistémicos (Sala et al. 2000, Haddad et al., 2015).

#### *Especie en estudio.*

*Gaultheria renjifoana* Phil. es un arbusto de la familia Ericaceae (Teillier & Escobar 2013), conocido comúnmente como “Chaura de laraquete”. Este arbusto puede alcanzar de 2,5 hasta 3 m, con ramas flexibles. Presenta hojas pecioladas, glabras, coriáceas, con un peciolo de un tono rojizo. La lámina de 6,5-11x 2-4,5 cm, ovoidal-lanceolada hasta elípticas, de borde ligeramente aserrado con 17-28 dientes pequeños, y de ápice agudo. Sus flores son hermafroditas, y están dispuestas en cimas terminales con 10-20 flores, sus pedúnculos y pedicelos presentan brácteas y bractéolas triangulares, agudas en el ápice.

La especie *Gaultheria renjifoana* está restringida a la Cordillera de la Costa en la Región del Biobío, donde presenta un marcado microendemismo. Su distribución se limita específicamente al área comprendida entre las localidades de Colcura y Chivilingo. Debido a su restringida distribución, bajo número de individuos y todas las amenazas antropogénicas a las que se ve expuesta constantemente, como los cambios de uso de suelo a prados forestales y a los potenciales incendios forestales que pudiesen suceder en la zona, tal como ya ocurrió en febrero del 2023. Incendio del cual aún no se cuantifican los daños, pero han afectado a la zona de distribución de *G. renjifoana*. Se presume que más del 10% de las localidades conocidas para la especie sufrieron importantes daños (CONAF 2023). La especie en estudio se encuentra catalogada por el Ministerio de Medio Ambiente como una especie en peligro crítico de extinción, reuniendo todas las características para denominarla especie rara (MMA, 2019).

En consecuencia y desde el punto de vista de la conservación, conocer el nivel de diversidad genética y estructura que presentan las poblaciones de la especie es una información relevante (Mace et al. 2008) para la delimitación de Unidades de Conservación. Definir estas agrupaciones intraespecíficas sirven para guiar las decisiones de gestión y conservación para esta especie (Allendorf et al., 2022, Allendorf et al., 2007;

Nora et al., 2011; Funk et al., 2012), por lo que podría ser una herramienta muy útil para gestionar iniciativas de conservación de la especie *Gaultheria renjifoana*.

## PREGUNTA DE INVESTIGACIÓN.

¿El análisis separado de la diversidad genética neutral y adaptativa permite identificar componentes complementarios y relevantes que contribuyen a una delimitación más precisa de las unidades de conservación en *Gaultheria renjifoana*?

## HIPÓTESIS.

La integración de la variabilidad genética neutral y adaptativa permite una delimitación más precisa y biológicamente informada de unidades de conservación en *Gaultheria renjifoana*, siendo la componente adaptativa la que aporta mayor resolución en la detección de diferenciación espacial relevante para la conservación.

H0: La inclusión de información adaptativa no mejora la delimitación de unidades de conservación en comparación con el uso exclusivo de variabilidad genética neutral.

H1: La inclusión de información adaptativa mejora la delimitación de unidades de conservación al aportar mayor resolución en la diferenciación genética de *Gaultheria renjifoana*.

## OBJETIVOS.

### *Objetivo general:*

Delimitar unidades de conservación en *Gaultheria renjifoana* mediante el análisis comparativo de la variabilidad genética neutral y adaptativa, utilizando marcadores moleculares tipo SNP.

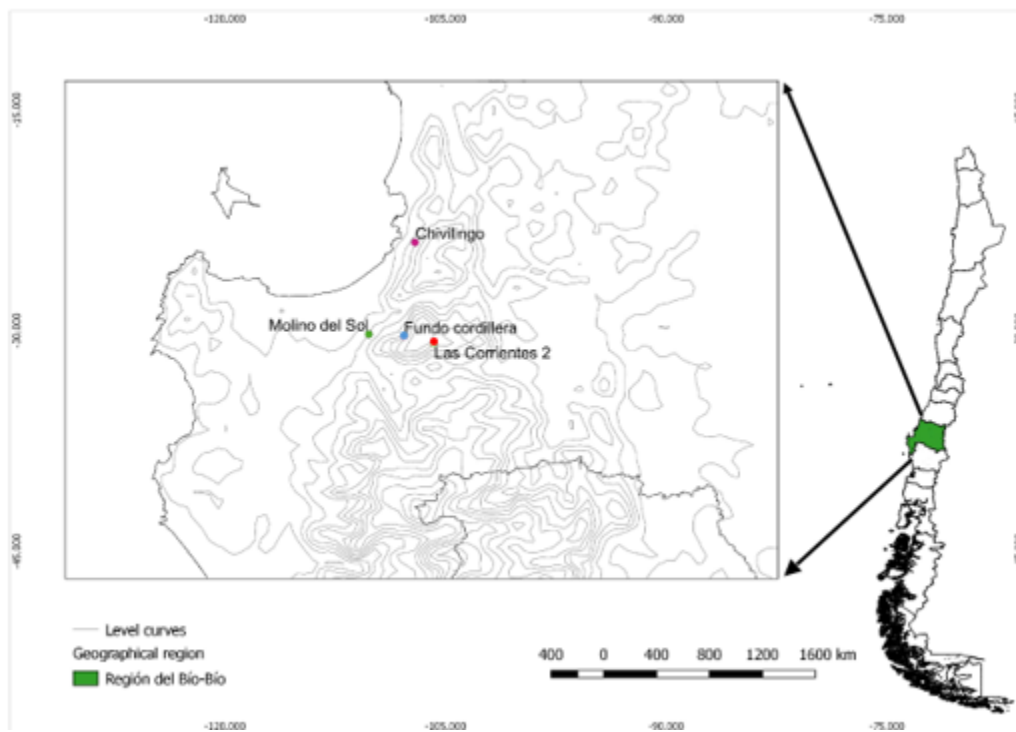
### *Objetivos específicos:*

- Caracterizar la diversidad genética neutral y adaptativa de *Gaultheria renjifoana* en cuatro localidades de su distribución natural mediante marcadores SNP.
- Evaluar la estructura genética poblacional utilizando matrices de locus neutrales y locus bajo selección para detectar patrones de aislamiento y diferenciación genética.
- Comparar la estructura genética entre locus neutrales y adaptativos, determinando el grado de congruencia y diferenciación entre ambos conjuntos de datos.
- Proponer unidades de conservación para *Gaultheria renjifoana* basadas en patrones de estructura genética adaptativa, integrando criterios evolutivos y espaciales para la conservación de la especie.

## METODOLOGÍA.

### *Zona de estudio.*

Los sitios de muestreo se delimitaron mediante información disponible en el herbario de la Universidad de Concepción CONC, y en el herbario Nacional de Chile SGO y la otorgada por la empresa Arauco S.A. Esta zona comprende diversas localidades donde se ha registrado la presencia de la especie. Estas localidades son Chivilingo ( $37^{\circ} 7' 16.47''$  S -  $73^{\circ} 7' 31.18''$  O), Fundo Las Corrientes 2 ( $37^{\circ} 20' 23.06''$  S -  $73^{\circ} 5' 6.66''$  O) Fundo Cordillera ( $37^{\circ} 18' 38.17''$  S -  $73^{\circ} 6' 34.13''$  O) y Molino del Sol ( $37^{\circ} 18' 58.06''$  S -  $73^{\circ} 13' 0.95''$  O).



*Figura 1: Mapa de distribución geográfica para Gaultheria renjifoana*

### *Recolección de muestras.*

Se recolectó material vegetal, en particular hojas frescas, que se almacenaron a 4°C. Se consideró una separación de 3 metros por individuo para la recolección, debido a la existencia de posibilidad de reproducción vegetativa (Muñoz – Schick 1987). Además, se registró la información geográfica de cada individuo muestreado.

### *Extracción de ADN.*

El ADN total se extrajo de cada muestra foliar utilizando el kit DNeasy Plant Mini Kit (Qiagen), siguiendo el protocolo recomendado. La calidad del ADN se evaluó mediante electroforesis en gel de agarosa al 1%, teñido con RedGel, y corrido a 70 V durante 10 minutos. Posteriormente, se utilizó un transiluminador UV para verificar la presencia de ADN. Finalmente, la cantidad y calidad del ADN fueron cuantificadas con un espectrofotómetro NanoDrop.

### *Genotipificación de SNP.*

Se genotipificaron un total de 53 individuos de *Gaultheria renjifoana* distribuidos en 4 localidades dentro del rango natural: 15 individuos de Fundo Las Corrientes, 10 individuos de Chivilingo, 14 individuos de Cordillera y 14 individuos de Molino del Sol. La identificación de SNP se llevó a cabo mediante la técnica MigSequence (MIG-seq), desarrollada por Suyama & Matsuki (2015). Esta técnica prepara una biblioteca de fragmentos MIG utilizando cebadores diseñados para genotipado multiplex con marcadores ISSR (Inter-Simple Sequence Repeat). Estos cebadores poseen motivos repetidos y secuencias de anclaje que se utilizan en una reacción multiplex para amplificar regiones anónimas de todo el genoma (Suyama & Matsuki 2015). La construcción de bibliotecas genómicas y la posterior secuenciación de los fragmentos generados se realizó en una plataforma MiSeq Illumina, utilizando un kit de ciclos MiSeq v3, Illumina.

Las lecturas fueron preliminarmente filtradas utilizando para ello las siguientes opciones: retención de fragmentos con  $Q>20$  (promedio), remoción de fragmentos con más de 40 bases de  $QC<20$ , remoción de las primeras 54 bases por cada fragmento y retención de todos los fragmentos con un largo mínimo de 79 pb. El ensamblaje se realizó *de novo* con el ensamblador Ipyrad 0.9.81 (Eaton y Overcast 2020), en este programa se utilizaron todos los parámetros por defecto, todos los filtros se hicieron con vcftools (Danecek et al., 2011b).

#### *Elección de parámetros de trabajo para la selección de SNP.*

Se trabajó con tres matrices con diferentes niveles de estrictez para manejo de datos perdidos: la matriz 03, con un 30% de datos perdidos; la matriz 05, con un 50%; y la matriz 08, con un 80% de datos perdidos. Estas matrices fueron procesadas en el programa GenAIEx 6.51b2 (Peakall & Smouse 2006) para calcular parámetros genéticos, compararlos entre sí y determinar cuál resultaba más adecuada para este estudio. Tras el análisis, se decidió trabajar con la matriz 05, ya que ofrecía un equilibrio entre cantidad de datos y calidad de la información.

#### *Obtención de matrices neutrales y outliers.*

Utilizando el programa Arlequin 3.5.22 (Excoffier et al. 2005) se identificaron potenciales locus outliers. Se consideraron candidatos a potenciales locus outliers a aquellos con valores  $F_{ST} p<0.05$  dentro de la dispersión de los datos naturales. Los locus outliers fueron separados de la matriz completa dando lugar a dos matrices, una matriz neutral, que excluye los locus outliers y una matriz outliers que incluye solo los locus potencialmente bajo selección.

#### *Parámetros genéticos.*

Se utilizó el programa GenALex 6.51b2 (Peakall and Smouse 2012), para estimar la diversidad genética de *G. renjifoana*, mediante el cálculo de  $N^{\circ}$  de alelos ( $N_a$ ),  $N^{\circ}$  de alelos efectivos ( $N_e$ ), Índice de Shannon (I), índice de fijación (F). También se midieron

F-estadísticos y el flujo genico dentro y entre poblaciones con el Coeficiente de endogamia dentro de poblaciones ( $F_{is}$ ), Coeficiente de endogamia total ( $F_{it}$ ), el índice de Diferenciación genética entre poblaciones ( $F_{st}$ ) y el índice de migración ( $N_m$ ). También se realizó un Análisis Molecular de Varianza (AMOVA) para cuantificar los componentes jerárquicos de la varianza genética ( $\Phi_{PT}$  y  $F_{st}$ ) dentro y entre las poblaciones.

Para evaluar la estructura genética, se aplicó un análisis de asignación individual con el objetivo de determinar el número óptimo de poblaciones o pools génicos ( $K$ ). Este análisis se llevó a cabo mediante inferencia Bayesiana utilizando el programa STRUCTURE v.2.3.4 (Pritchard et al. 2000), se consideraron conglomerados genéticos ( $K$ ) de 1 a 6, para cada valor de  $K$  se corrieron 20 réplicas de 20000 generaciones descartando las primeras 2000. El número óptimo de conglomerados genéticos ( $K$ ) se determinó utilizando el criterio de Evanno et al. (2005). Para calcular los componentes jerárquicos de la varianza genética ( $\Phi_{PT}$  y  $F_{st}$ ) se realizó un Análisis de Varianza Molecular (AMOVA).

#### *Delimitación de Unidades de Conservación (UC) en *G. renjifoana*.*

Se llevaron a cabo análisis de los resultados obtenidos a partir de marcadores SNP para delimitar las unidades de conservación (UC) de *Gaultheria renjifoana*. En este estudio, se comparó la diversidad genética y los patrones de estructuración genética de alelos neutrales y adaptativos. Estos parámetros facilitaron la evaluación del estado genético y la diversidad alélica, permitiendo priorizar las áreas más relevantes para la conservación desde un punto de vista de la componente genética de la variación.



## RESULTADOS.

*SNP.*

Se obtuvo una matriz inicial de 16.995 SNP, la cual fue depurada y sometida a tres niveles de filtrado según el porcentaje de datos perdidos: 30%, 50% y 80%. Cada nivel de filtrado generó un conjunto diferente de SNP (Tabla 1.) con variaciones en la cantidad de marcadores retenidos.

*Tabla 1: Matrices y número de SNP*

	<b>Matriz original</b>	<b>Matriz 03</b>	<b>Matriz 05</b>	<b>Matriz 08</b>
<b>N° de SNP</b>	16995	3006	1842	776

Se analizaron las tres matrices en GenALEX para evaluar los parámetros genéticos proporcionados por cada una (Tabla 2.) Se decidió utilizar la matriz 05 debido a su equilibrio entre cantidad de locus y calidad de datos, asegurando una representación adecuada de la variabilidad genética sin introducir sesgos o errores excesivos. Esta matriz mostró un índice de diferenciación entre poblaciones que puede estar indicando una estructura genética clara sin la sobreestimación observada en la matriz 03. Además, el flujo génico sugiere una conectividad adecuada entre poblaciones sin comprometer la diferenciación genética. Finalmente, el índice de fijación indica que la matriz no presenta un sesgo marcado hacia un exceso de heterocigotos ni evidencia fuerte de endogamia, lo que la convierte en la opción más equilibrada y representativa para el análisis.

*Tabla 2: Comparación de parámetros entre matrices.*

<b>Parámetro</b>	<b>Matriz 03</b>	<b>Matriz 05</b>	<b>Matriz 08</b>
<b>N° de locus</b>	3006	1843	776
<b>N° alelos efectivos</b>	1,316	1,32	1,312
<b>F</b>	-0,007	0,002	-0,011
<b>I</b>	0,309	0,301	0,291
<b>Ho</b>	0,202	0,193	0,19
<b>He</b>	0,203	0,196	0,19
<b>Fis</b>	0,023	0,018	-0,005
<b>Fst</b>	0,254	0,199	0,176
<b>Nm</b>	2,759	3,288	2,644

Se procesó la matriz 05 en el programa Arlequín, identificando los locus con valores de  $F_{ST}$  con  $p < 0.05$  dentro de la distribución natural de los datos y se obtuvieron dos matrices nuevas, outliers y neutral (Tabla 3).

*Tabla 3: Número de SNP en matriz neutral y matriz outliers.*

	<b>Matriz neutral</b>	<b>Matriz outliers</b>
<b>N° de SNP</b>	1506	320

*Diversidad genética Neutral y Outliers para marcadores SNP.*

La población que presentó los mayores valores de diversidad genética obtenidos en las matrices neutral y outliers es la población Fundo Las Corrientes con  $N_a = 1.693$ ,  $H_o = 0,196$  y  $H_e = 0,203$  en la matriz neutral y  $N_a = 1.853$ ,  $H_o = 0,265$  y  $H_e = 0,268$  en la matriz outliers. En contraste, con la población Cordillera que mostró los valores más bajos de diversidad en la matriz neutral ( $N_a = 1.577$ ,  $H_o = 0,159$ ,  $H_e = 0,173$ ), mientras que Molino del Sol presentó la menor diversidad en la matriz outliers ( $N_a = 1.519$ ,  $H_o = 0,156$ ,  $H_e = 0,142$ ).

*Parámetros genéticos Neutrales y Outliers para marcadores SNP.*

El análisis de F-estadísticos (Figura 5) reveló diferencias en la estructuración genética entre las poblaciones, reflejando distintos patrones de diferenciación y flujo génico. En la matriz neutral, el coeficiente de endogamia dentro de poblaciones ( $F_{is} = 0.020$ ) indicó una ligera tendencia a la homocigosidad, mientras que el índice de diferenciación genética entre poblaciones ( $F_{st} = 0.186$ ) mostró una diferenciación moderada, sugiriendo que las poblaciones conservan cierta conectividad genética, derivada del flujo génico histórico evaluado en este trabajo. En contraste, la matriz outlier presentó un  $F_{is}$  de 0.023, lo que indica una leve reducción en la variabilidad genética dentro de las poblaciones, y un  $F_{st}$  de 0.237, señalando una diferenciación más pronunciada entre ellas, probablemente debido a procesos de selección natural que afectan a estos locus, favoreciendo la presencia de ciertos alelos en cada población.

Además, el flujo génico varió entre ambas matrices: en la matriz neutral, el número de migrantes por generación ( $N_m = 2.084$ ) sugiere que, aunque hay diferenciación, las poblaciones aún mantienen cierto grado de intercambio genético. En la matriz outlier, el

valor de  $Nm = 9.016$  indica un mayor flujo génico, lo que podría estar relacionado con la selección de locus involucrados en adaptaciones locales, esto sugiere que, si bien las poblaciones presentan diferenciación genética, también existe un equilibrio entre aislamiento y conectividad, dependiendo de los locus analizados.

Tabla 4: Parámetros de diversidad genética para los matices neutrales y outliers.

Población	Matriz neutral								Matriz outliers							
	N	Na	Ne	I	Ho	He	uHe	F	N	Na	Ne	I	Ho	He	uHe	F
Fundo las Corrientes	11,225 (0,068)	1,693 (0,012)	1,329 (0,009)	0,314 (0,007)	0,196 (0,005)	0,203 (0,005)	0,214 (0,005)	0,026 (0,010)	10,653 (0,171)	1,853 (0,023)	1,434 (0,019)	0,414 (0,013)	0,265 (0,013)	0,268 (0,009)	0,282 (0,010)	0,016 (0,024)
Chivilingo	7,792 (0,044)	1,661 (0,012)	1,355 (0,009)	0,323 (0,007)	0,197 (0,005)	0,212 (0,005)	0,228 (0,005)	0,037 (0,010)	7,572 (0,110)	1,619 (0,029)	1,314 (0,019)	0,295 (0,015)	0,181 (0,011)	0,191 (0,010)	0,208 (0,011)	0,013 (0,021)
Cordillera	9,244 (0,09)	1,577 (0,013)	1,283 (0,009)	0,268 (0,007)	0,159 (0,005)	0,173 (0,005)	0,187 (0,005)	0,058 (0,011)	8,806 (0,217)	1,628 (0,028)	1,298 (0,018)	0,290 (0,015)	0,176 (0,011)	0,186 (0,010)	0,201 (0,011)	0,010 (0,021)
Molino del Sol	11,889 (0,064)	1,594 (0,013)	1,326 (0,009)	0,296 (0,007)	0,219 (0,007)	0,195 (0,005)	0,205 (0,005)	-0,097 (0,013)	11,672 (0,153)	1,519 (0,030)	1,224 (0,017)	0,226 (0,014)	0,156 (0,012)	0,142 (0,009)	0,150 (0,010)	-0,093 (0,019)
Total	10,038 (0,040)	1,631 (0,006)	1,323 (0,004)	0,300 (0,003)	0,193 (0,003)	0,196 (0,002)	0,208 (0,003)	0,007 (0,006)	9,676 (0,095)	1,655 (0,014)	1,318 (0,009)	0,306 (0,007)	0,195 (0,006)	0,197 (0,005)	0,210 (0,005)	-0,008 (0,011)

Tabla 5: Análisis de *F*-estadísticos para matriz neutral y matriz outliers.

Locus	Matriz neutral				Matriz outliers			
	Fis	Fit	Fst	Nm	Fis	Fit	Fst	Nm
Mean	0,020	0,196	0,186	2,084	0,023	0,237	0,237	9,016
SE	0,010	0,009	0,003	0,057	0,020	0,021	0,014	2,195

En términos generales, los valores de *Fst* variaron considerablemente entre los pares de poblaciones (Tabla 6.), lo que sugiere distintos niveles de aislamiento genético o flujo génico.

Específicamente, las localidades de Fundo Las Corrientes y Chivilingo presentaron un *Fst* de 0.057, este resultado sugiere que estas localidades aún mantienen un grado significativo de flujo génico. Por otro lado, las localidades de Chivilingo y Fundo Cordillera mostraron un *Fst* de 0.113, existe menor flujo entre ellas. Para las localidades de Fundo Las Corrientes y Fundo Cordillera el análisis arrojó un *Fst* de 0.113. En contraste, las localidades de Fundo Cordillera y Molino del Sol presentaron un *Fst* de 0.237, el más alto entre todos, el menor flujo génico entre este par de localidades. Este resultado puede atribuirse a un aislamiento prolongado, a barreras geográficas más marcadas o a procesos de selección local que han impulsado la divergencia genética. Finalmente, el par Chivilingo y Molino del Sol mostró un *Fst* de 0.149, valores que podría estar ligados a la distancia geográfica entre estas localidades que ha visto interrumpido el flujo génico histórico, con una disrupción de su conectividad más antigua.

Para el caso de la matriz outliers, los valores de *Fst* entre pares de poblaciones (Tabla 7.) indican un flujo génico bajo entre todas las localidades analizadas, existiendo una gran diferenciación genética entre ellas. En particular, se observa un bajo flujo génico entre Fundo Las Corrientes y Chivilingo, con un valor de *Fst* de 0.024, similar al registrado entre Chivilingo y Fundo Cordillera, también con un *Fst* de 0.024. Asimismo, no hay diferencia significativa entre Chivilingo y Molino de Sol, presentando un *Fst* de 0.023. Los pares de poblaciones Fundo Las Corrientes y Fundo Cordillera, así como Fundo Las Corrientes y Molino de Sol, exhiben un flujo génico mínimo, ambos con un *Fst* de 0.020. Esta misma tendencia se observa entre Fundo Cordillera y Molino del Sol, sugiriendo que estas últimas podrían compartir adaptaciones locales similares.

Tabla 6: *Fst* entre pares de poblaciones para matriz neutral.

Fundo Las Corrientes	Chivilingo	Fundo Cordillera	Molino del Sol	
0,000	0,003	0,001	0,001	Fundo Las Corrientes
0,057	0,000	0,001	0,001	Chivilingo
0,113	0,111	0,000	0,001	Fundo Cordillera
0,113	0,149	0,237	0,000	Molino del Sol

Tabla 7: *Fst* entre pares de poblaciones para matriz outliers.

Fundo Las Corrientes	Chivilingo	Fundo Cordillera	Molino del Sol	
0,000				Fundo Las Corrientes
0,024	0,000			Chivilingo
0,020	0,024	0,000		Fundo Cordillera
0,020	0,023	0,020	0,000	Molino del Sol

*Estimación de la estructura genética neutral y outliers.*

La distribución de la variación genética entre y dentro de las poblaciones fue analizada mediante AMOVA para *G. renjifoana* en las matrices neutral y outlier. Los resultados indican que, en la matriz neutral (Figura 2), la mayor proporción de variación genética se encuentra dentro de las poblaciones, con un 57% ( $\Phi_{PT} = 0.196$ ,  $p < 0.001$ ), mientras que el 13% de la variación se explica por diferencias entre poblaciones. En la matriz outlier (Figura 3), se observa un patrón diferente, con un 56% de la variabilidad genética distribuida dentro de las poblaciones y un 20% entre poblaciones ( $\Phi_{PT} = 0.237$ ,  $p < 0.001$ ), lo que sugiere una mayor diferenciación genética en los locus potencialmente bajo selección.

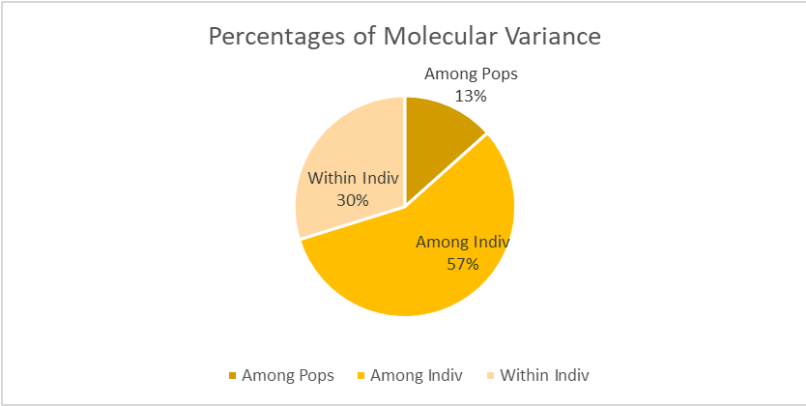


Figura 2: Gráfico AMOVA de matriz neutral.

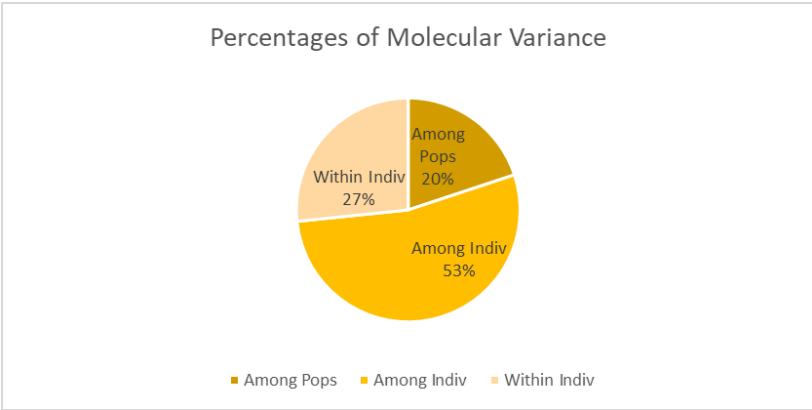
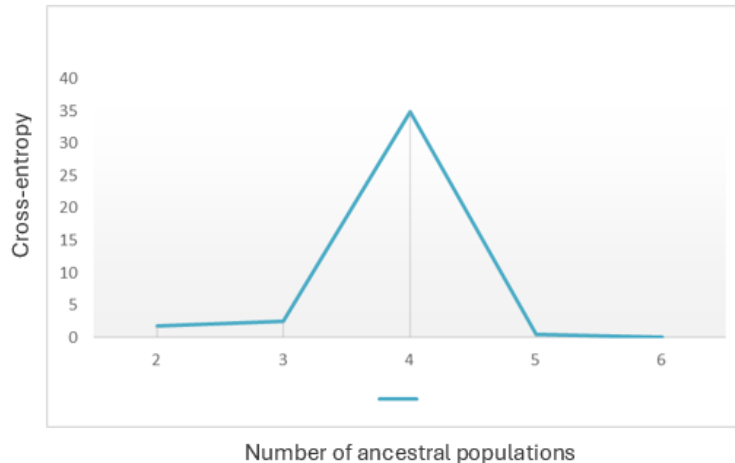


Figura 3: Gráfico AMOVA matriz outliers.



*Figura 4: Gráfico indica el número de clúster genéticos inferidos para matriz neutral.  $K=4$*

Los análisis de inferencia Bayesiana para estimar el número de pool génicos en la matriz neutral sugieren que el valor más óptimo es  $K=4$  (Figura 4).

Para el barplot para la matriz neutral  $K=4$  (Figura 5) nos muestra el primer grupo formado por individuos de la localidad de Fundo Las Corrientes (rojo), el segundo grupo contiene individuos de la localidad de Chivilingo (verde), el tercer grupo con individuos de la localidad de Fundo Cordillera (azul) y el cuarto grupo contiene individuos de la Molino del Mol (amarillo).

Se puede observar que el grupo con mayor interacción genética con los otros grupos es Fundo Cordillera, mientras que Chivilingo es una estructura más homogénea con poca o nula contribución genética de Molino del Sol y Fundo las Corrientes. Las Corrientes por su parte también muestra una estructura genética bastante homogénea, aunque con ligeras contribuciones genéticas de Fundo Cordillera y Molino del Sol. Y por último Molino del Sol se presenta como un grupo bien definido con poca mezcla genética con los otros grupos.

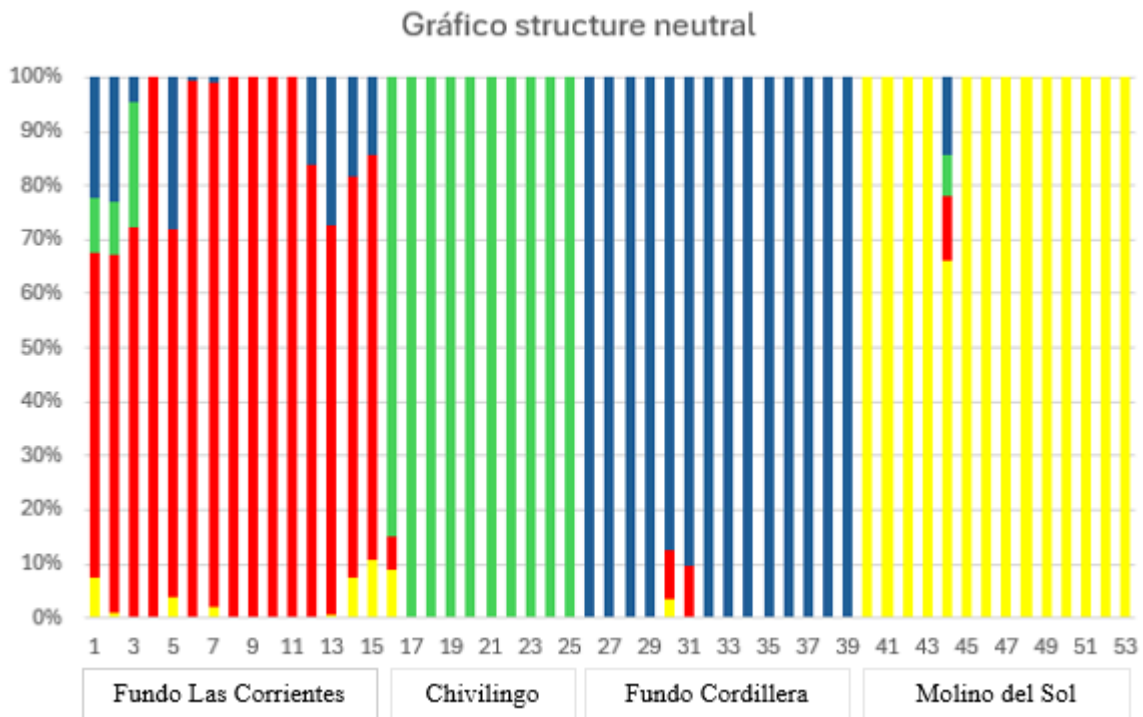
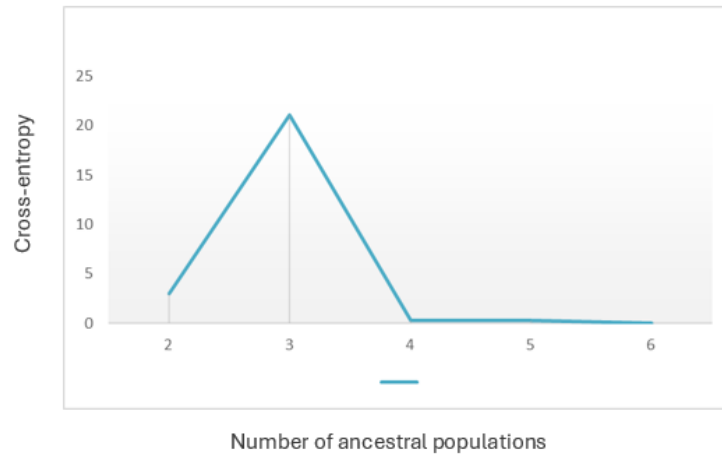


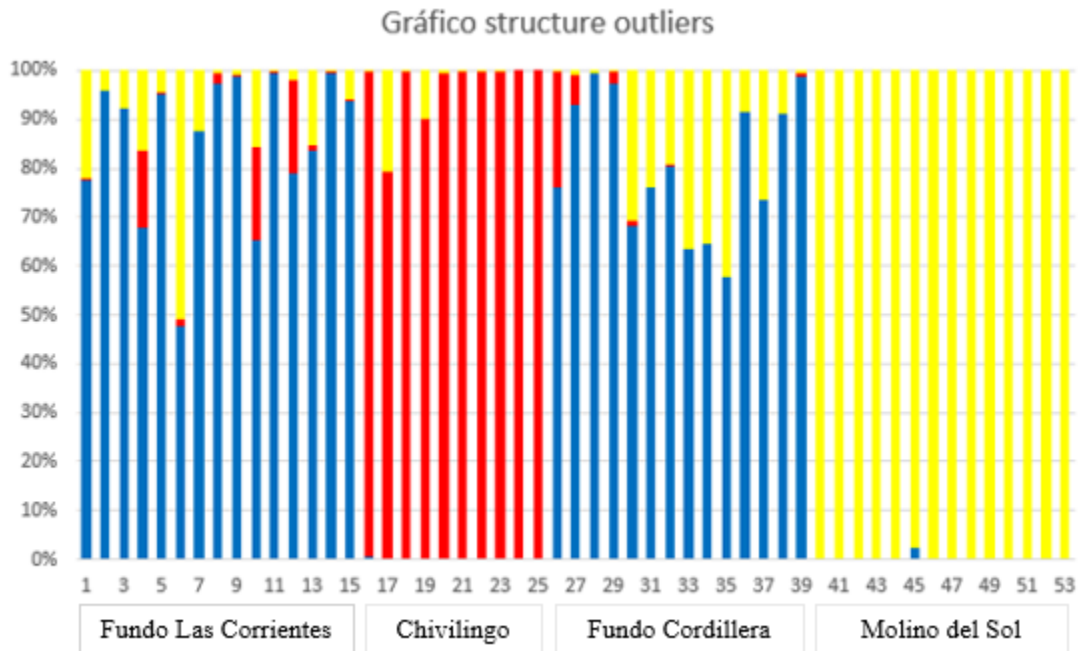
Figura 5: Barplot de matriz neutral,  $K=4$ .

En el caso de la matriz outlier, el análisis Bayesiano para estimar el número de pool genético más óptimo es  $K=3$ . (Figura 6)



*Figura 6: Gráfico indica el número de clúster genéticos inferidos para matriz outliers.  $K=3$ .*

Para el barplot de la matriz outliers (Figura 7) podemos observar que Chivilingo (Verde) y Molino del Sol (Azul) son grupos bien definidos, con poca o nula mezcla genética con las otras localidades. Mientras que Fundo Las Corrientes y Fundo Cordillera (Rojo) comparten gran similitud genética.



*Figura 7: Barplot de matriz outliers, K=3..*

*Delimitación de Unidades de Conservación (UC) en G. renjifoana*

Basado en los resultados de diversidad y estructura genética obtenidos en este trabajo se propone las siguientes unidades de conservación para las poblaciones de la especie *Gaultheria renjifoana*:

1. Unidad de Conservación Fundo Las Corrientes
2. Unidad de Conservación Chivilingo
3. Unidad de Conservación Molino del Sol



## DISCUSIÓN.

El análisis conjunto de marcadores neutrales y adaptativos reveló patrones complejos de conectividad genética entre las poblaciones de *Gaultheria renjifoana*, respaldando nuestra hipótesis alternativa. Mientras que los marcadores neutrales evidencian procesos históricos de aislamiento y deriva genética, en concordancia con la fragmentación del hábitat documentada para la especie, los marcadores adaptativos indican presencia de locus posiblemente asociados a ventajas adaptativas en determinados entornos, mostrando un patrón de agrupamiento genético más definido. Este hallazgo sugiere la ocurrencia de adaptación local, entendida como la diferenciación genética impulsada por la selección natural en ambientes particulares, incluso en presencia de flujo génico, lo cual ha sido ampliamente documentado en especies mediante enfoques genómicos y de genética de poblaciones (Savolainen et al., 2013). Esta diferenciación adaptativa resalta la importancia de conservar tanto la diversidad genética neutral como la adaptativa, especialmente en contextos de cambio ambiental.

Con base en estos resultados, proponemos la delimitación de 3 unidades de conservación que capturan la diversidad genética y el potencial evolutivo de la especie. Estas unidades deben ser consideradas como prioritarias para la gestión y conservación, con el fin de asegurar la persistencia a largo plazo de *G. renjifoana*.

Desde el punto de vista neutral, los procesos microevolutivos que se están viendo afectados en *G. renjifoana* son el flujo génico y deriva. La matriz neutral revela un flujo génico restringido, evidenciado por un bajo número de migrantes y en los altos valores de  $F_{st}$ . Estos parámetros sugieren que las poblaciones están experimentando un aislamiento genético significativo, el análisis de estructura contribuye a este resultado mostrando una clara separación entre las 4 localidades analizadas.

Los altos valores de  $F_{st}$  observados son preocupantes en el contexto de conservación, pues indican que cada una de las cuatro localidades alberga componentes únicos de la diversidad genética total de la especie. Esta diferenciación genética sugiere que la restricción en el flujo génico ha sido un proceso prolongado, permitiendo la acumulación de diferencias genéticas entre localidades (Garrido-Garduño, et al., 2013). Los valores de  $F_{st}$  por pares de poblaciones confirman esta tendencia, revelando una estructura genética heterogénea.

En *G. renjifoana*, se han observado patrones similares a los de otras especies en peligro como por ejemplo el de la especie *Araucaria araucana*, que ha mostrado un alto  $F_{st}$ , sugiriendo una fuerte estructura poblacional y un limitado intercambio genético. La restricción del flujo génico en *A. araucana* se ha atribuido a la fragmentación del hábitat, lo que ha llevado a un aumento en la deriva genética, un proceso que puede exacerbar la pérdida de diversidad genética (Fuentes et al., 2021).

La deriva genética se convierte en un factor crucial en poblaciones pequeñas, donde los efectos de la selección natural pueden verse opacados por los cambios genéticos aleatorios (Bemmels et al., 2025; Willi et al., 2006). En estas poblaciones, la pérdida de alelos privados ocurre rápidamente debido al azar, afectando la diversidad genética y aumentando la vulnerabilidad de la población (Frankham et al., 2010). En *Gaultheria renjifoana*, el bajo número de migrantes observados sugiere que la deriva ha tenido un impacto considerable en la diferenciación genética, similar a lo que se ha encontrado en otras especies amenazadas como *Prosopis chilensis*. En este caso, los estudios han demostrado que la deriva puede llevar a una reducción en la variabilidad genética (Díaz et al., 2021).

De este modo, si bien los resultados obtenidos a partir de la matriz neutral son fundamentales para comprender el estado general de la diversidad genética de *G. renjifoana*, los análisis basados en locus outliers aportan una perspectiva complementaria para la delimitación de unidades de conservación (UC). Esto se debe a que la matriz adaptativa refleja una historia más ligada a procesos climáticos-ambientales actuales relacionados con las variables que están actuando sobre las distintas localidades de la especie, y que probablemente evidencian procesos de selección local. Específicamente, la agrupación de dos localidades como una sola unidad genética sugiere una fuerte relación desde el punto de vista selectivo entre ellas, posiblemente derivada de adaptaciones a condiciones ambientales que comparten. Estudios previos han demostrado que, incluso en presencia de flujo génico histórico, los locus bajo selección pueden mostrar señales asociadas a presiones selectivas específicas del entorno, lo que permite detectar estructura genética adaptativa no visible en locus neutrales (Funk et al., 2012; Rellstab et al., 2015). Por ejemplo, Savolainen et al. (2013) señalan que la estructura genética basada en locus adaptativos puede surgir incluso en especies con conectividad reciente o pasada, cuando las

condiciones ambientales imponen filtros selectivos consistentes. La acción de las presiones selectivas puede ser rápida en especies de plantas (Coates et al., 2025; Martínez, 2023).

Las señales de selección identificadas a través de la detección de locus outliers pueden estar relacionadas a la distribución geográfica de las poblaciones (Feng et al., 2015). Al considerar la proximidad entre Fundo Cordillera y Fundo Las Corrientes, es razonable suponer que ambos sitios están sujetos a procesos de selección climáticos o ambientales similares, dado que comparten una ubicación en la misma vertiente y cerro (Figura. 1). Esta cercanía favorece la conectividad y la selección adaptativa en favor de ciertos alelos beneficiosos para hacer frente a las condiciones ambientales o climáticas que comparten.

Es fundamental diferenciar entre locus outliers y neutrales: en primer lugar, los outliers introducen ruido en el análisis de la variabilidad neutral estos locus pueden distorsionar la estimación de la diversidad genética neutral, ya que pueden inflar o reducir los valores de los parámetros evaluados. En segundo lugar, su identificación facilita la detección de señales de selección, proporcionando información clave sobre la evolución adaptativa de la especie (Luikart et al. 2003; Günther et al., 2013).

En este estudio de *Gahulteria renjifoana*, se identificaron locus outliers que separan a tres poblaciones, distinto al patrón establecido con los locus neutrales los cuales definieron una alta estructuración con cuatro grupos genéticos independientes constituidos por cada una de las localidades de la especie analizada en este estudio. Los patrones outliers podrían estar correlacionados con variables ambientales y climáticos sin embargo en este estudio no se realizó dicho análisis, lo cual queda pendiente dado el valor que tiene determinar que variables están jugando un papel en la diferenciación poblacional de la especie a través de la correlación de las variables climáticas y genéticas (Vincent et al., 2013).

Con base en los resultados de diversidad y estructura genética, se sugiere la existencia de tres unidades de conservación. La matriz de locus outliers revela una unidad genética en la que podrían estar operando procesos de selección local: la UC Fundo Las Corrientes, que agrupa a las localidades de Fundo Las Corrientes y Fundo Cordillera, pese a presentar distintos niveles de diversidad neutral. Esta matriz de locus outliers evidencia una baja variabilidad genética y un número reducido de alelos comunes, un aspecto clave en conservación al reflejar la rareza genética de cada localidad. Esta relación también se ve

respaldada por el valor de  $F_{st}$  para par de poblaciones ( $F_{st} = 0.020$ ), lo que sugiere que comparten adaptaciones locales similares. Además, la presencia de alelos privados y bandas localmente comunes refuerza la relevancia para la conservación de cada población, ya que incluso aquellas con menor diversidad pueden albergar variantes genéticas únicas no compartidas con otras poblaciones.

La segunda unidad de conservación, Chivilingo, a pesar de contar con pocos individuos, presenta una alta estructuración genética, evidenciada por la presencia de alelos privados significativos. Además, su hábitat se encuentra fuertemente degradado, con un cerro en proceso de desprendimiento que amenaza con hacer desaparecer esta población. Por ello, resulta crucial considerar estrategias de conservación ex situ para UC y así asegurar su preservación.

Tercera unidad de conservación, Molino de Sol, si bien no es la población con mayor variabilidad genética, presenta un alto número de individuos y valores significativos o considerables de heterocigosidad comparada con el resto de las poblaciones, lo cual es importante para preservar la diversidad genética de esta especie (Allendorf, et al., 2012), lo que resalta la importancia de estrategias de conservación en esta UC.

Complementario a la determinación de unidades UC se sugieren las siguientes estrategias de restauración para *Gaultheria renjifoana*: el establecimiento de bancos de semillas, la recolección de individuos y la reproducción en vivero con reinserción en sus respectivas unidades de conservación. Los bancos de semillas permiten la preservación de la diversidad genética a largo plazo y proporcionan material para futuras reintroducciones. También se sugiere el estudio del empleo de germoplasma para su conservación ex situ y posterior reintroducción en su hábitat natural como se hizo en la especie *Carica chilensis* (Cartes & Soto, 2024).

## CONCLUSIÓN.

El análisis combinado de variabilidad genética neutral y adaptativa en *Gaultheria renjifoana* permitió identificar una estructura poblacional compleja, reflejo tanto de procesos históricos como de presiones selectivas actuales. Mientras los marcadores neutrales evidencian una fuerte diferenciación entre localidades debido al aislamiento y la deriva genética, los locus adaptativos revelan señales de selección local que refuerzan la existencia de agrupamientos genéticos funcionales. Estos hallazgos respaldan la aceptación de la hipótesis alternativa, al evidenciar patrones genéticos que reflejan tanto conectividad limitada como procesos de adaptación local.

Con base en los resultados obtenidos, se propuso la delimitación de tres unidades de conservación (UC):

Unidad de Conservación 1: Fundo Las Corrientes (que incluye también a Fundo Cordillera por su agrupamiento genético adaptativo),

Unidad de Conservación 2: Chivilingo

Unidad de Conservación 3: Molino del Sol.

Cada una de estas unidades presenta características genéticas distintivas que aportan al potencial evolutivo de la especie y deben ser consideradas prioritarias para la gestión y conservación.

La integración de ambos tipos de marcadores no solo permitió una delimitación más precisa de unidades de conservación, sino que también subraya la importancia de proteger tanto la diversidad genética histórica como las adaptaciones emergentes frente a cambios ambientales. Considerando los patrones detectados y la evidencia de rareza genética, se recomienda implementar acciones de conservación específicas para cada unidad, incluyendo la creación de bancos de semillas, reproducción en viveros y programas de reintroducción. En conjunto, estos enfoques contribuirán significativamente a la preservación a largo plazo de *G. renjifoana*, una especie críticamente amenazada y con alto valor ecológico y evolutivo.

Por último, hay que mencionar que este trabajo entrega información relevante en el contexto mundial de generar información desde el punto de vista genético para la

conservación, ya que destaca la importancia crucial de adoptar indicadores de diversidad genética en el proceso de evaluación de especies (Hunter, 2023).

## BIBLIOGRAFÍA.

1. Allendorf, F. W., Luikart, G., & Aitken, S. N. (2007). Conservation and the genetics of populations. *Mammalia*, 189-197.
2. Allendorf, F. W., Luikart, G., & Aitken, S. N. (2012). Conservation and the genetics of populations (2nd ed.). Wiley-Blackwell.
3. Bemmels, J. B., Starko, S., Weigel, B. L., Hirabayashi, K., Pinch, A., Elphinstone, C., Dethier, M. N., Rieseberg, L. H., Page, J. E., Neufeld, C. J., & Owens, G. L. (2025). Population genomics reveals strong impacts of genetic drift without purging and guides conservation of bull and giant kelp. *Current Biology*.
4. Allendorf F. W., Funk W. C., Aitken S. N., Byrne M., Luikart G (2022) Conservation and the genomics of populations, 3rd edition. *Evolutionary Applications*, 15(12), 1965-1966.
5. Cartes, J. H., & Soto, S. S. (2024). Propagación de *Carica chilensis*, especie endémica, vulnerable y amenazada del norte de Chile: Un avance para su conservación. *Ciencia & Investigación Forestal*, 73-84.
6. Castillo, M; Garfias, R; Julio, G & González, L. (2012) Análisis de grandes incendios forestales en la vegetación nativa de Chile. *Interciencia*, vol. 37, núm. 11, pp. 796-804.
7. Coates, S. E. R., Comeault, A. A., Wood, D. P., Fay, M. F., Creer, S., Osborne, O. G., Dunning, L. T., & Papadopulos, A. S. T. (2025). Plastic responses to past environments shape adaptation to novel selection pressures. *Proceedings Of The National Academy Of Sciences*, 122(5).
8. CONAF (Corporación Nacional Forestal, CL). (2023). Plantaciones forestales. Consultado 25 de mayo 2024.
9. Danecek, P., Auton, A., Abecasis, G., Albers, C. A., Banks, E., DePristo, M. A., Handsaker, R. E., Lunter, G., Marth, G. T., Sherry, S. T., McVean, G., & Durbin, R. (2011b). The variant call format and VCFtools. *Bioinformatics*, 27(15), 2156-2158.
10. Diamond, J.M. (1984a). "Normal" extinctions of isolated population. Pages 191-245 in Nitecki.
11. Díaz, R. C., González, M. G., Cruces, F. A., Arias, S. G., & Saavedra, V. P. (2021). Análisis de diversidad y estructura genética de poblaciones de *Prosopis chilensis*

- entre las provincias de Chacabuco y San Felipe de Aconcagua, usando marcadores moleculares microsátélites. *Bosque (Valdivia)*, 42(3), 371-382.
12. Eaton DA, Overcast I (2020) ipyrad: Ensamblaje y análisis interactivo de conjuntos de datos RADseq. *Bioinformática* 36:2592–2594.
  13. Evanno, G., Regnaut, S., Goudet, J. (2005). Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study. *Molecular Ecology* 14: 2611-2620.
  14. Excoffier, L., Laval, G., Schneider, S. (2005). Arlequin (VERSION 3.0): An integrated software package for population genetics data analysis. *Evolutionary Bioinformatics Online* 1: 47-50.
  15. Frankham, R. (2010). Challenges and opportunities of genetic approaches to biological conservation. *Biological Conservation*, 143(9).
  16. Fraser, D. J., & Bernatchez, L. (2001). Adaptive evolutionary conservation: towards a unified concept for defining conservation units. *Molecular Ecology*, 10(12), 2741-2752.
  17. Feng, X., Jiang, G., & Fan, Z. (2015). Identification of outliers in a genomic scan for selection along environmental gradients in the bamboo locust, *Ceracris kiangsu*. *Scientific Reports*, 5(1).
  18. Fuentes, G., F. González, J. Saavedra, P. López-Sepúlveda, P. F. Victoriano, T. F. Stuessy, and E. Ruiz-Ponce.(2021). Assessing signals of selection and historical demography to develop conservation strategies in the Chilean emblematic *Araucaria araucana*. *Sci Rep* 11. Nature Research.
  19. Funk W.C., McKay J., Hohenlohe P.A., Allendorf F.W. (2012). Harnessing genomics for delineating conservation units. *Trends in Ecology and Evolution*. 27 (9): 489-496.
  20. Garrido-Garduño, T., & Vázquez-Domínguez, E. (2013). Métodos de análisis genéticos, espaciales y de conectividad en genética del paisaje. *Revista Mexicana de Biodiversidad*, 84(3), 1031-1054.
  21. Ghazoul, J., Burivalova, Z., Garcia-Ulloa, J., & King, L. A. (2015). Conceptualizing forest degradation. *Trends In Ecology & Evolution*, 30(10), 622-632.

22. Georges A., Gruber B Unmack P, Berry O. (2019). Introduction to dartR. User Manual 51: 1–41.
23. Günther, T., & Coop, G. (2013). Robust Identification of Local Adaptation from Allele Frequencies. *Genetics*, 195(1), 205-220.
24. Haddad, M., Brudvig, A., Clobert, J., Davies, F., Gonzalez, A., Holt, D., Lovejoy, E., Sexton, O., Austin, P., Collins, D., Cook, M., Damschen, I., Ewers, M., Foster, L., Jenkins, N., King, J., Laurance, F., Levey, D. J., Margules, C. R., & Townshend, J. R. (2015). Habitat fragmentation and its lasting impact on Earth’s ecosystems. *Science Advances*, 1(2).
25. Hunter, P. (2023). Genetics against extinction. *EMBO Reports*, 24(7).
26. Jiménez, P., & Collada, C. (2000). Evaluation of genetic diversity and its use in conservation programmes. *Forest Systems*, 9(4), 237-248.
27. Jump, A., Marchant, R., Penuelas, J., 2009. Environmental change and the option value of genetic diversity. *Trends Plant Sciences*, 14:51–58.
28. Kardos, M., Armstrong, E. E., Fitzpatrick, S. W., Hauser, S., Hedrick, P. W., Miller, J. M., Tallmon, D. A., & Funk, W. C. (2021). The crucial role of genome-wide genetic variation in conservation. *Proceedings Of The National Academy Of Sciences*, 118(48).
29. Keith, A., Rodríguez, P., Rodríguez-Clark, M., Nicholson, E., Aapala, K., Alonso, A., Asmussen, M., Bachman, S., Basset, A., Barrow, G., Benson, J. S., Bishop, M. J., Bonifacio, R., Brooks, T. M., Burgman, M. A., Comer, P., Comín, F. A., Essl, F., Faber-Langendoen, D., Zambrano-Martínez, S. (2013). Scientific Foundations for an IUCN Red List of Ecosystems. *PloS One*, 8(5), e62111.
30. Lara, A., Solari, M. E., Prieto, M. del R., & Peña, M. P. (2012). Reconstruction of vegetation cover and land use ca. 1550 and their change towards 2007 in the Valdivian Rainforest Ecoregion of Chile (35°- 43°30’S). *Bosque*, 33(1), 13–23.
31. Lara, A., Urrutia-Jalabert, R., Reyes, R., González, M.E. Miranda, M., Altamirano, A. Zamorano-Elgueta, C. (2019) (en prensa). Bosques Nativos. En: Informe País, Estado del Medio Ambiente en Chile. Instituto de Asuntos Públicos. Centro de Análisis de Políticas Públicas. Universidad de Chile. Santiago, Chile.

32. Lindenmayer, D., & Fischer, J. (2006). Fragmentación del hábitat y cambio de paisaje: una síntesis ecológica y de conservación. Washington, DC, EE. UU: Island Press.
33. 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
34. Mace, M., Collar, N. J., Gaston, K. J., Hilton-Taylor, C., Akcakaya, H. R., Leader-Williams, N., Milner-Gulland, E. J., & Stuart, S. N. (2008). Quantification of Extinction risk: IUCN's systems for classifying threatened species. *Conservation Biology* 22 (6): 1424 – 1442.
35. Martínez Calvo, D. (2023). Evaluando cambio evolutivo rápido en una planta especialista en yeso mediante un experimento de resurrección (Trabajo Fin de Grado, Universidad Rey Juan Carlos).
36. Mattera, MG, Pastorino, MJ, Lantschner, MV. (2020) Diversidad genética y estructura poblacional de *Nothofagus pumilio* , especie fundamental de los bosques patagónicos: definición de áreas prioritarias de conservación y gestión. *Sci Rep* 10 , 19231 .
37. Ministerio del Medio Ambiente. (2019). Ficha de antecedentes *Gaultheria renjifoana* (11RCE05 PAC). Clasificación de Especies.
38. Morgil, H.; Can Gercek, Y.; Tulum, I. (2020). Single nucleotide polymorphisms (SNPs) in plant genetics and breeding. In *The Recent Topics in Genetic Polymorphisms*; IntechOpen: London, UK, 2020; pp. 400–825.
39. Muñoz-Schick, M. 1987. Fundamentos para la revalidación de *Gaultheria renjifoana* Phil. (Ericaceae). *Gayana Botánica* 44 (1-4): 33 – 37.
40. Nishimura, K., Motoki, K., Yamazaki, A., Takisawa, R., Yasui, Y., Kawai, T., Ushijima, K., Nakano, R., & Nakazaki, T. (2022). MIG-seq is an effective method for high-throughput genotyping in wheat (*Triticum* spp.). *DNA Research*, 29(2).
41. Peakall, R., Smouse, P.E. (2006). GENALEX (VERSION 6): genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. *Molecular Ecology* 6: 288 - 295.

42. Pereira, H. M., Leadley, P. W., Proenca, V., Alkemade, R., Scharlemann, W., Fernández-Manjarres, J. F., Araujo, M.B., Balvanera, P., Biggs, R., Cheung, W., Chini, I., Cooper, H. D., Gilman, E., Guenette, S., Hurtt, C., Huntington, H., Mace, G., Oberdorff, T., Revenga, C., Rodrigues, P., Scholes, R., Sumaila, U & Walpole, M. (2010). Escenarios para la biodiversidad global en el siglo XXI. *Ciencia* 330, 1496-1501.
43. Pimm, S. L., Jones, H. L., & Diamond, J. (1988). On the Risk of Extinction. *The American Naturalist*, 132(6), 757-785.
44. Pritchard, J. K., Stephens, M., & Donnelly, P. (2000). Inference of Population Structure Using Multilocus Genotype Data. *Genetics*, 155(2), 945-959.
45. Rabinowitz D. (1981). Seven forms of rarity. In: Synge H. (ed.). *The biological aspects of rare plant conservation*, pp: 205–217. Wiley, New York.
46. Rellstab, C., Gugerli, F., Eckert, A. J., Hancock, A. M., & Holderegger, R. (2015). A practical guide to environmental association analysis in landscape genomics. *Molecular Ecology*, 24(17), 4348-4370.
47. Sala, O., Chapin, F., Armesto, et al. (2000). Global biodiversity scenarios for the year 2100. *Science* 287(5459): 1770-1774.
48. Savolainen, O., Lascoux, M., & Merilä, J. (2013). Ecological genomics of local adaptation. *Nature Reviews Genetics*, 14(11), 807-820.
49. Stadler, P., Stephens, C., (2002). Landscapes and Effective Fitness. *Comments. Theoretical Biology*, 8:389-431.
50. Teillier, S. & Escobar, F. (2013). Revisión del Género *Gaultheria* L. (Ericaceae) En Chile. *Gayana. Botánica*. 70(1), 136-153.
51. Vincent, B., Dionne, M., Kent, M. P., Lien, S., & Bernatchez, L. (2013). Landscape Genomics in Atlantic salmon (*Salmo salar*): Searching for gene-environment interactions driving local adaptation. *Evolution*, 67(12), 3469-3487.
52. Vogler, A. P., & Desalle, R. (1994b). Diagnosing Units of Conservation Management. *Conservation Biology*, 8(2), 354-363.
53. Wang, C., Wan, J., Zhang, Z., & Zhang, G. (2016). Identifying appropriate protected areas for endangered fern species under climate change. *SpringerPlus*, 5(1).

54. Waples, R. S. (1991). Genetic interactions Between Hatchery and Wild Salmonids: Lessons from the Pacific Northwest. *Canadian Journal Of Fisheries And Aquatic Sciences*, 48(S1), 124-133.
55. Willi, Y., Van Buskirk, J., Schmid, B., & Fischer, M. (2006). Genetic isolation of fragmented populations is exacerbated by drift and selection. *Journal Of Evolutionary Biology*, 20(2).