



Efectos del cambio en el uso del suelo y la extracción de hojas y corteza sobre la diversidad genética y el estado de conservación del Quillay

Proyecto Conaf N° 041/2011

Informe Final

Alexandra Stoll y Luis E. Letelier Galvez

Octubre 2013

Contacto: alexandra.stoll@ceaza.cl, lealg79@gmail.com

1. Resumen

En Chile, la zona mediterránea abarca aproximadamente desde el Norte Chico hasta la Araucanía (32° a 40° latitud Sur) y forma parte del hotspot (punto caliente) chileno de biodiversidad llamado “Chilean winter rainfall-Valdivian forests”. En esta zona habita Quillaja saponaria Molina (Quillay), un árbol endémico de Chile típico de los bosques esclerófilos. Aspectos sobre su biología y ecología son bastante desconocidos. El Quillay es conocido por ser una especie melífera. Pero su principal característica biológica, y la cual le ha valido que sea conocida mundialmente, es la presencia de saponinas. La extracción de corteza y hojarasca, para la extracción de saponinas, en conjunto con el cambio de uso de suelo hacia plantaciones agrícolas (plantaciones de Palto), llevaron al Quillay de presentar problemas de conservación.

En esta propuesta se evalúo el estado de conservación de Quillay y la viabilidad poblacional, combinando métodos de ciencias de vegetación, biología molecular y modelación de nichos. Apuntamos a desarrollar un propuesta de conservación y usamos el Quillay como especie representativa para el ecosistema de los bosques esclerófilos a los cuales pertenece. En este sentido, se analizó la diversidad genética del Quillay en su área de distribución, aplicando marcadores de cloroplasto altamente variables y de SSR (microsatélites). Los resultados reflejan una concentración de su diversidad en el centro sur del área de distribución (Regiones O’Higgins, Maule y BioBio), zona que presenta fuertes cambios de uso de suelo. Esta situación puede reducir los flujos genéticos existentes (intercambio) entre las poblaciones del Quillay y aumentar los efectos de la fragmentación. En paralelo se realizó una modelación el nicho climático de la especie (utilizando MAXENT), bajo condiciones climáticas actuales y futuras (en dos escenarios de cambio climático), considerando nuevamente el cambio de uso de suelo.

Finalmente hemos definido el estado de conservación y un portafolio de conservación que propone sitios prioritarios para la conservación de la especie.

Consideramos, que esta propuesta contribuye a implementar nuevas estrategias de conservación, regeneración y uso sustentable de los recursos nativos e impulsará políticas de aprovechamiento sustentable de este recurso natural. Finalmente, se elaborará la ficha de clasificación para ser presentada al Comité de Clasificación de Especies de las autoridades ambientales del estado de Chile (e.g., Corporación Nacional Forestal (CONAF), Ministerio de Medio Ambiente (MMA)).

2. Introducción

2.1. Biología y Ecología del Quillay.

Quillaja saponaria Molina, llamada comúnmente Quillay es un árbol endémico de Chile, que habita desde la Región de Coquimbo a la de Araucanía (Provincia de Malleco), de los 32° a los 42° grados de Latitud Sur, aproximadamente (Prehn et al. 2003). Crece desde el nivel del mar hasta los 2000 m de altura, habitando de preferencia en ambientes secos y pobres en nutrientes. Recientemente fue cambiado de familia, desde Rosaceae, tribu Quillajeae a la familia Quillajaceae, con solo dos especies *Q. saponaria* y *Q. brasiliensis* (Kubitzki 2007).

Aspectos sobre su biología y ecología, son bastante desconocidos. Dentro de los aspectos ecológicos de la especie, destaca la condición de ser una especie melífera. Pero la principal característica biológica de la especie, y la cual le ha valido que sea conocida mundialmente, es la presencia de saponinas (Reiche 1898, Bate-Smith 1965, Goldblatt 1976, Navas 1976, Kubitzki 2007). Carlos Rieche señalaba, allá por el año 1898, Su corteza contiene un principio jabonoso i se esporta al extranjero. Es esta condición la que le ha valido, en conjunto con el cambio en el uso del suelo hacia plantaciones agrícolas que está sufriendo, donde solo para el caso del Palto hemos duplicado la superficie plantada en menos de 10 años (ODEPA 2011), las que han llevado a la especie a presentar problemas de conservación. Ya lo señalaba Iván Benoit (1989) y Squeo y colaboradores (2001), al considerarla como una especie Vulnerable en el límite norte de su distribución, señalando que estaba siendo afectada por destrucción de hábitat, explotación de su corteza y hojas para cosmética y medicina (Squeo et al. 2001).

2.2. Diversidad Genética del Quillay.

La biodiversidad de una región o país – vista como la variedad y variabilidad entre los organismos vivos y los complejos ecológicos que los organismos forman (OTA 1987) - compone su capital biológico o su herencia natural. Esta biodiversidad, sirve entonces como una suerte de canasta de soluciones biológicas (Squeo et al. 2008), con las que las plantas o animales enfrentan los cambios climáticos o las interacciones con plagas y enfermedades.

Respecto de la diversidad de Quillay, es muy poco lo que se sabe, no existen estudios sobre la diversidad genética de la especie. No obstante, el trabajo de Morgan y colaboradores (1994) a partir del estudio de secuencias rbcL dentro de la familia Rosaceae, mostraron que el género *Quillaja*, al cual pertenece el Quillay, no era representante ni de la subfamilia Spiraeoideae ni de la familia Rosaceae, de la cual siempre había sido considerado miembro. Estos hallazgos, aunque importantes, no pueden ser los únicos que se conozcan de la especie, urge realizar estudios sobre la diversidad genética de la especie, y así conocer las implicancias, por ejemplo biogeográficas de la especie o para aclarar problemas sistemáticos, tal y como en parte lo hizo el estudio de Morgan y colaboradores (1994).

Los aportes que se pueden obtener a partir de los estudios de diversidad genética, son variados y entregan información muy valiosa relacionada con las interacciones que se pueden dar dentro de una especie; como ejemplo: Lander y colaboradores (2009) demostraron que para el caso de Queule (*Gomortega keule* (Molina) Baillón) el flujo de polen era realizado por sírfidos (pequeñas mosquitas) y que el polen

viajaba como máximo 500 metros; demostrando a la vez el valor que los árboles aislados tenían en la mantención de la diversidad de la especie, ya que servían de puentes biológicos que comunicaban diferentes fragmentos. Si Tomamos en cuenta lo que señalaron Lander y colaboradores (2009), nos hace cambiar de paradigma, ya que nos lleva a replantearnos el diseño de las áreas prioritarias, al deber considerar la matriz que las rodea y a reconsiderar como definimos el estado de conservación de una especie.

Esto mismo, si es repetido e investigado en el Quillay, nos podría evidenciar el efecto que está teniendo la fragmentación de la que está siendo víctima el Quillay, por el cambio en el uso del suelo hacia plantaciones forestales y cultivos agrícolas, o los efectos en la pérdida de diversidad genética, si es que estuvieran sucediendo, a causa de la fragmentación.

2.3. El Quillay dentro del Hotspot de Biodiversidad de Chile.

Los hotspot o “puntos calientes” de biodiversidad se definen como regiones que contienen concentraciones excepcionales de especies nativas pero están experimentando rápidas pérdidas de su hábitat natural. Actualmente se conocen mundialmente 34 hotspots (Mittermeier et al. 2004), nueve de los cuales se encuentran en el continente Americano. Uno de los 2 hotspot chilenos es el llamado “Chilean winter rainfall-Valdivian forests”, ubicado principalmente en Chile central, donde el Quillay es una de sus especies formadoras (Arroyo et al. 2004).

Este hotspot, de Norte a Sur, incluye los desiertos de lluvia de invierno del Norte Chico hasta Paposo, la flora altoandina que se desarrolla por sobre la línea arbórea o su equivalente fitogeográfico en la Cordillera de los Andes, el bosque esclerófilo y matorrales del área de clima mediterráneo de Chile central, los bosques deciduos dominados por varias especies del género *Nothofagus* (conocidas como Coigüe, Hualo, Lengua, Roble, Ruil) y los bosques lluviosos tipos Norpatagónico y Valdiviano (Hoffmann et al. 1998). En este contexto que se desarrolla el Quillay, inserto en la principal área productiva del país y por ende, con la mayor tasa de transformación del bosque nativo hacia plantaciones forestales o agrícolas y con los mayores índices demográficos del país, se vislumbra un futuro poco prometedor no solo para los bosques esclerófilos sino para todas las formaciones vegetales que aquí se desarrollan, esto debido en parte a la necesidad de expansión de las ciudades sino también por los modelos de cambio climático, que muestran un desplazamiento de la zonas áridas típicas del Norte Chico hasta las intermedias de Santiago o quizás un poco más al Sur (CONAMA 2006).

Efectos que no han sido evaluados sobre las comunidades vegetales que en esta zona habitan, pretendemos realizar modelos de nicho actuales y futuros para Quillay, estos modelos a futuro serán los primeros en su tipo para una especie chilena y nos entregara información de vital de la dinámica biogeográfica poblacional actual y futura.

Finalmente, toda la información generada en el estudio nos permitirá por primera vez en Chile, definir el estado de conservación de una especie a través de la realización de un análisis de viabilidad poblacional y no como se ha hecho tradicionalmente, que es a partir de definiciones empíricas como son el área de ocupación de la especie o la extensión de la presencia, parámetros B y C de UICN (2001).

3. Objetivos

3.1 Objetivo General

Evaluar la biología de la conservación de Quillay (*Quillaja saponaria* Molina) en las comunidades de bosque esclerófilo de Chile central (área de distribución de la especie), con base en el estudio de los patrones de diversidad de las comunidades de bosque esclerófilo, en la diversidad y estructura genética de las poblaciones de Quillay.

3.2. Objetivos Específicos

1. Evaluar el grado de perturbación y/o conservación de las comunidades de bosque esclerófilo donde está presente el Quillay.
2. Analizar la diversidad y estructura genética de las poblaciones de Quillay a través de su área de distribución, para determinar la influencia de los patrones de fragmentación sobre el aislamiento poblacional.

4. Métodos

4.1. Trabajo de Campo:

4.1.1.- Patrones biológicos de diversidad de las comunidades de Quillay (*Quillaja saponaria*)

En cada sitio visitado se identificaron las especies presentes en la comunidad (i.e., árboles, arbustos, hierbas anuales y bi-anuales) y se definió su cobertura mediante la realización de transectos de 100 m (Kent & Coker 1992). Se obtuvo así una matriz florística de muestras de bosque esclerófilo × especies. A partir de dicha matriz se caracterizaron grupos de bosques esclerófilos a partir de un análisis de clasificación de conglomerados jerárquicos.

Se consideraron cuatro elementos corológicos: endémico (distribución geográfica restringida), mediterráneo occidental, flora del cono sur y cosmopolita, en los que se incluyó las especies leñosas presentes en los inventarios en función de su distribución geográfica. Dicha distribución geográfica se obtuvo a partir de información corológica usada en Floras estándar. A partir de esta información se determinaron los patrones biogeográficos de abundancia relativa de cada uno de los elementos corológicos en los distintos tipos de bosque esclerófilo. La información recopilada permitió evaluar el estado de conservación de los diferentes bosquetes analizados, además de permitir aplicar las directrices de la UICN (2001) a la evaluación del estado de conservación de Quillay.

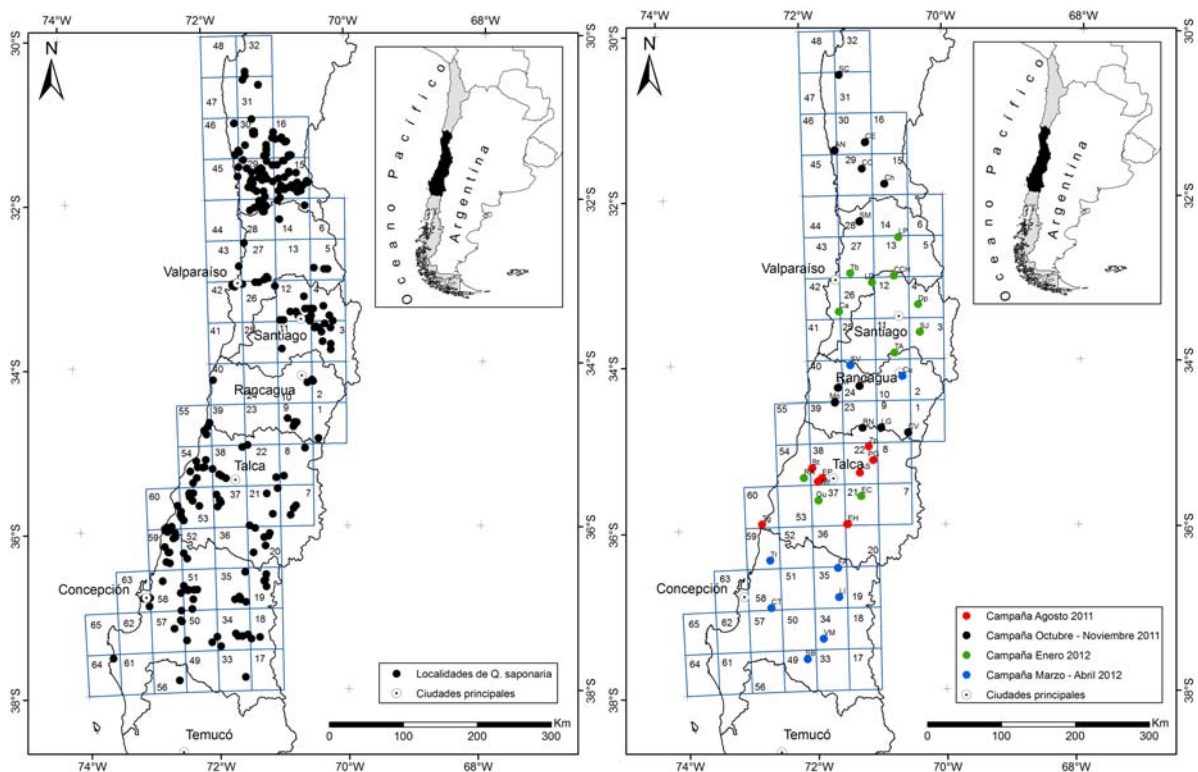


Figura 4.1 – Selección de sitios de muestreo para análisis de diversidad genética de Quillay. Izquierda: Poblaciones naturales según registros de herbario; Derecha: Selección representativa por cuadrante

4.1.2.- Colectas de material genético de las poblaciones de Quillay

El área de trabajo en el centro-sur de Chile se extiende entre 32° a 40° latitud Sur, aproximadamente las provincias de Coquimbo a Malleco (IV a IX Regiones). En esta área se realizó un muestreo representativo de 39 poblaciones de Quillay considerando (Figura 4.1). De cada población se colectó un número estadísticamente relevante de 15 individuos (exceptuando: Chillepin, Cerro Gupo, Los Patos, Chorro de la vieja) (Tabla 4.1).

Tabla 4.1 – Listado de las 39 poblaciones de Quillay muestreadas en este estudio

Región	Nombre Localidad	Código Localidad	Latitud Sur	Longitud Oeste	Altura (promedio)	Núm. Ind. (ADN)
Región de Coquimbo	Angostura	AN	31°27'00"	71°31'32"	341	15
	Cuesta Los Cristales	CC	31°40'43"	71°08'41"	669	15
	Cuesta El Espino	CE	31°21'28"	71°05'26"	1.413	15
	Chillepin	Ch	31°52'01"	70°49'34"	749	9
	Santa Cristina	SC	30°32'02"	71°26'41"	200	15
Región de Valparaíso	Casablanca	Ca	33°24'35"	71°31'02"	226	15
	Cuesta La Dormida	LD	33°03'45"	71°01'49"	894	15
	Los Patos	LP	32°31'08"	70°38'19"	1.205	10
	Santa Marta	SM	32°19'07"	71°11'35"	200	15
	Tabolango	Tb	32°56'52"	71°20'33"	213	15
Región Metropolitana de Santiago	Cuesta Chacabuco	CCH	32°59'06"	70°42'40"	995	15
	Camino a La Disputada	Dp	33°20'15"	70°21'54"	1.642	15
	San José de Maipo	SJ	33°40'22"	70°20'45"	1.157	15
Región de O'Higgins	Coya	Cu	34°12'19"	70°36'33"	904	15
	Chorro de la Vieja	CV	34°53'05"	70°32'16"	1.283	11
	La Gatera	LG	34°49'12"	70°56'03"	449	15
	Los Maitenes	LM	34°20'05"	71°33'33"	189	15
	Fundo La Rosa	LR	34°19'10"	71°14'28"	390	15
	Sector Molineros	Mo	34°30'18"	71°36'34"	343	15
	Rinconada de Navarro	RN	34°49'09"	71°12'34"	275	15
	Cuesta San Vicente	SV	34°03'50"	71°22'11"	277	15
	Tunel Angostura	TA	33°55'12"	70°43'09"	598	15
Región del Maule	Astillero	AS	35°21'48"	71°15'48"	303	15
	Cuesta Batuco	Bt	35°17'46"	71°58'14"	267	15
	El Colorado	EC	35°38'53"	71°15'12"	473	15
	Vuelta El Horno	EH	35°59'07"	71°28'01"	439	15
	Fundo El Peral	EP	35°25'10"	71°49'40"	81	15
	Camino a Cerro Gupo	Gu	35°41'20"	71°53'28"	390	12
	El Morro	Mr	35°27'33"	71°53'25"	258	15
	Potrero Grande	PG	35°12'51"	71°03'41"	491	15
	Risco Afuera	RA	35°24'42"	72°05'56"	245	15
	Tregualemu	Tg	35°57'25"	72°44'48"	10	15
	Zapallar	Zp	35°02'48"	71°07'26"	288	15
Región del Bío-Bío	Cuesta Tomeco	CT	36°58'29"	72°39'18"	205	15
	San Fabián de Alicó	FA	36°30'52"	71°37'37"	450	15
	La Invernada	LI	36°52'11"	71°37'20"	808	15
	Santa Barbara	SB	37°36'37"	72°07'42"	200	15
	Trehuaco	Tr	36°23'56"	72°38'44"	143	15
	Villa Mercedes	VM	37°22'08"	71°52'33"	406	15
Total de Individuos con ADN extraído						567

La dispersión de estas poblaciones en el centro-sur de Chile considera la distribución dispareja de la vegetación nativa del sector, la cual se concentra en la cordillera costera y los Andes. En contraste, el valle central está principalmente ocupado por tierras agrícolas y poblados.

4.2. Trabajo de Laboratorio:

Los trabajos en laboratorio de Biología Molecular se realizaron en las dependencias de dos instituciones: el Centro de Estudios Avanzados en Zonas Áridas y el Centro de Investigaciones en Ecosistemas, Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM), México. La evaluación de la diversidad genética del Quillay se basa en la colaboración entre ambos equipos de investigadores involucrados en el proyecto.

4.2.1.- Extracción de ADN

Para la extracción del ADN genómico se aplicó la metodología estándar CTAB, cuyos pasos se detallan a continuación:

- 1.- Disponer del material vegetal triturado en tubos eppendorf de 1.5 mL y añadir 700 μ L de Buffer CTAB + 2% v/v β -mercaptoetanol. Incubar por 30 minutos a 65°C con agitación y mezclar por inversión cada 10 minutos.
- 2.- Añadir 700 μ L de Cloroformo:Alcohol Isoamílico (24:1). Agitar y centrifugar durante 10 minutos a 13.000 rpm a 4°C.
- 3.- Recuperar el sobrenadante y llevar a tubos eppendorf de 1.5 mL. Añadir igual volumen (700 μ L) de Isopropanol a -20°C. Homogenizar y dejar precipitando el ADN durante toda la noche a -20°C.
- 4.- Al día siguiente, centrifugar durante 10 minutos a 13.000 rpm a 4°C. Eliminar el sobrenadante cuidando el pellet. Dejar los tubos invertidos secando el pellet durante 2 horas.
- 5.- Resuspender con 100 μ L de agua estéril a 37°C y agregar 1 μ L de RNAasa e incubar 15 minutos a 37°C. Posteriormente, agregar 100 μ L de Cloroformo:Alcohol isoamílico (24:1) y centrifugar durante 10 minutos a 13.000 rpm a 4°C.
- 6.- Recuperar el sobrenadante y agregar 2.5 volúmenes de Etanol Absoluto a -20°C y dejar precipitando durante toda la noche a -20°C o durante 30 minutos a -80°C.
- 7.- Centrifugar durante 10 minutos a 13.000 rpm a 4°C y eliminar el sobrenadante cuidando el pellet. Dejar los tubos invertidos secando el pellet.
- 8.- Resuspender el pellet (ADN) en 50 – 100 μ L de agua estéril y almacenar a -20°C.

Posteriormente se realizaron varios análisis de control de calidad de ADN extraído, p.ej. geles de agarosa (fragmentación) y mediciones con NanoDrop (pureza). En este paso, se redujo el número de 567 muestras colectadas en terreno a 516 muestras de ADN con una calidad de ADN apta para los propósitos del proyecto.

4.2.2.- Diversidad genética de Quillay (*Q. saponaria*)

El análisis de diversidad genética del Quillay se consideró dos metodologías complementarias e independientes:

1) Marcadores de cloroplasto (cpSSR):

Se utilizaron diferentes marcadores no-codificantes y rápidamente evolutivos (p.ej. *trnT-trnF*, *trnK/matK*, *psbA-trnH*, *trnL-rpl32F*), usados especialmente para reconstrucciones de filogenias y filogeografías en angiospermas (Weising & Gardener 1999, Shaw et al. 2007, Worberg et al. 2007, Wicke & Quandt 2009, Fehlberg & Ranker 2009). De los 10 marcadores universales de cloroplasta (cpSSR) considerados originalmente, solamente 3 marcadores (5' *al trnS*, *atpB-rbcL* intergenic, *rpl2-rps19* intergenic) demostraron suficiente variabilidad en nuestro análisis (Tabla 4.2).

Tabla 4.2 – Secuencias de los marcadores usados (cpSSR, SSR)

Código cpSSR	Tamaño fragmento pb		Secuencia	Ubicación
	reportado	registrado		
ccmp2	189	200 - 216	5'-CAGGTAAACTTCTCAACGGA-3' 5'-CCGAAGTCAAAAGAGCGATT-3'	5' to trnS
ccmp7	133	139-153	5'-CAACATATACTACTGTCAAG-3' 5'-ACATCATTATTGTATACTCTTTC-3'	atpB-rbcL intergenic
ccmp10	103	142 - 147	5'-TTTTTTTTTTAGTGAACGTGTCA-3' 5'-TTCGTCGDCGTAGTAAATAG-3'	rpl2-rps19 intergenic

Código SSR	Tamaño fragmento pb		Secuencia	
	reportado	registrado		
Qsa16	220	184 - 230	5'-AACCGTCTCAACCACATACA-3' 5'-GGAAGAGGGTGAAAATGAAA-3'	
Qsa17	142	107 - 150	5'-TTGGGGTATGAAAACATTGA-3' 5'-AAAGGCATTCCCACATAAAG-3'	
Qsa18	117	106 - 125	5'-TGGAGCTAGGTTACTCGTTGG-3' 5'-AAGCCACGATTCATACATTTCA-3'	
Qsa70	131	85 - 129	5'-TTTGGAGCTGGTGATGTGAA-3' 5'-AATACCGGACAACCATGAGG-3'	

Las reacciones de PCR fueron realizadas con el programa de termociclador detallado en Tabla C.3. El largo de fragmento (tamaño) fue determinado en un secuenciador de Applied Biosystems (ABI Prisma 3100, capilar electrophoresis). Posteriormente los datos fueron analizados usando los programas: Arlequin (Version 3.5.1.) para estimadores genéticos y AMOVA; cpPermut (Version 2.0) para calcular estimadores genéticos (p.ej. FST); Network (Version 4.6.1.1) para la generación de la red de haplotipos.

Tabla 4.3 – Programas de thermociclador usados para las reacciones de PCR en los dos sistemas de marcadores (cpSSR y SSR)

cpSSR (Weising & Gardener 1999)		SSR nuclear	
94°C por 5 min.		94°C por 5 min.	
94°C por 1 min.	30 ciclos	95°C por 1 min.	11 ciclos
47,8°C por 1 min.		Touchdown 64 a 59°C por 1 min.	
72°C por 1 min.		72°C por 1 min.	
72°C por 8 min.		95°C por 1 min.	10 ciclos
∞ 15°C		58°C por 1 min.	
		72°C por 1 min.	
		95°C por 1 min.	10 ciclos
		57°C por 1 min.	
		72°C por 1 min.	
		72°C por 5 min.	
		∞ 15°C	

2) Marcadores de microsatelite (SSR):

Se estimaron los valores de diversidad genética intrapoblacional y diferenciación genética interpoblacional a partir de la utilización de microsatélites (SSR). El desarrollo de SSR fue externalizado con un servicio (GMS, Inglaterra) y se trabajó con los 4 SSR de mejor resolución en el área de estudio (Tabla 4.2).

Las reacciones de PCR fueron realizadas con el programa de thermociclador detallado en Tabla 4.2. El largo de fragmento (tamaño) fue determinado en un secuenciador de Applied Biosystems (ABI Prisma 3100, capilar electrophoresis).

Los set de datos fueron analizados con el programa GenAlex (Version 6.5) para calcular los estimadores genéticos (p.ej. He (heterocigocidad esperada), GST, FST).

Además se obtuvo la determinación de las barreras genéticas en ambos tipos de marcadores (cpSSR y SSR) usando el programa Barriers.

A base de la combinación de ambos sistemas de marcadores proponemos caracterizar la diversidad genética de la especie de forma más exhaustiva. Apuntamos a identificar patrones y niveles de diversidad en y entra las poblaciones de Quillay muestreadas a lo largo del rango de distribución de los bosques esclerófilos de Chile central. Además pretendemos inferir el papel que juegan los patrones de tamaño y de aislamiento de los bosques esclerófilos en posibles procesos de erosión genética. Con ello podremos estimar el riesgo de extinción local de poblaciones y su importancia para esfuerzos de conservación. Esto último contribuirá a resaltar la fragilidad de los bosques esclerófilos y de *Q. saponaria*; con

el objeto de ser incorporado en los planes de manejo de futuras nuevas unidades del Sistema Nacional de Áreas Silvestres Protegidas por el Estado (SNASPE).

4.3.- Definición del portafolio de conservación y del estado de conservación del Quillay (*Q. saponaria*)

Se evaluó el nicho climático de 8 especies arbóreas endémicas de Chile (i.e., *Beilschmiedia berteroa*, *B. miersii*, *Crinodendron patagua*, *Cryptocarya alba*, *Kageneckia oblonga*, *Lithraea caustica*, *Peumus boldus* y *Quillaja saponaria*) formadoras del Bosque Esclerófilo Mediterráneo.

Se utilizó el algoritmo de Máxima Entropía (MAXENT, Phillips et al. 2006) para generar los modelos de nicho climático de las respectivas especies, con los datos de presencia obtenidos de los herbarios CONC, SGO, ULS, Herbario de la Universidad de Talca, además de las bases de datos electrónicas de GBIF y Tropicos y en aquellas especies donde el número de registros era reducido, se extrajeron registros provenientes del Catastro Vegetacional de la CONAF (Figura 4.2).

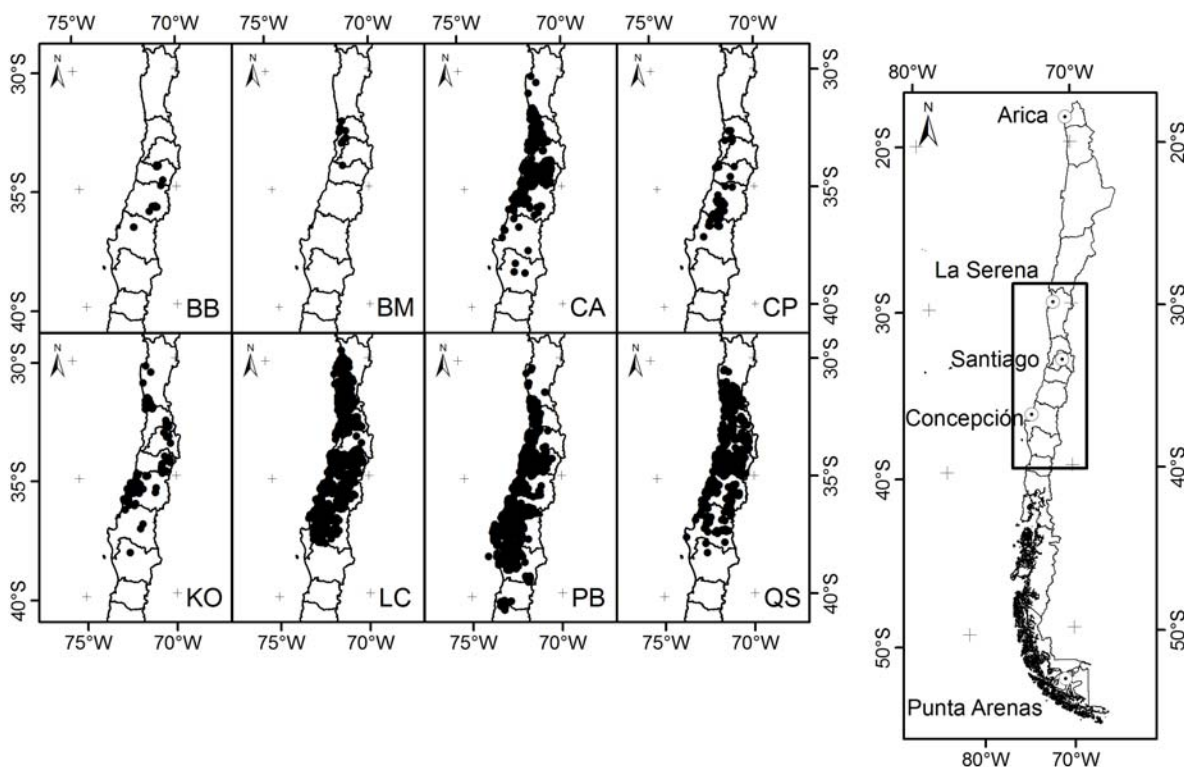


Figura 4. 2: Base de datos (Datos de presencia de las especies). BB = *Beilschmiedia berteroa*, BM = *B. miersii*, CA = *Cryptocarya alba*, CP = *Crinodendron patagua*, KO = *Kageneckia oblonga*, LC = *Lithraea caustica*, PB = *Peumus boldus* y QS = *Quillaja saponaria*.

Las variables de entrada para elaborar los modelos de nicho climático fueron las provenientes de WORLDCLIM 1.3 Bioclim Variables (Hijmans et al. 2005, Peterson & Nakazawa 2008, Graham et al. 2010, Sanchez et al. 2010, Letelier et al. 2011), trabajándose las proyecciones futuras con los modelos CCCMA-CGCM31 y CSIRO-Mk30, ambos en el escenario A1b para 2080. Obteniéndose como resultados mapas

de cada una de las especies con la probabilidad de ocurrencia actual y futura (Escenario A1B para el año 2080).

4.4. Carta Gantt:

Actividad	Trimestre								
	Nov. 11 – Ene. 12	Feb. – Abr. 2012	May. – Jul. 2012	Ago. – Oct. 2012	Nov. 12 – Ene. 13	Feb. – Abr. 2013	May. – Jul. 2013	Ago. – Oct. 2013	Nov. – Dic. 13
Salidas de Campo									
Trabajo de laboratorio – Extracción de ADN									
Trabajo de laboratorio – Diversidad genética									
Modelación de nicho actual y futuro.									
Informe de Avance									
Definición de estado de conservación									
Definición del portafolio de conservación									
Elaboración de ficha de clasificación									
Elaboración de informe final									
Difusión de resultados									

(gris: extensión del proyecto otorgada por Conaf)

5. Resultados

Ver resultados en archivo adjuntado en sección **B. Resultados Obtenidos***:

Pues no fue posible adjuntarlo a este archivo ya que al hacerlo superaba el peso máximo de los archivos a adjuntar.

6. Conclusiones

Los análisis de agrupamiento (cluster) y correspondencia muestran una alta homogeneidad en las especies acompañantes a *Quillaja saponaria*, lo que reafirma la singularidad del Bosque Esclerófilo, como vimos solo en los extremos de la distribución, localidades de Angostura (AN) en la Región de Coquimbo y La Invernada (LI) en la Región del Bio-Bio se vio a Quillay creciendo con representantes del matorral desértico costero y del bosque valdiviano, respectivamente. Solo la localidad de Risco Afuera en la costa de la Región del Maule y que se podría entender como centro de la distribución de la especie, se vio que la fuerte componente de ejemplares adultos de *Pinus radiata* hizo que esta localidad fuera separada del resto de las comunidades muestreadas.

Las formas vegetales con mayor proporción de componentes adventicios fueron las de hierbas anuales, anuales-bianuales o bi-anuales.

Los análisis de vacíos y omisiones de conservación (GAP) dejan en evidencia la escasa representación del Bosque Esclerófilo en las unidades del SNASPE y llaman a reforzar los esfuerzos en proteger este tipo de comunidad vegetal, tan representativa de la zona central de Chile.

En esta misma línea, el portafolio de conservación generado busca responder a la pregunta de cómo y donde conservar las especies y representa un primer esfuerzo. La necesidad de ampliar el Parque Nacional La Campana o las unidades del SNASPE de la cordillera de la Región del Maule es una necesidad, pues de paso se conservaría además otras especies como el propio Radal, especie emblema de Parque Nacional Radal Siete Tazas.

Si bien, los modelos de nicho climático fueron una respuesta a la imposibilidad de disponer de los planes de manejo de bosque nativo, los que se solicitaron en más de una ocasión, resultaron ser en conjunto con el análisis realizado a partir de los polígonos del catastro vegetacional de la CONAF una herramienta que demuestra la pérdida de la que esta siendo víctima el bosque esclerófilo y en particular el Quillay y muestran lo importante de realizar actualizaciones constantes del catastro.

Los análisis de diversidad genética muestran las singularidades y problemas que presenta Quillay, como son las limitantes al flujo génico y si estas particularidades se consideran, se vuelve más importante los sitios prioritarios diseñados a partir del uso de MARXAN, la ampliación de las unidades de SNASPE de la Región del Maule servirían por ejemplo para mantener un flujo génico entre las localidades que allí

crece y que como se mostró, presentan valores de heterocigosidad esperada y observada bajos.

7. Bibliografía

- ARROYO MTK, PA MARQUET, C MARTICORENA, JA SIMONETTI, LA CAVIERES, FA SQUEO & R ROZZI (2004) Chilean winter rainfall-Valdivian forests. En (Mittermeier RA., PR Gil, M Hoffmann, J Pilgrim, T Brooks, CG. Mittermeier, J Lamoreux & GAB da Fonseca, eds) Hotspots Revisted: Earth's Biologically Wealthiest and most Threatened Ecosystems: 99-103. CEMEX, México D.F.
- BATE-SMITH EC (1965) Investigation of the chemistry and taxonomy of sub-tribe Quillajaeae of the Rosaceae using comparisons of fresh and herbarium material. *Phytochemistry* 4: 535-539.
- BENOIT I (1989) Red List of Chilean Terrestrial Flora. Ministerio de Agricultura, CONAF, Santiago. x + 154 pp.
- CONAMA (Comisión Nacional del Medio Ambiente) (2006) Estudio de la Variabilidad Climática en Chile para el Siglo XXI: Informe Final. Realizado por el Departamento de Geofísica de la Universidad de Chile. Santiago de Chile. 71 pp.
- FEHLBERG SD & RANKER TA (2009). Evolutionary history and phylogeography of *Encelia farinosa* (Asteraceae) from the Sonoran, Mojave, and Peninsular Deserts. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 50: 326–335
- GOLDBLATT P (1976) Cytotaxonomic studies in the tribe Quillajaeae (Rosaceae). *Annals of the Missouri Botanical Garden* 63: 200-206.
- GRAHAM CH, N SILVA & J VELÁSQUEZ-TIBATÁ (2010) Evaluating the potential causes of range limits of birds of the Colombian Andes. *Journal of Biogeography* 37: 1863-1875.
- HIJMANS RJ, SE CAMERON, JL PARRA, PG JONES & A JARVIS (2005) Very high resolution interpolated climate surfaces for global land areas. *International Journal of Climatology* 25: 1965-1978.
- HOFFMANN A, MTK ARROYO, F LIBERONA, M MUÑOZ & J WATSON (1998) Plantas Altoandinas en la Flora Silvestre de Chile. Ediciones Fundación Claudio Gay, Santiago. 281 pp.
- KENT M & P COKER (1992). *Vegetation description and analysis. A practical approach.* Wiley, Chichester.
- KUBITZKI K (2007) Quillajaceae. En: KUBITZKI K (ed) *The Families and Genera of Vascular Plants: Flowering Plants Eudicots*: 407-408. Springer Berlin Heidelberg, Berlin, Deutschland.
- LANDER TA, SA HARRIS & DH BOSHIER (2009) Flower and fruit production and insect pollination of the endangered Chilean tree, *Gomortega keule* in native forest, exotic pine plantation and agricultural environments. *Revista Chilena de Historia Natural* 82: 403-412.
- LETELIER L, H RODRÍGUEZ-CORREA, R GARCÍA-GONZÁLEZ, A STOLL & A GONZÁLEZ-RODRÍGUEZ (2011) Análisis del nicho climático actual y futuro para especies del Bosque Esclerófilo de Chile. *Biological Research* 44 supl. A: R-126.
- MITTERMEIER RA, PR GIL, M HOFFMANN, J PILGRIM, T BROOKS, CG MITTERMEIER, J LAMOREUX & GAB DA FONSECA (2004) Hotspots Revisted:

- Earth's Biologically Wealthiest and most Threatened Ecosystems. CEMEX, México D.F.
- MORGAN DR, DE SOLTIS & KR ROBERTSON (1994) Systematic and evolutionary implications of rbcL sequence variation in Rosaceae. *American Journal of Botany* 81: 890-903.
- Oficina de Estudios y Políticas Agrarias – ODEPA (2011) Superficie plantada con frutales
<http://www.odepa.cl/servlet/articulos.ServletMostrarDetalle;jsessionid=8BB6C23F1DD4AA008FC501AE89627116?idcla=12&idn=1737> visitada 20 de Febrero de 2011.
- OTA (US Congress, Office of Technological Assessment) (1987) Technologies to maintain biological diversity. OTA-F-300. US Government Printing Office, Washington DC.
- PETERSON AT & Y NAKAZAWA (2008) Environmental data sets matter in ecological niche modelling: An example with *Solenopsis invicta* and *Solenopsis richteri*. *Global Ecology & Biogeography* 17: 135-144.
- PHILLIPS SJ, RP ANDERSON & RE SCHAPIRE (2006) Maximum entropy modeling of species geographic distributions. *Ecological Modelling* 190: 231-259.
- PREHN D, C SERRANO, CG BERRIOS & P ARCE-JOHNSON (2003) Micropropagación de *Quillaja saponaria* Mol. a partir de semillas. *Bosque (Valdivia)* 24: 3 – 12.
- REICHE C 1898 *Flora de Chile*, Vol. 2. Santiago de Chile, Editorial Cervantes.
- SANCHEZ AC, PE OSBORNE & N HAQ (2010) Identifying the global potential for baobab tree cultivation using ecological niche modelling. *Agroforestry Systems* 80: 191-201.
- SHAW J, LICKEY EB, SCHILLING EE & SMALL RL (2007). Comparison of whole chloroplast genome sequences to choose noncoding regions for phylogenetic studies in angiosperms: the tortoise and the hare III. *American Journal of Botany* 94: 275-288
- SQUEO FA, G ARANCIO & JR GUTIÉRREZ (2001) *Libro Rojo de la Flora Nativa y de los Sitios Prioritarios para su Conservación: Región de Coquimbo*. Ediciones Universidad de La Serena, La Serena, Chile. xiii + 371 pp.
- SQUEO FA, G ARANCIO, JR GUTIÉRREZ, L LETELIER, MTK ARROYO, P LEÓN-LOBOS & L RENTERÍA-ARRIETA (2008) *Flora Amenazada de la Región de Atacama y Estrategias para su Conservación*. Ediciones Universidad de La Serena, La Serena, Chile. viii + 72 pp.
- UICN (2001). *Categorías y Criterios de la Lista Roja de la UICN: Versión 3.1*. Comisión de Supervivencia de Especies de la UICN, Gland, Suiza y Cambridge, Reino Unido. II + 33 pp.
- WEISING K & RC GARDNER (1999) A set of conserved PCR primers for the analysis of simple sequence repeat polymorphisms in chloroplast genomes of Dicotyledonous Angiosperms. *Genome* 42: 9-19.

- WICKE S, QUANDT D (2009). Universal primers for amplification of the trnK/matK region in land plants. *Anales del Jardín Botánico de Madrid* 66: 285-288
- WORBERG A, QUANDT D, BARNISKE AM, LÖHNE C, HILU K & BORSCH T (2007). Evolution of eudicots based on cpDNA. *Organisms Diversity and Evolution* 7: 55-77