



Universidad de Chile
Facultad de Ciencias
Escuela de Postgrado

Patrones filogenéticos y biogeográficos de taxa arbóreos en los bosques templados del hemisferio sur

Tesis entregada a la Universidad de Chile en cumplimiento parcial de los requisitos
para optar al grado de

Magíster en Ciencias Biológicas

ÍTALO FRANCISCO TAMBURRINO WIDNER

Dra. Mary Kalin Arroyo
Directora de Tesis

Dra. Paola Jara-Arancio
Codirectora de Tesis

2019
Santiago – Chile

**FACULTAD DE CIENCIAS
UNIVERSIDAD DE CHILE
INFORME DE APROBACIÓN
TESIS DE MAGÍSTER**

Se informa a la Escuela de Postgrado de la Facultad de Ciencias que la Tesis de Doctorado presentada por el candidato.

Ítalo Francisco Tamburrino Widner

Ha sido aprobada por la comisión de Evaluación de la tesis como requisito para optar al grado de Magíster en Ciencias Biológicas, en el examen de Defensa Privada de Tesis rendido el día 16 de octubre de 2019.

Directora de Tesis:

Dra. Mary Kalin Arroyo

Codirectora de Tesis

Dra. Paola Jara-Arancio

Comisión de Evaluación de la Tesis

Dra. Rosa Scherson

Dra. Luis Felipe Hinojosa

*A Zoila, que es como nuestro bosque,
refugio.*

Sobre un testuz y dos frentes,
ahora palpita entero
un trocado cielo verde
de avellanos y canelos,
y la araucaria negra
toda brazo y toda cuello...

Huele el ulmo, huele el pino
y el humus huele tan denso
como fue el segundo día
cuando el soplo y el fermento.
Por la merced de la siesta
todo, exhalándose, es nuestro,
y el huemul corre alocado
o gira y se estrega en cedros,
reconociendo resinas
olvidadas de su cuerpo.

Fragmento de Selva Austral, de Gabriela Mistral

Biografía



Ítalo Francisco Tamburrino Widner nació en La Serena el 5 de abril de 1993. Vivió junto a su madre, Teresa, quien le grababa El mundo del Profesor Rossa y Maravillozoo en VHS; su padre, Enzo, quien coleccionaba -y lo hace hasta el día de hoy- antigüedades y cactus en el patio de su casa, y su hermana, María Teresa, con quien recreaba la muerte de Mufasa. Realizó sus estudios en el Colegio Andrés Bello Pampa de La Serena. El 2011 se mudó a Santiago para estudiar Biología Ambiental en la Universidad de Chile. Si alguien está leyendo esto, significa que ya está graduado del programa de Magíster en Ciencias Biológicas. Tuvo dos perros, Bobby y Jack, y dos ratonas, Trigo y Niebla, además de tres perras, Reina, Dona y Ara, que aún viven en la casa de sus padres. Hoy, en su departamento, solo tiene plantas a medio morir. En su tiempo libre lee, ve series para niños y carreteo. También escribe cuentos, que son, a veces, un poco más entretenidos que éste.

Agradecimientos

Agradezco a mis padres, Enzo y Teresa, por su preocupación constante y a mi hermana, María Teresa, por su compañía y su cariño. Agradezco también a mi abuela, tías y tíos y primas y primos, por llenarme de energía cada vez que los veo.

Agradezco a mi tutora, Mary Kalin Arroyo, por poner su confianza en mí, por darme la oportunidad de trabajar junto a ella y por todos los conocimientos y experiencias que ha compartido conmigo. Agradezco a mi cotutora, Paola Jara-Arancio, por su acompañamiento constante, su paciencia, su motivación y las largas jornadas de trabajo. Valoro mucho el esfuerzo puesto en este trabajo por ambas. Agradezco a Beca Magister Nacional CONICYT 22170321, FONDECYT 1180454, 1140541, 11130299 e Instituto de Ecología y Biodiversidad Proyecto CONICYT PIA APOYO CTE AFB170008 y Proyecto PFB-23

Agradezco a mis revisores, Rosita Scherson y Luis Felipe Hinojosa, por su tiempo y sus valiosas observaciones y sugerencias.

Agradezco a mis compañeras y funcionarios del Laboratorio de Sistemática y Ecología Vegetal, Paula, Romina, Valeria, Marcela y Don Juan, por la buena convivencia, ayuda, comentarios y por hacer de nuestro lugar de trabajo un segundo hogar.

Agradezco a mis amigos Raúl, Esteban, Jaime, Joaquín, Paula, Amanda, Naijem, Juan, Márion, Sofía F., Israel, Sofía Z., Francisca y Bárbara por ser mi familia aquí en Santiago. El trabajo se disfruta más sabiendo que tendremos un espacio al almuerzo, a media tarde, en la novecita o el fin de semana para compartir.

Agradezco a Gonzalo, por juntar su mundo con el mío. Por todos los artefactos infinitos que estamos construyendo juntos.

Agradezco Luis Felipe, Andrés, Alex, Javiera y Eric, por tanta risa y dolor de pies, por su cercanía y su cariño. A Roberto, Felipe, William, Alberto, Mauricio, Ignacio, Patricio y Francisca, que los llevo en el corazón siempre a pesar de la distancia y el paso del tiempo. A Matías, por ayudarme a crecer tanto y a quererme. Por sacar las historias que llevaba dentro mío, contarme las suyas y por la que escribimos juntos. Y a Claudio, porque la espuma de los días queda para siempre.

Agradezco a los reyes del pasado que nos miran desde las estrellas.

Índice de Contenidos

Índice de Contenidos.....	vi
Índice de Figuras.....	vii
Resumen.....	ix
Abstract.....	xi
Introducción.....	1
Hipótesis	7
Objetivos	9
Objetivo general:	9
Objetivos específicos:.....	9
Metodología	10
Áreas de estudio.....	10
Bases de datos.....	12
Reconstrucción filogenética	13
Análisis e índices de diversidad filogenética	14
Resultados	18
Reconstrucción filogenética	18
Análisis de agrupamientos.....	18
Riqueza de especies y diversidad filogenética.....	23
Dispersión Filogenética	29
Análisis categórico de neo- y paleo- endemismo	31
Discusión.....	33
Análisis de agrupamientos.....	34
Riqueza de especies y diversidad filogenética.....	35
Dispersión Filogenética	38
Análisis categórico de neo- y paleo- endemismo	40
Efectos de nivel taxonómico	44
Limitaciones y efectos de muestreo	44
Conclusiones.....	47
Bibliografía	48
Material Suplementario.....	58
Anexo.....	59

Índice de Figuras

Figura 1. Territorios clasificados como Bosques Templados por Olson y col. (2001), usados como área de estudio en este trabajo. En azul se encuentran los bosques templados de Sudamérica, en amarillo los de Australia y en verde los de Nueva Zelanda.	11
Figura 2. Ecorregiones y divisiones principales pertenecientes al bioma de Bosque Templado en el hemisferio sur.	12
Figura 3. Análisis de agrupamientos para los tres territorios estudiados divididos en cuadrantes de 50 Km x 50 Km según índice de Sørensen, donde se muestra diagrama de <i>clusters</i> que grafica distancia entre cuadrantes y asociaciones significativas en distintos colores.	20
Figura 4. Análisis de agrupamientos para los tres territorios estudiados divididos en cuadrantes de 50 Km x 50 Km según índice de PhyloSørensen, donde se muestra diagrama de <i>clusters</i> que grafica distancia entre cuadrantes y asociaciones significativas en distintos colores.	21
Figura 5. Análisis de agrupamientos para los tres territorios estudiados divididos en cuadrantes de 50 Km x 50 Km según PhyloRWTurnover, donde se muestra diagrama de <i>clusters</i> que grafica distancia entre cuadrantes y asociaciones significativas en distintos colores.	22
Figura 6. Mapas de (A) Riqueza de especies y (B) Diversidad Filogenética para los tres territorios estudiados, divididos en cuadrantes de 50 Km x 50 Km, en una escala donde los colores más fríos indican valores más bajos y los colores cálidos representan valores más altos.	25
Figura 7. Comparación de los valores de riqueza de especies para los tres	

territorios estudiados. Se indican diferencias significativas según Kruskal-Wallis y según Wilcoxon para los pares de combinaciones ($p < 0,05^*$; $p < 0,01^{**}$; $p < 0,001^{***}$; $p < 0,0001^{****}$). AU: Australia, NZ: Nueva Zelanda y SA: Sudamérica.26

Figura 8. Comparación de valores de diversidad filogenética (PD) para los tres territorios estudiados, donde se indican diferencias significativas según Kruskal-Wallis y según Wilcoxon para los pares de combinaciones ($p < 0,05^*$; $p < 0,01^{**}$; $p < 0,001^{***}$; $p < 0,0001^{****}$). AU: Australia, NZ: Nueva Zelanda y SA: Sudamérica.27

Figura 9. Mapa de Riqueza de géneros dividido en cuadrantes de 50 Km x 50 Km, en una escala donde los colores más fríos indican valores más bajos y los colores cálidos representan valores más altos.28

Figura 10. Mapas de dispersión filogenética para los tres territorios estudiados, divididos en cuadrantes de 50 Km x 50 Km, donde los cuadrantes coloreados de celeste indican cuadrantes significativamente hipodispersos y los cuadrantes coloreados de rojo indican cuadrantes significativamente hiperdispersos según un test de randomizaciones.29

Figura 11. Mapas de dispersión filogenética a nivel de género para los tres territorios estudiados, divididos en cuadrantes de 50 Km x 50 Km, donde los cuadrantes coloreados de celeste indican cuadrantes significativamente hipodispersos y los cuadrantes coloreados de rojo indican cuadrantes significativamente hiperdispersos según un test de randomizaciones.30

Figura 12. Mapas de análisis categórico de neo- y paleo- endemismo (CANAPE) para los tres territorios estudiados a nivel de (A) Especie y (B) Género, divididos en cuadrantes de 50 Km x 50 Km, donde se indican cuadrantes neo, paleo y super endémicos y de endemismo mixto.32

Resumen

Estudiar el proceso de configuración de ensamblajes ecológicos permite analizar el efecto de procesos históricos sobre las características de las comunidades. Esto puede lograrse integrando patrones de distribución de especies con la reconstrucción de las relaciones filogenéticas entre los taxa de un determinado ensamblaje. De esta forma, el análisis de índices de diversidad filogenética y otros indicadores asociados constituyen un paso crucial en la integración de la dimensión evolutiva en el estudio de la biodiversidad. Un sistema idóneo para hacerlo son los bosques templados del hemisferio sur, que concentran los niveles más altos de diversidad de taxa arbóreos y presentan particularidades que los diferencian de los bosques del hemisferio norte, lo que usualmente se atribuye a su origen gondwánico, omitiendo la importancia de eventos biogeológicos del Cenozoico en el estudio de los patrones de biodiversidad. Por lo anterior, el objetivo de este trabajo es analizar y comparar el efecto de eventos históricos en los patrones de diversidad filogenética de los bosques templados del hemisferio sur. Para cumplir estos objetivos se realizó una revisión taxonómica de las especies arbóreas en las áreas de estudio, en bosques presentes en Australia, Nueva Zelanda y Sudamérica. Se utilizaron georreferencias y secuencias genéticas de bases de datos abiertas para generar mapas y reconstrucciones filogenéticas con los genes *rbcL* y *matK*, obteniendo un árbol filogenético con representantes de 273 géneros. Sobre esta reconstrucción se agregaron nodos correspondientes a las especies de cada uno género, alcanzando una filogenia con 832 especies, la que se utilizó para estimar niveles de riqueza taxonómica, diversidad y dispersión filogenética, un análisis categórico de neo- y paleo- endemismo y análisis de agrupamiento según filodiversidad beta. Se encontró diferencia significativa en los niveles de riqueza y diversidad filogenética entre territorios. Se identificó una

tendencia generalizada hacia la hipodispersión, así como al paleoendemismo en Sudamérica y el neoendemismo en los bosques australásicos. Los procesos de diversificación de la segunda mitad del Cenozoico, asociado a eventos geológicos son un factor importante que puede explicar niveles de diversidad filogenética y dispersión filogenética, mientras que el grado de contribución de fuentes externas sería relevante en cuanto a los niveles de endemismo filogenético y las asociaciones entre territorios.

Abstract

Understanding the configuration process of ecological assemblies allow us to analyze the effect of historical events on the community's diversity. This can be achieved integrating species distribution patterns with the phylogenetic reconstruction of the community's taxa. In this way, the analysis of phylogenetic diversity indexes and other associated indicators allows the integration of the evolutionary dimension into the study of biodiversity. An ideal system for this are the temperate forests of the southern hemisphere, which concentrate the highest levels of diversity of woody taxa and have peculiarities that differentiate them from their northern pairs, which is usually attributed to their Gondwanic origin, neglecting the importance of Cenozoic's biogeological events in the study of biodiversity patterns. The objective of this study is to analyze and compare the effect of historical events on patterns of phylogenetic diversity of the temperate forests of the southern hemisphere. To achieve these goals, a taxonomic review was carried out in the study area, composed by forests in Australia, New Zealand and South America. Georeferences and genetic sequences from open databases were used to generate maps and phylogenetic reconstructions with the *rbcL* and *matK* genes. A phylogenetic tree with representatives of 273 genera was obtained, to which branches representing all species in each genus were added, to give a total of 832 species. This tree was used to estimate levels of taxonomic richness, diversity and clustering, and to undertake a categorical analysis of neo- and paleo- endemism and grouping analysis according to beta phylodiversity. Significant differences in levels of richness and phylogenetic diversity were found between territories. Phylogenetic clustering was common in the study area as well as paleoendemism in South American forests and neoendemism in the Australasian forests. Diversifications in the second half of the Cenozoic, associated to

geological events are the main factors explaining the levels of phylogenetic diversity and clustering, while differences in the degree of contribution of external sources would be accountable for the levels of phylogenetic endemism and similarity between territories.

Introducción

Entender el proceso de configuración de las comunidades, en el sentido de las interacciones y dinámicas que determinan su composición, es de especial importancia para el manejo y conservación de los ecosistemas, lo cual es una necesidad urgente en la actualidad, sin embargo, el estudio de la ecología de las comunidades desde los patrones de diversidad actuales no es suficiente para conocer su historia evolutiva, lo que es esencial para predecir el curso que seguirán en posibles escenarios de cambio global (Cavender-Bares et al. 2009). La inclusión de la historia evolutiva de las especies y linajes presentes en una comunidad, a través del uso de reconstrucciones filogenéticas permiten vincular los patrones actuales a pequeña escala con procesos evolutivos a escala global (Webb et al. 2002; Emerson & Gillespie 2008). Una forma de incorporar la dimensión evolutiva es el uso de la Diversidad Filogenética (PD), la cual se define como la suma de las longitudes de las ramas que trazan el camino mínimo de extensión de un subconjunto de taxa (Faith 1992). De esta forma, sitios en donde habitan especies emparentadas filogenéticamente tendrán menor PD que zonas con el mismo número de especies, pero menos emparentadas. De la misma manera, a través del uso del Endemismo Filogenético (PE) se pueden distinguir zonas con linajes endémicos de otras con especies endémicas que pertenecen a linajes de amplia distribución (Rosauer et al. 2009). Siguiendo la misma lógica, existen otras métricas que permiten describir el grado en que las especies de un sitio se encuentran agrupadas o distanciadas filogenéticamente (Dispersión Filogenética; Webb et al. 2002) o establecer las relaciones entre la composición taxonómica de distintas zonas, considerando las dimensiones evolutivas y los rangos de distribución (PhyloSørensen y PhyloRWTurnover; Laffan et al. 2016).

La integración de la historia evolutiva en los patrones actuales de biodiversidad es relevante ya que la composición de las comunidades bióticas, tanto en diversidad de taxa como en la relación entre ellos, es producto de una combinación de procesos históricos (colonizaciones, especiaciones, extinciones, entre otros) y de factores bióticos y abióticos (disponibilidad de área, distancia a fuentes de colonizadores, existencia de filtros ambientales, conservatismo de nicho, estabilidad de los ambientes, entre otros) que modulan la distribución de los taxa (Emerson & Gillespie 2008). En este sentido, se han descrito algunos patrones generales asociados a los niveles de riqueza de especies, como la relación especie-área (Dengler 2009) y el decrecimiento en la riqueza a mayores latitudes y altitudes (Gaston 2000; Bruun et al. 2006), o sobre la distribución de especies en los territorios, como el incremento en la disimilitud entre comunidades más lejanas (Morlon et al. 2008). En cuanto al ensamble de las comunidades, estudios sobre linajes de plantas pueden mostrar dos tipos de conformación contrastante: (a) sobredispersión filogenética, explicada por convergencia de rasgos en linajes diferentes o interacciones entre las especies de la comunidad (Ackerly, Schwillk, & Webb 2006; Cavender-Bares et al. 2004; Valiente-Banuet & Verdú 2007), y (b) agrupamiento filogenético, asociado a filtros ambientales o conservatismo de nicho (Webb 2000; Cavender-Bares et al. 2006; Hardy & Senterre 2007).

Para comprender de mejor forma cómo la combinación de factores y procesos históricos determinan la dinámica evolutiva y el actual ensamble de las comunidades, se necesitan nuevos estudios donde se incorpore la información filogenética sobre la estructura de la comunidad (Emerson & Gillespie 2008). Un sistema idóneo para aplicar esta metodología son zonas que comparten un origen común, pero que posteriormente han seguido caminos distintos desde una perspectiva filogeográfica.

Los bosques templados del hemisferio sur, presentes en Sudamérica, Australia

y Nueva Zelanda tienen su origen en el supercontinente Gondwana y actualmente concentran la mayor diversidad de angiospermas leñosas siempreverdes y coníferas de vida larga en el hemisferio sur. Destaca también, en contraste con sus homólogos del norte, la escasa presencia de bosques deciduos, principalmente formados por *Notofagáceas*, y los bosques compuestos por especies del diverso género *Eucalyptus* (Markgraf et al. 1995). La separación de estos territorios, que hasta finales del Jurásico presentaban clima templado frío, se inicia aproximadamente hace 140 Ma (Scotese, Boucot, & McKerrow 1999), proceso que termina hace ~85 Ma, a finales del Cretácico (Boland & McDonald 2006). La continuación del proceso de deriva continental durante el Cenozoico determinó el curso evolutivo de cada territorio. El aislamiento favoreció el desarrollo y evolución de flora endémica; la unión de continentes del sur y del norte reconfiguró el curso de las corrientes marinas, dando origen a los actuales climas; y el movimiento importante de algunas áreas, como la migración sur-norte del continente australiano, permitió grandes radiaciones adaptativas debido a los cambios climáticos asociados al proceso (Anderson et al. 1999). Estas tres áreas, previamente unidas, constituyen una oportunidad para conocer como la historia posterior a su separación configura el ensamble de taxa de la comunidad.

La historia de cada uno de los territorios que conforman los bosques templados del hemisferio sur está marcada por hitos y procesos importantes que modularon sus características biogeográficas, florísticas y evolutivas:

Sudamérica. Esta zona se ha caracterizado por su aislamiento geográfico y estabilidad climática, lo que facilitó la acumulación de biodiversidad a lo largo del tiempo (Turchetto-Zolet et al. 2013). A comienzos del Cenozoico, el cono sur del continente era dominado por bosques lluviosos y diversos, con componentes australásicos y neotropicales, los cuales fueron desapareciendo hacia finales del Eoceno debido al

enfriamiento del clima, ligado posteriormente a la expansión de *Nothofagus* hacia el extremo sur. Con el levantamiento andino en el Oligoceno tardío, que alcanzó su máximo hacia finales del Mioceno, aumentó la aridez de la Patagonia, lo que generó cambios importantes en la diversidad y forma de los bosques de la zona. Actualmente, el margen occidental del cono sur, en donde se encuentran los bosques templados de Chile y parte de Argentina, presenta un grado de aislamiento importante, limitado hacia el oeste por la cordillera de los Andes, sucedida por la estepa patagónica, y hacia el norte por las formaciones mediterráneas de alta estacionalidad y el desierto de Atacama, encontrándose los bosques húmedos más cercanos a más de 1500 Km (Arroyo et al. 1996). En esta zona, las glaciaciones del cuaternario tuvieron efectos variados sobre la biodiversidad, como el cambio en la distribución de los taxa, lo que incluye extinciones locales y colonización de nuevos ambientes (Hewitt 1996). Otros autores también han destacado la importancia de los cambios paleogeográficos y la reorganización tectónica del Neógeno en los niveles de biodiversidad en estos bosques templados (Quiroga & Premoli 2010).

Australia. La plataforma continental australiana estuvo conectada con otras grandes masas de tierra hasta hace ~100 Ma, lo cual permitía intercambio de flora de clima templado o tropical desde Sudamérica, África e India. La migración de especies a través de la Antártica pudo ser posible hasta hace ~85 Ma. Posterior a esto, la plataforma continental inicia traslación hacia el norte, llegando a conectarse con el territorio asiático hace solo ~15 Ma. Es debido a esta conectividad histórica y a los largos periodos de aislamiento que ha sufrido el continente que la flora australiana posee importantes elementos fitogeográficos endémicos y otros de diversos orígenes (Boland & McDonald 2006). Durante la primera mitad del Cenozoico, el continente mantuvo clima húmedo y cálido principalmente hasta el Oligoceno, cuando empieza a registrarse el enfriamiento

de la plataforma australiana, intensificado por la migración de la placa que la sostiene. Los registros de carbón fósil a partir del Mioceno dan cuenta del incremento en los fuegos asociados a la desecación de Australia, que provocó el confinamiento de los bosques templados a su distribución actual en los márgenes surorientales del continente (Lee et al., 2016). Los bosques templados del territorio australiano están conformados por la ecorregión del este que se encuentra adjunta a sabanas tropicales y templadas, la ecorregión de la costa sudeste que limita con los bosques mediterráneos y la isla de Tasmania rodeada por mar.

Nueva Zelanda. Las islas que actualmente conforman Nueva Zelanda tienen su origen en el continente Zelandia, el cual se separó de la plataforma continental australiana hace 74-65 Ma (Wallis & Trewick 2009). Debido al alto grado de aislamiento, la mayor parte de la flora neozelandesa es endémica, vinculada principalmente a la flora australiana (Cooper & Millener 1993). El territorio neozelandés ha sufrido una reducción continua en su área de superficie, desde los 500.000 Km² en el Paleoceno hasta los 270.000 Km² que presenta en la actualidad (Lee et al., 2016). Desde el punto de vista geológico, algunos de los eventos más relevantes en la configuración de la biodiversidad de Nueva Zelanda fueron la introgresión marina del Oligoceno, periodo durante el cual la superficie terrestre se redujo a solo un 18% del área actual, aumentando importantemente las tasas de extinción (Cooper & Millener, 1993), el levantamiento de los Alpes del Sur desde hace ~8 Ma, que habría actuado como motor de diversificación (Cantley et al., 2016) y el impacto de las glaciaciones, que restringió los bosques templados a la Isla Norte y a refugios en la Isla Sur (Lee et al., 2016).

Aunque la flora de los bosques templados concentra altos niveles de biodiversidad en el hemisferio sur, existe un déficit en estudios de índices de diversidad filogenética en este tipo de bioma y de investigaciones que integren los tres territorios

con el uso de estas herramientas. Los trabajos que abordan esta problemática se han realizado a nivel de género para la flora vascular de Chile (Scherson et al., 2017) y Australia (Tornhill et al., 2016) y a nivel de especie para la flora vascular de Nueva Zelanda (Heenan et al., 2017) siguiendo la misma metodología empleada en este estudio, sin embargo, no se han llevado a cabo estudios que analicen y comparen los bosques templados de los tres territorios en forma conjunta.

Los cambios climáticos y geológicos ocurridos en los bosques templados del hemisferio sur, como los procesos de enfriamiento global y aridificación durante el Oligoceno-Mioceno, la introgresión marina del Oligoceno en Nueva Zelanda, la migración del continente australiano y los levantamientos orogénicos, habrían actuado como filtros ambientales sobre las comunidades arbóreas, modulando su estructura y conformación. Considerando que la flora de los bosques templados concentra altos niveles de biodiversidad en el hemisferio sur y la existencia de un déficit en estudios de configuración de comunidades arbóreas en este tipo de bioma y de investigaciones que integren los tres bosques templados del hemisferio, surge la necesidad de analizar y evaluar ¿Qué efectos que tuvieron los cambios climáticos y geológicos en la estructura, composición y diversidad filogenética de los bosques templados del hemisferio sur?

Hipótesis

Los procesos climáticos de enfriamiento y aridificación asociados a eventos geológicos durante Oligoceno-Mioceno han restringido el área de distribución de algunos taxa y provocado extinciones en linajes poco tolerantes al frío. Esto afecta negativamente los niveles de riqueza y diversidad filogenética, aumenta los niveles de paleoendemismo y genera comunidades hipodispersas filogenéticamente en los bosques templados del hemisferio sur. Se espera que estos cambios climáticos tengan diferentes niveles de impacto en cada uno de los territorios que conforman el Gondwana occidental, asociados principalmente a su grado de aislamiento de otras formaciones boscosas. Específicamente:

- (a) En el sur de **Sudamérica**, se encontrarían los menores niveles de riqueza y diversidad filogenética con tendencia a la hipodispersión y paleoendemismo, debido a las extinciones provocadas por el proceso de enfriamiento, aridificación y el alto grado de aislamiento de otras unidades de bosques dentro y fuera del continente debido al levantamiento andino, proceso que comienza a partir del Mioceno.
- (b) En **Nueva Zelanda**, las extinciones asociadas al enfriamiento global del Mioceno actuarían en conjunto con la introgresión marina del Oligoceno, disminuyendo los niveles de riqueza y diversidad filogenética y aumentando el grado de hipodispersión. Estos efectos podrían verse aminorado por la cercanía a Australia y otras fuentes de colonizadores, por lo que no se encontraría una alta proporción de endemismo filogenético.
- (c) En **Australia**, el proceso de enfriamiento y aridificación ocurrido durante la migración Sur-Norte de la plataforma australiana habría concentrado la

diversidad del bosque templado en el margen oriental y aumentado el grado de conectividad con el sudeste asiático a partir de ~12 Ma antes del presente, por lo que se esperan los valores de riqueza y diversidad filogenética más altos para los bosques templados del hemisferio y los niveles de endemismo filogenético más bajos, con tendencia al neoendemismo.

Objetivos

Objetivo general:

Analizar el efecto de cambios climáticos y geológicos del Cenozoico en los patrones de diversidad, endemismo y dispersión filogenética para taxa arbóreos en los bosques templados de Sudamérica, Australia y Nueva Zelanda

Objetivos específicos:

Para cada uno de los bosques templados de Sudamérica, Australia y Nueva Zelanda

1. Determinar y comparar la composición arbórea y la riqueza de taxa.
2. Evaluar diversidad filogenética, endemismo filogenético y grado de dispersión filogenética para taxa arbóreos.
3. Establecer relaciones en la composición arbórea de los territorios mediante métricas filogenéticas de diversidad beta.
4. Analizar y vincular los patrones geográficos de diversidad, endemismo y dispersión filogenética con eventos evolutivos y filogeográficos de cada uno de los territorios estudiados.

Metodología

Áreas de estudio

Las áreas de estudio son zonas descritas como Bosques Templados según los criterios de Olson y col. (2001) en los continentes de América del Sur y Oceanía. En Sudamérica, este bioma se encuentra entre los 32,8°S y 56,0°S; en Australia abarca desde los 23,9°S hasta los 43,6°S, incluyendo la isla de Tasmania; y en Nueva Zelanda incluye zonas entre los 34,4°S y los 47,3°S (Fig. 1).

En Sudamérica, el territorio está conformado por dos ecorregiones; el bosque valdiviano, que comprende territorios hasta los 48°S y el bosque subpolar, que abarca entre los 47° hasta el Cabo de Hornos. Australia se puede dividir en tres ecorregiones principales; la costa este australiana, que ocupa territorios en Nueva Gales del Sur y Queensland, el sudeste australiano, que se distribuye en el estado de Victoria y las zonas interiores de Nueva Gales del Sur, y la isla de Tasmania. Por último, Nueva Zelanda puede separarse en las ecorregiones que se encuentran en la Isla Norte (bosques templados de Kauri de Northland y bosques templados de la Isla Norte) y aquellas que se encuentran en la Isla Sur (bosques templados de Richmond, bosques templados de Nelson Coast, bosques templados de Westland, bosques templados de Fiordland y bosques templados de la Isla Sur), que conforman la mayor superficie del territorio neozelandés (Fig. 2).

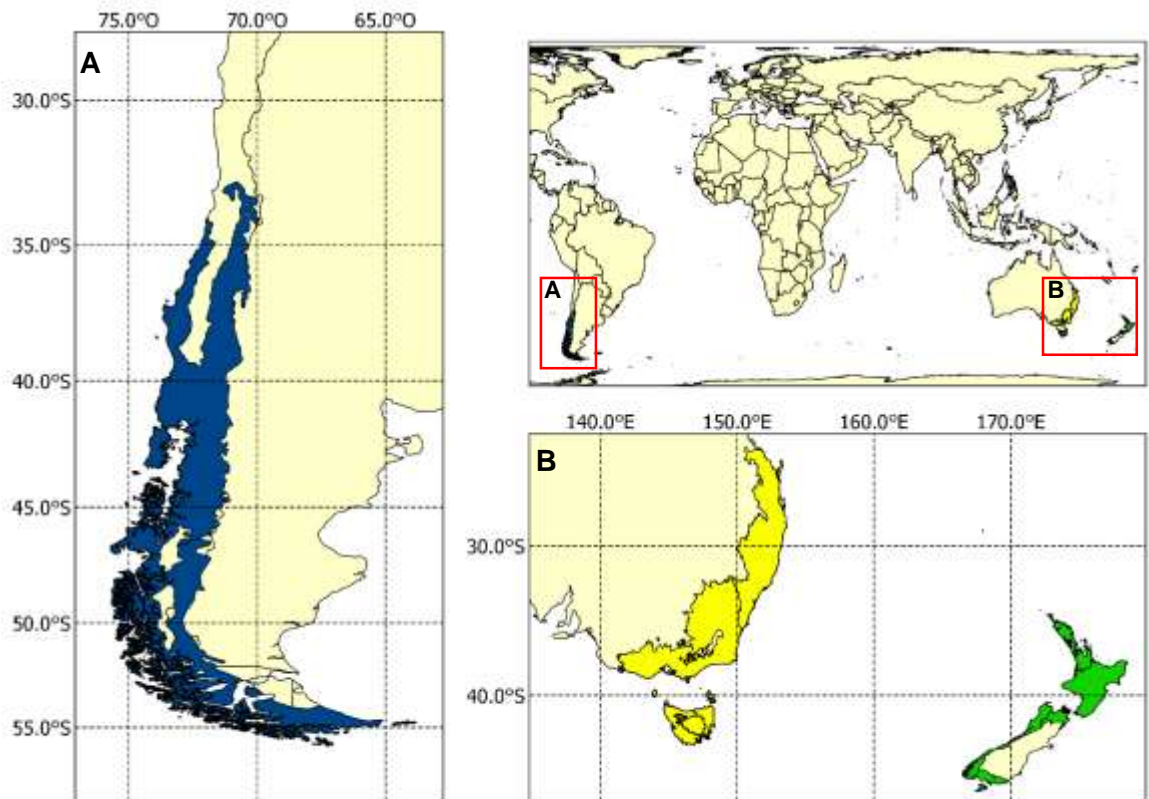


Figura 1. Territorios clasificados como Bosques Templados por Olson y col. (2001), usados como área de estudio en este trabajo. En azul se encuentran los bosques templados de Sudamérica, en amarillo los de Australia y en verde los de Nueva Zelanda.

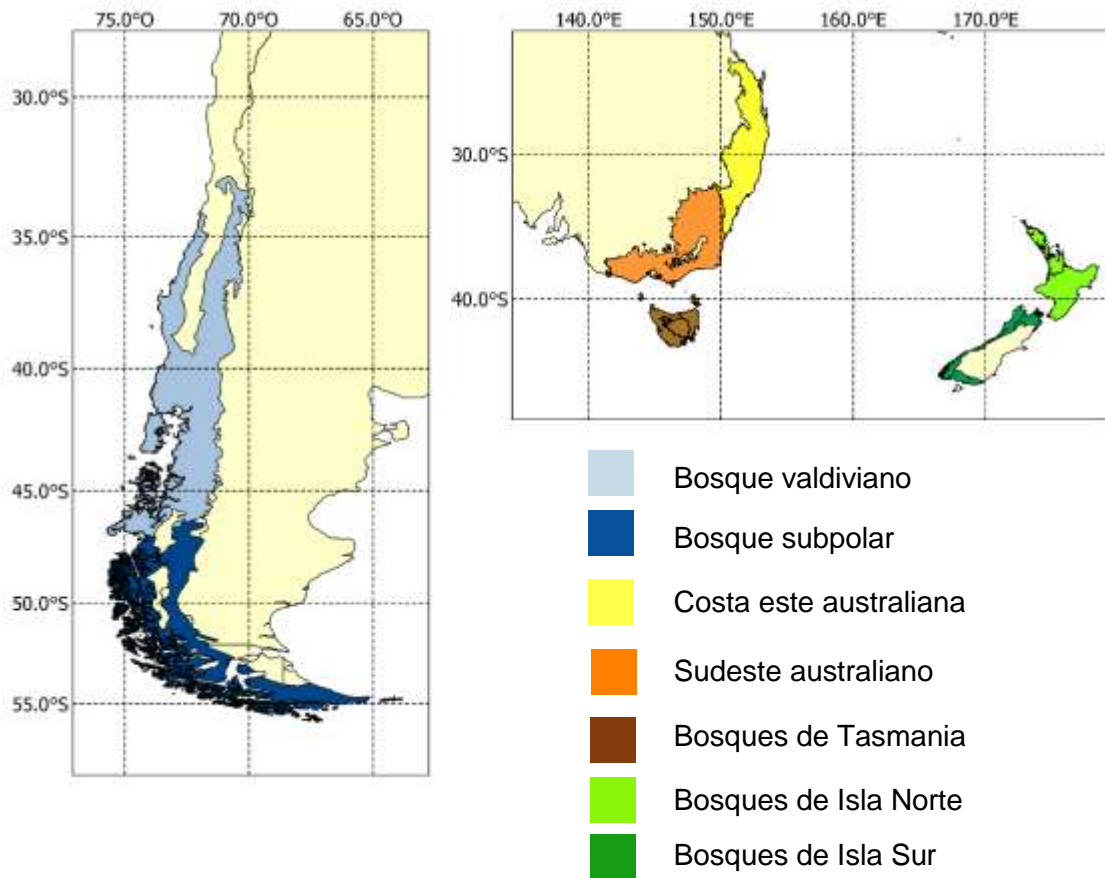


Figura 2. Ecorregiones y divisiones principales pertenecientes al bioma de Bosque Templado en el hemisferio sur.

Bases de datos

En este estudio solo se utilizaron especies arbóreas, debido a la mayor disponibilidad de secuencias genéticas y georreferencias, como también a los mayores tiempos generacionales asociados a taxa arbóreos, lo que se correlaciona con menores tasas de sustitución nucleotídica (Smith & Donoghue 2008) y que permite mejor delimitación filogenética a la escala taxonómica empleada en este análisis (Yang 1998).

El listado de especies de Australia se construyó en base a los textos de Boland

& McDonald (2006) y Krisch (2015), mientras que el de Nueva Zelanda se hizo basado en los textos de Dawson y col. (2011), De Lange y col. (2006) y Breitwieser y col. (2010) y el de Sudamérica fue realizado a partir del texto de García y Ormazabal (2008). Se usó los criterios de Beech y col. (2017) para definir el concepto de “especies arbóreas”, que incluye “plantas leñosas con un único tallo con altura de al menos dos metros, o, si es que multicaulinar, con al menos un tallo vertical de más de cinco centímetros de diámetro a la altura del pecho”. Posible sinonimia y nuevas nomenclaturas fueron revisadas usando las bases de datos The International Plant Names Index (IPNI; 2012) y The Plant List (2013). Los puntos de ocurrencias de estas especies fueron obtenidos de Global Biodiversity Information Facility (www.gbif.org), material suplementario de Scherson y col. (2017), herbarios chilenos (CONC, SGO) y bases de datos del Laboratorio de Sistemática y Ecología Vegetal de la Universidad de Chile.

Reconstrucción filogenética

La reconstrucción filogenética se realizó a nivel de género a partir de 273 secuencias, considerando 271 secuencias de GenBank y dos provenientes de análisis en laboratorio a partir de muestras foliares del herbario de Concepción CONC. La especie representante de cada género se seleccionó mediante un análisis preliminar donde se usaron dos o tres especies de cada uno lo que permitió verificar que todas se agruparan en un mismo nodo.

Para la reconstrucción filogenética se utilizaron las regiones plastidiales *rbcL* (1519 pb) y *matK* (2849 pb) mediante el algoritmo de Inferencia Bayesiana en el portal CIPRES Science Gateway (V. 3.3; <https://www.phylo.org/>). Se usaron los modelos de sustitución nucleotídica *rbcL* GTR+G y *matK* GTR+I+G según el criterio de información de Akaike. Los parámetros fueron muestreados veinte millones de generaciones y se

desechó el 25% de las primeras muestras. Para determinar el soporte de los nodos fueron realizadas pruebas de probabilidad a posterior, donde se consideró un nodo bien soportado sobre 0,95 (Huelsenbeck et al. 2003). Para determinar si la reconstrucción filogenética se podía realizar con genes concatenados se evaluó la convergencia y muestreo apropiado de los parámetros de distribución posterior al revisar que el tamaño efectivo de la muestra (ESS) fuera mayor a 200 con el software Tracer v.1.7.1, alcanzado valores entre 3268,6 y 35975,0. Las relaciones entre familias del árbol filogenético fueron corroboradas con las estipuladas en APG IV (Chase et al. 2016). Posteriormente, en la posición terminal de cada género se agregaron politomías con ramas de largo 0,0001, usando el paquete *phytools* (Revell 2012) en el software R Studio v.1.1.456, para representar todas las especies encontradas en los territorios para cada género.

Análisis e índices de diversidad filogenética

Todos los índices y análisis se realizaron a nivel de género y especie, llevados a cabo en base a una grilla de 50 Km x 50 Km; tamaño en que se maximizaban los valores de redundancia. Se eliminaron cuadrantes donde la superficie de área correspondiente a bosque templado fuese inferior al 10%. Mediante UPGMA en el software Biodiverse v.2.0 (Laffan, Lubarsky & Rosauer 2010) se realizaron análisis de clusters para comparar todas las celdas de la grilla entre sí en función de los taxa o de ramas de la filogenia que están contenidas en cada una de ellas. Para esto, se utilizaron tres índices de diversidad beta o recambio composicional: el índice de Sørensen (Ecuación 1), índice de PhyloSørensen (Ecuación 2; Graham & Fine 2008) y el recambio filogenético ponderado por rango de distribución (Phylo Range Weighted Turnover o PhyloRWTurnover) (Ecuación 3; Laffan et al. 2016).

Para dos cuadrantes i y j , se definen los componentes a como los elementos

compartidos por ambos cuadrantes y los componentes b y c como los elementos restringidos a los cuadrantes i y j respectivamente. El recambio composicional será mayor mientras el componente a sea bajo con respecto a los componentes b y c , dentro de un rango de valores de 0 (máxima similitud) y 1 (máxima disimilitud).

De esta forma, el índice de Sørensen se expresará según la Ecuación 1 si consideramos a los distintos taxa como los elementos en los componentes a , b y c .

$$Sørensen_{ij} = 1 - \frac{2a}{2a + b + c} \quad \text{Ec. (1)}$$

Para el índice de PhyloSørensen, se reemplazarán los taxa por sus largos de rama respectivos, llegando a la expresión de la Ecuación 2.

$$PhyloSørensen_{ij} = 1 - \frac{2 \sum_{\lambda_{ij} \in \Lambda_i \cap \Lambda_j} L_{\lambda_{ij}}}{2 \sum_{\lambda_{ij} \in \Lambda_i \cap \Lambda_j} L_{\lambda_{ij}} + \sum_{\lambda_i \in \Lambda_i | \lambda_i \notin \Lambda_j} L_{\lambda_i} + \sum_{\lambda_j \in \Lambda_j | \lambda_j \notin \Lambda_i} L_{\lambda_j}} \quad \text{Ec. (2)}$$

Finalmente, el recambio filogenético ponderado por rango de distribución incluye en cada componente un valor asociado al rango de distribución de cada rama ($r_{\lambda_{ij}}/R_{\lambda_{ij}}$, donde r es el rango local de distribución de la rama y R al rango total de distribución de la rama), obteniendo así la Ecuación 3.

$$PhyloRWTurnover_{ij} = 1 - \frac{\sum_{\lambda_{ij} \in \Lambda_i \cap \Lambda_j} L_{\lambda_{ij}} \frac{r_{\lambda_{ij}}}{R_{\lambda_{ij}}}}{\sum_{\lambda_{ij} \in \Lambda_i \cap \Lambda_j} L_{\lambda_{ij}} \frac{r_{\lambda_{ij}}}{R_{\lambda_{ij}}} + \sum_{\lambda_i \in \Lambda_i | \lambda_i \notin \Lambda_j} L_{\lambda_i} \frac{r_{\lambda_i}}{R_{\lambda_i}} + \sum_{\lambda_j \in \Lambda_j | \lambda_j \notin \Lambda_i} L_{\lambda_j} \frac{r_{\lambda_j}}{R_{\lambda_j}}} \quad \text{Ec. (3)}$$

Usando el mismo software se estimaron cuatro parámetros: (a) Riqueza de taxa, definida como la suma del número de taxa existentes en un área (Ecuación 4), (b) Diversidad Filogenética, definida como la suma de las longitudes de las ramas que trazan el camino mínimo de extensión de un subconjunto de taxa (Ecuación 5; Faith 1992), (c) Dispersión Filogenética, que indica el grado de agrupamiento filogenético de los linajes presentes en cada cuadrante (Webb et al. 2002) y (d) Endemismo Filogenético, mediante un análisis categórico de neo- y paleo- endemismo, que categoriza los cuadrantes según

su grado y tipo de endemismo filogenético (Mishler et al. 2014).

El cálculo de riqueza de taxa para un cuadrante i , donde habita una comunidad T_i , es la sumatoria simple de cada uno de los taxa t , expresable como

$$Riqueza_i = \sum_{t \in T_i} 1 \quad \text{Ec. (4)}$$

mientras que para el cálculo de diversidad filogenética (PD) se suman los largos de cada rama (λ) cuyo nodo terminal sea un taxa presente en un cuadrante i (T_i), entendiéndose el largo de rama (L_λ) como la distancia mínima entre cada taxón hasta el ancestro común más antiguo de todos los taxa del cuadrante.

$$PD_i = \sum_{\lambda \in \Lambda_i} L_\lambda \quad \text{Ec. (5)}$$

Para determinar diferencia significativa entre los niveles de riqueza y diversidad filogenética entre los territorios y tras comprobar la falta de normalidad en los datos, se llevó a cabo tests de Kruskal-Wallis y pruebas de Wilcoxon post hoc (Zuur, Ieno, & Smith 2007).

Para evaluar si los valores de diversidad filogenética en cada cuadrante eran significativos y si mostraba un patrón hiperdisperso o hipodisperso se generaron 999 comunidades para cada celda, manteniendo los niveles de riqueza, con los cuales se realizaron pruebas de dos colas. Si la celda se encontraba por sobre el 97.5% de las simulaciones, se consideró al cuadrante como hiperdisperso, mientras que si se encontraba dentro del 2.5% inferior, se clasificó como hipodispersa.

El análisis categórico de neo- y paleo- endemismo se realizó según la metodología de Mishler y col. (2014), donde se sigue un procedimiento de dos pasos basado en los valores del endemismo filogenético relativo (RPE), que corresponde a una proporción entre el endemismo filogenético (PE) observado, descrito en la Ecuación 6, y

un modelo nulo de PE donde todas las ramas del árbol filogenético tienen el mismo largo.

$$PE_i = \sum_{\lambda \in \Lambda_i} L_\lambda \frac{r_\lambda}{R_\lambda} \quad \text{Ec. (6)}$$

Se considera que un cuadrante es endémico cuando el endemismo filogenético observado, el del modelo nulo (es decir, el numerador o el denominador del RPE) o ambos son significativamente altos. De ser así, el cuadrante se clasifica como paleoendémico, con ramas endémicas largas, o neoendémico, con ramas endémicas cortas, si el valor de RPE es significativamente alto o bajo respectivamente (test de dos colas, $\chi=0,05$), o de endemismo mixto si es que RPE no es significativo, lo que indica que el árbol filogenético del cuadrante tiene ramas endémicas largas y cortas. Adicionalmente se recategorizó aquellos cuadrantes de endemismo mixto con RPE significativamente alto (test de una cola, $\chi=0,01$) como cuadrantes superendémicos.

Resultados

Reconstrucción filogenética

Se identificó 840 especies de árboles en el área de estudio (Ver Anexo: Tabla 1A), con ocurrencias geográficas disponibles para todas ellas y secuencias genéticas para 658 especies, pertenecientes a 273 géneros de un total de 279, correspondiente al 97,8%. En base a estos géneros y mediante la adición de ramas para cada especie se generó un árbol filogenético con 832 especies, que corresponde al 98,8% del total (Ver Material Suplementario 1 y 2). El 1,2% restante corresponden a taxa que no poseen secuencias en GenBank, presentaban DNA degradado o de las que no existía material foliar disponible. El árbol filogenético muestra correspondencia con la clasificación APG IV.

Análisis de agrupamientos

El análisis de agrupamiento con recambio de especies, según el índice de Sørensen, forma una asociación entre los territorios de Australasia y posteriormente con Sudamérica (Fig. 3). Al usar un índice de recambio filogenético (PhyloSørensen), el análisis muestra asociaciones entre Nueva Zelanda y los bosques de la costa este australiana y entre el bosque valdiviano de Sudamérica y los bosques del sudeste australiano, formando posteriormente otra asociación conformada principalmente por cuadrantes pertenecientes al bosque subpolar de Sudamérica (Fig. 4).

El recambio filogenético ponderado por rango, que aumenta los valores de recambio mientras menor sea el área de distribución de los linajes, vuelve a formar asociación entre Nueva Zelanda y los bosques de la costa este australiana, pero vincula el sudeste australiano con los bosques subpolares de Sudamérica, y luego dejando el bosque valdiviano como el territorio con los linajes más distintivos dentro de esta

asociación, al ser de distribuciones más acotada (Fig. 5).

Ambos análisis de agrupamientos realizados con índices que consideran las ramas de la reconstrucción filogenética (PhyloSørensen y PhyloRWTurnover) muestran coherencia (en mayor o menor grado) entre las asociaciones formadas y ecorregiones descritas por Olson y col. (2001). Debido a la metodología empleada, los resultados a nivel de género y especie son los mismos.

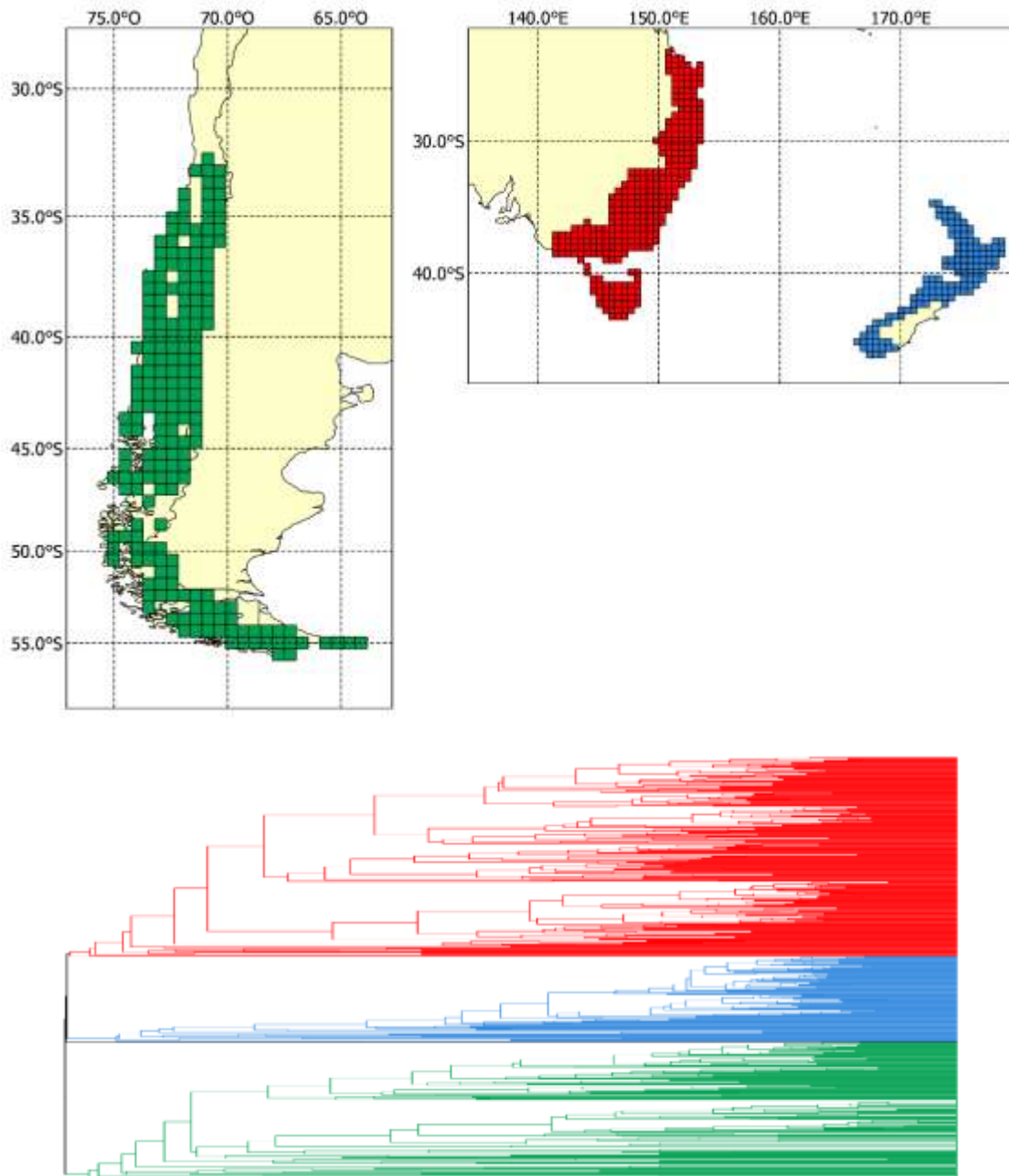


Figura 3. Análisis de agrupamientos para los tres territorios estudiados divididos en cuadrantes de 50 Km x 50 Km según índice de Sørensen, donde se muestra diagrama de *clusters* que grafica distancia entre cuadrantes y asociaciones significativas en distintos colores.

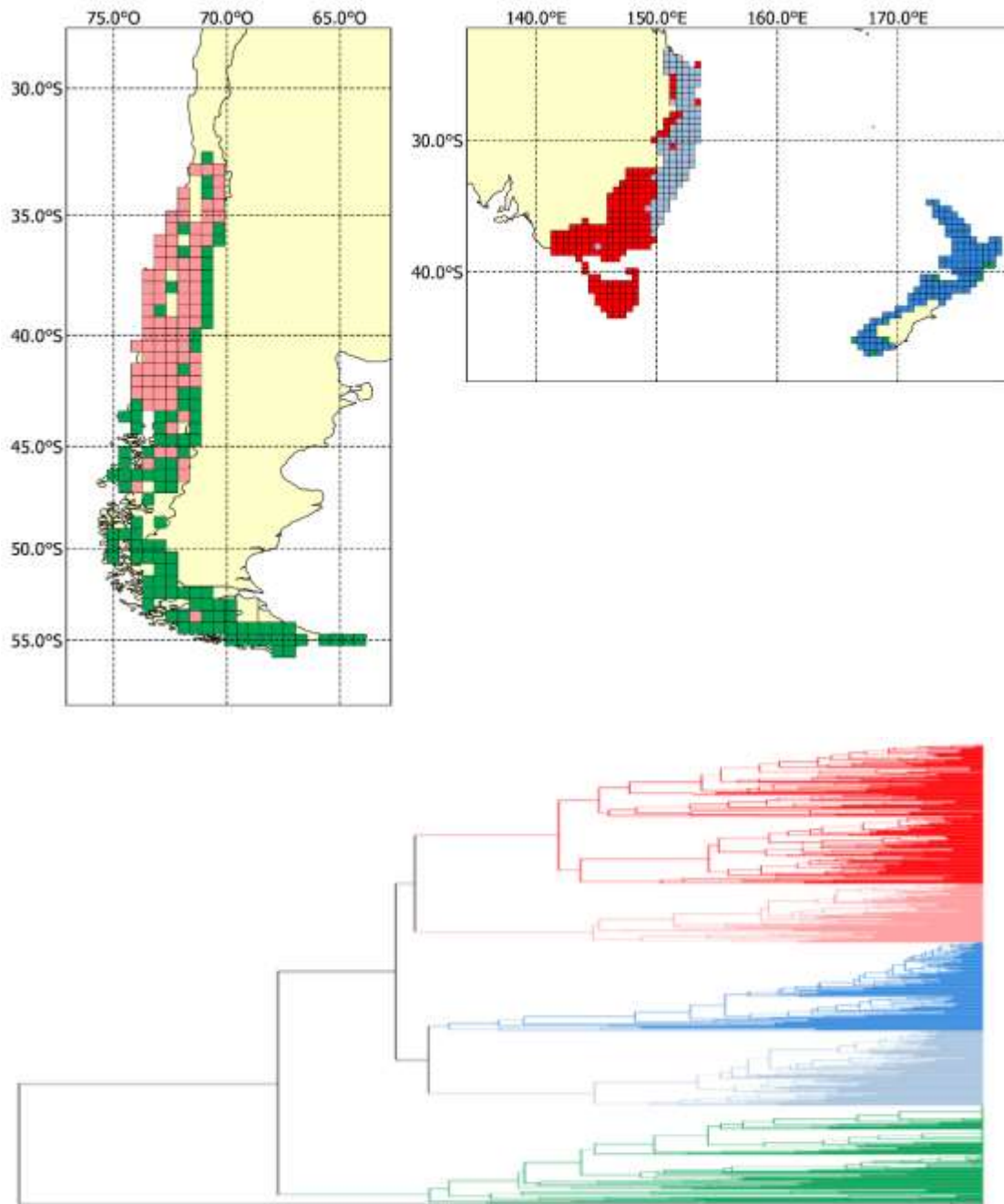


Figura 4. Análisis de agrupamientos para los tres territorios estudiados divididos en cuadrantes de 50 Km x 50 Km según índice de PhyloSørensen, donde se muestra diagrama de *clusters* que grafica distancia entre cuadrantes y asociaciones significativas en distintos colores.

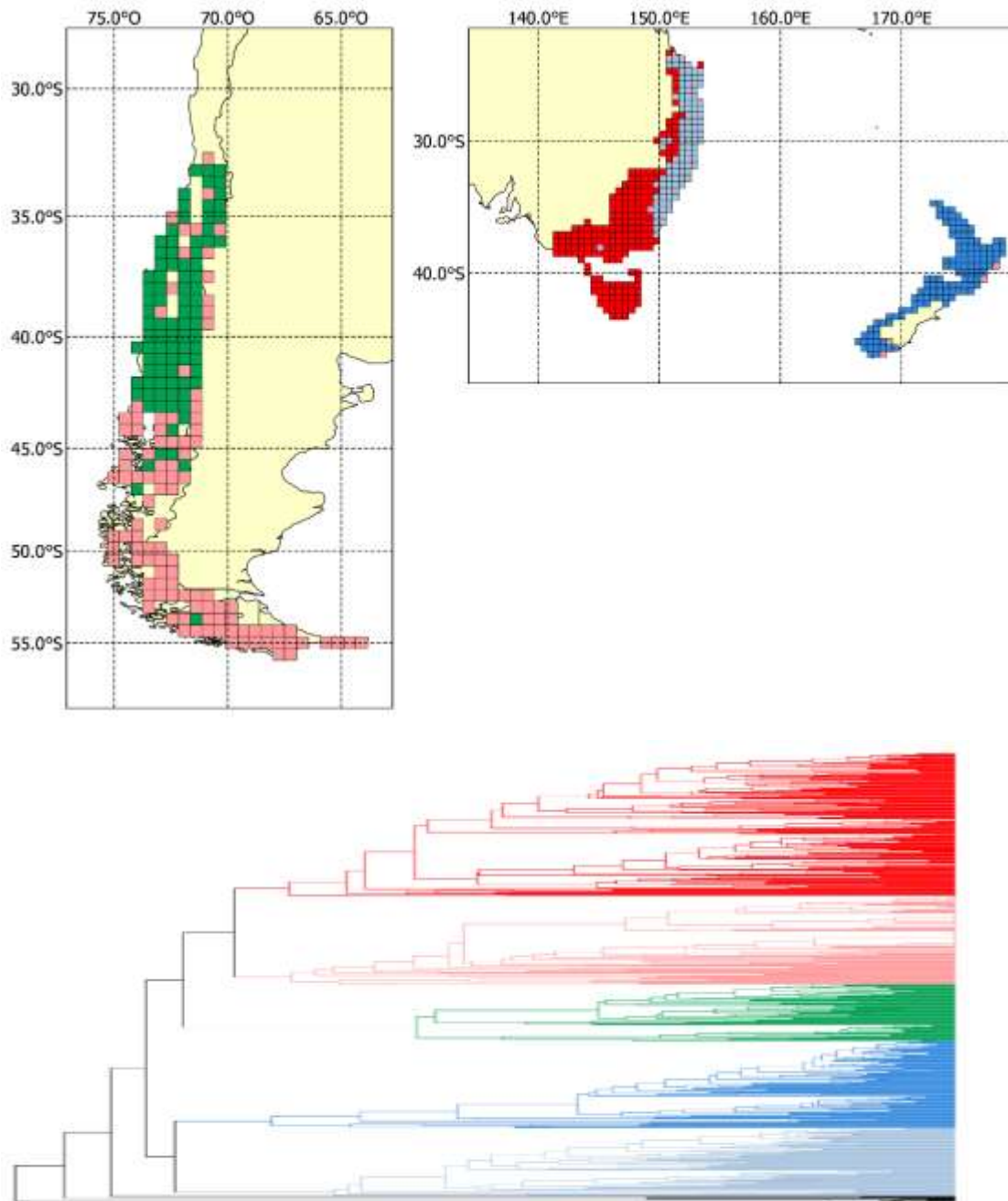


Figura 5. Análisis de agrupamientos para los tres territorios estudiados divididos en cuadrantes de 50 Km x 50 Km según PhyloRWTurnover, donde se muestra diagrama de *clusters* que grafica distancia entre cuadrantes y asociaciones significativas en distintos colores.

Riqueza de especies y diversidad filogenética

Las comunidades de los bosques templados del hemisferio sur se componen de 842 especies arbóreas en total, de las cuales 46 pertenecen a las gimnospermas (5,46% del total de especies) y 769 corresponden a angiospermas (94,54% del total de especies). De los tres territorios analizados, Australia presenta el mayor número de especies arbóreas, 535, seguido de Nueva Zelanda con 218 y Sudamérica con 93 especies, concentrándose los mayores valores de riqueza a nivel de cuadrante en la costa este australiana y en Nueva Zelanda, mientras que los bosques subpolares y el bosque valdiviano de Sudamérica presenta los cuadrantes con menor riqueza de especies (Fig. 6A). Myrtaceae es la familia con mayor riqueza de especies considerando la totalidad de las áreas de estudio (31,24% del total de especies), seguidas de Fabaceae (7,84%), Protaceae (3,92%) y Podocarpaceae (3,21%). A nivel local, Myrtaceae también es la familia de mayor riqueza en cada uno de los territorios estudiados, alcanzando el 43,18% del total de especies en Australia, seguida por Fabaceae que concentra 8,97% del total de especies para la zona. En Nueva Zelanda, Myrtaceae y Astearacea representan cada una el 9,17% del total de especies de la zona. Por último, en Sudamérica, Myrtaceae contiene el 15,05% de las especies de la zona, seguida de Nothofagaceae con el 10,75% (Tabla 1).

Considerando la riqueza de especies promedio de los territorios divididos en cuadrantes, se encuentra diferencia significativa entre los tres territorios para los niveles de riqueza y para cada par de combinaciones (Fig. 7).

Tabla 1. Riqueza de especies de los bosques templados del hemisferio sur total y por territorios. Se indica además número y porcentaje de especies para las familias más representativas.

Territorio	N	Familia	N	%
Hemisferio sur	842	Myrtaceae	263	31,24
		Fabaceae	66	7,84
		Proteaceae	33	3,92
		Podocarpaceae	27	3,21
Australia	535	Myrtaceae	231	43,18
		Fabaceae	48	8,97
		Proteaceae	26	4,86
		Sapindaceae	24	4,49
Nueva Zelanda	218	Myrtaceae	20	9,17
		Asteraceae	20	9,17
		Rubiaceae	18	8,26
		Podocarpaceae	16	7,34
Sudamérica	93	Myrtaceae	14	15,05
		Nothofagaceae	10	10,75
		Fabaceae	6	6,45
		Salicaceae	6	6,45

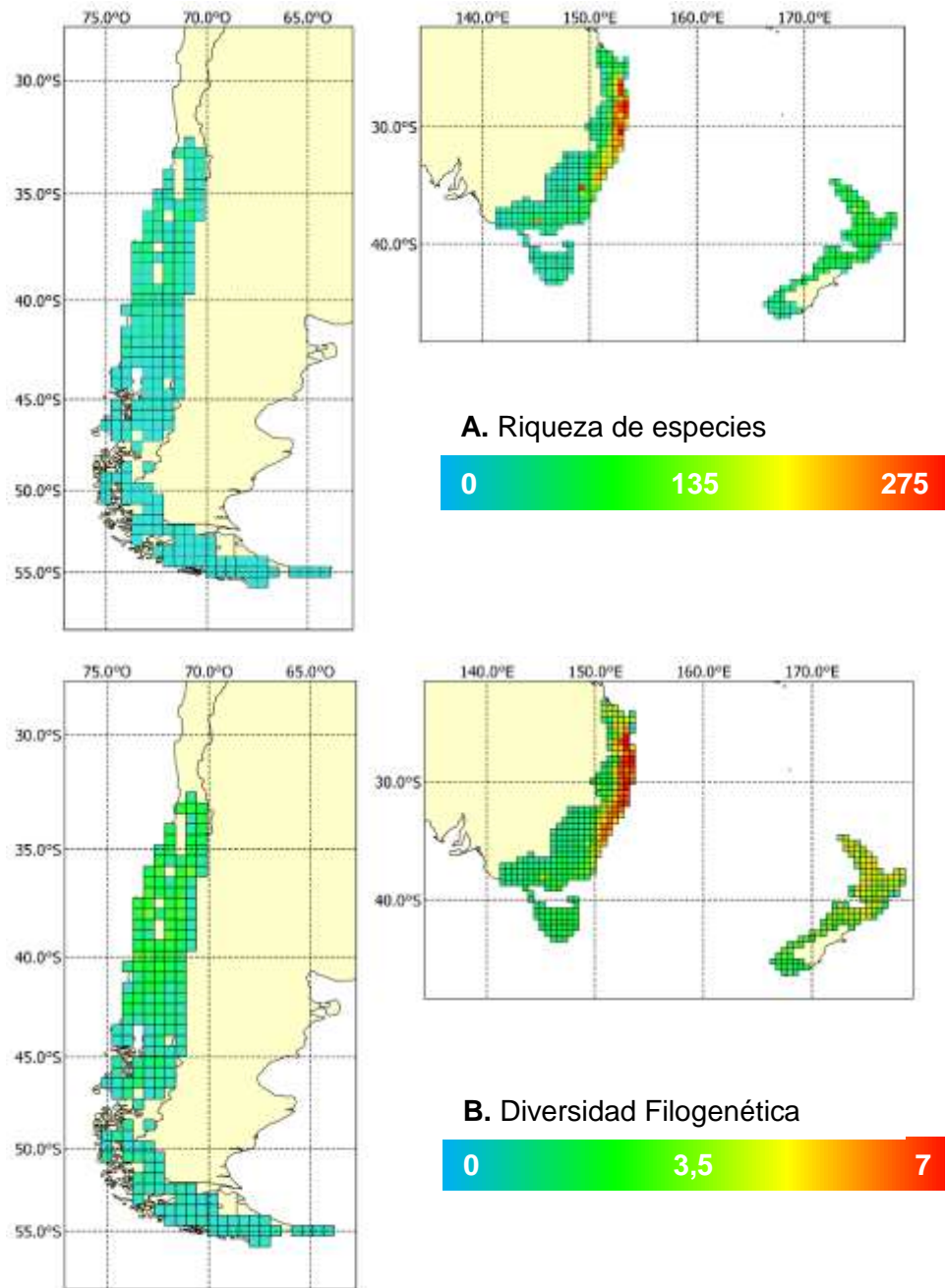


Figura 6. Mapas de (A) Riqueza de especies y (B) Diversidad Filogenética para los tres territorios estudiados, divididos en cuadrantes de 50 Km x 50 Km, en una escala donde los colores más fríos indican valores más bajos y los colores cálidos representan valores más altos.

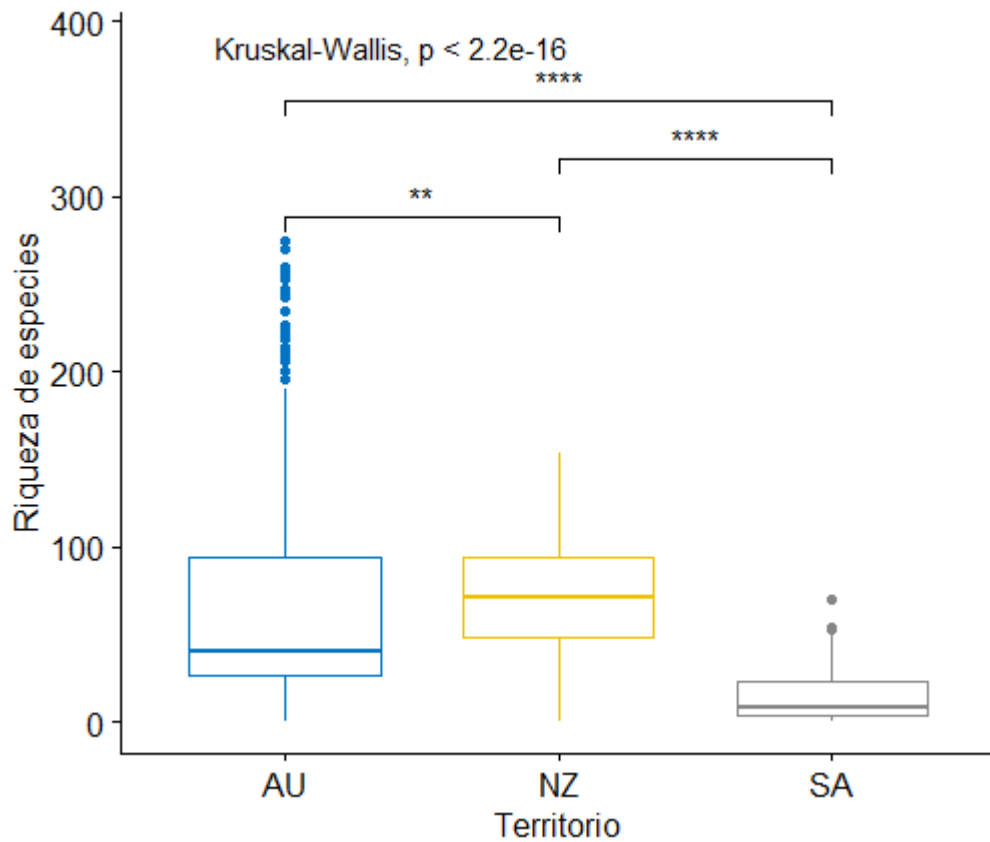


Figura 7. Comparación de los valores de riqueza de especies para los tres territorios estudiados. Se indican diferencias significativas según Kruskal-Wallis y según Wilcoxon para los pares de combinaciones ($p < 0,05^*$; $p < 0,01^{**}$; $p < 0,001^{***}$; $p < 0,0001^{****}$). AU: Australia, NZ: Nueva Zelanda y SA: Sudamérica.

Para la diversidad filogenética, se encontró diferencia significativa entre los tres territorios (Fig. 8). Nueva Zelanda presenta el promedio más alto ($PD \pm sd = 3,58 \pm 1,08$; $PD_{min} = 0,67$; $PD_{max} = 5,18$), seguida de Australia, que presenta los cuadrantes con valores máximos de diversidad filogenética ($PD \pm sd = 3,05 \pm 1,61$; $PD_{min} = 0,63$; $PD_{max} = 7,1$) y Sudamérica, que presenta los valores más bajos para el parámetro ($PD \pm sd = 1,67 \pm 0,89$; $PD_{min} = 0,37$; $PD_{max} = 3,87$), siguiendo las mismas tendencias que las encontrados para la riqueza de especies (Fig. 6B).

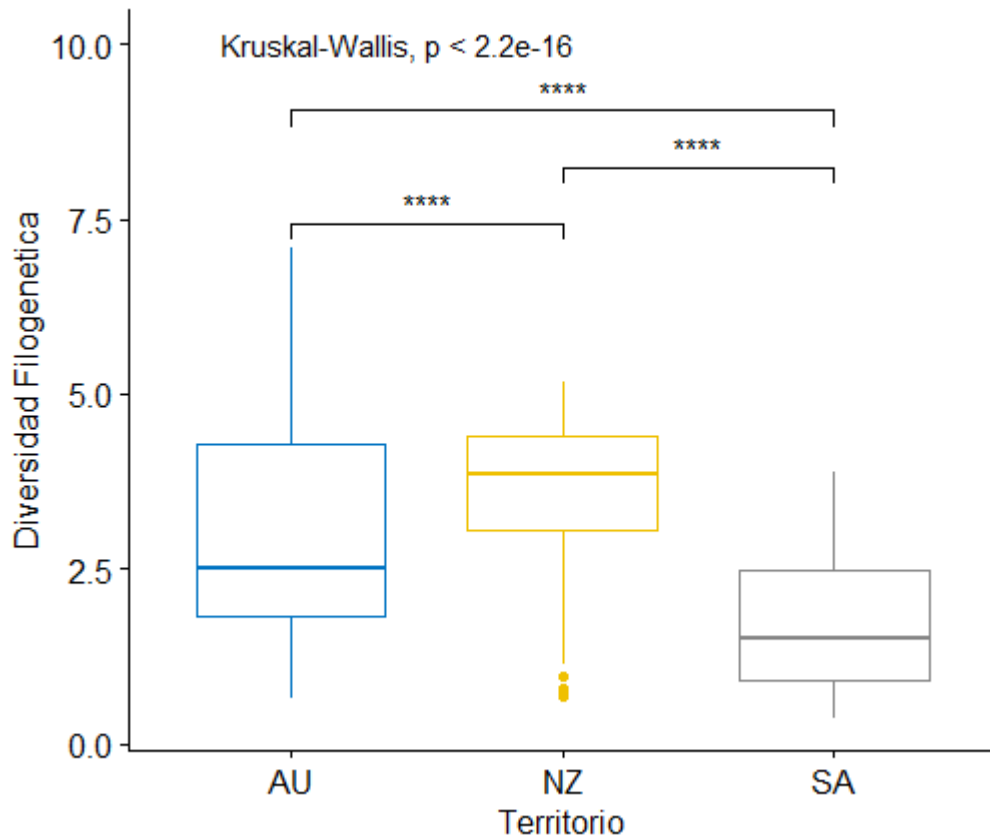


Figura 8. Comparación de valores de diversidad filogenética (PD) para los tres territorios estudiados, donde se indican diferencias significativas según Kruskal-Wallis y según Wilcoxon para los pares de combinaciones ($p < 0,05^*$; $p < 0,01^{**}$; $p < 0,001^{***}$; $p < 0,0001^{****}$). AU: Australia, NZ: Nueva Zelanda y SA: Sudamérica.

Los patrones de riqueza para género y especie en los territorios estudiados presentan proporciones similares (Fig. 9), mientras que se mantienen iguales para los valores de diversidad filogenética debido a la metodología empleada, pues la adición de ramas de largo despreciable no agrega valor numérico al índice.

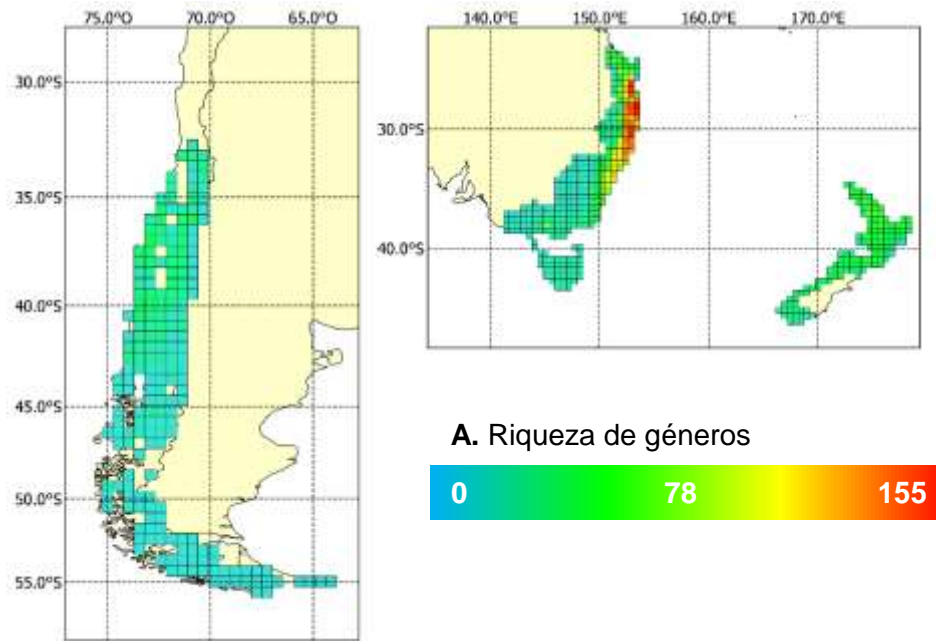


Figura 9. Mapa de Riqueza de géneros dividido en cuadrantes de 50 Km x 50 Km, en una escala donde los colores más fríos indican valores más bajos y los colores cálidos representan valores más altos.

Dispersión Filogenética

De los 645 cuadrantes que componen la grilla del área de estudio, 230 (35,65%) presentan valores de PD significativamente más altos o bajos comparados con un modelo nulo. En general, los bosques templados presentan menores niveles de diversidad filogenética para sus niveles de riqueza que lo esperado por azar, lo que indica que las comunidades tienden a estar hipodispersas; lo que es más evidente en el bosque magallánico de Sudamérica, el sudeste del continente australiano y la Isla Sur de Nueva Zelanda. Se encontraron solo dos cuadrantes hiperdispersos (Fig. 10).

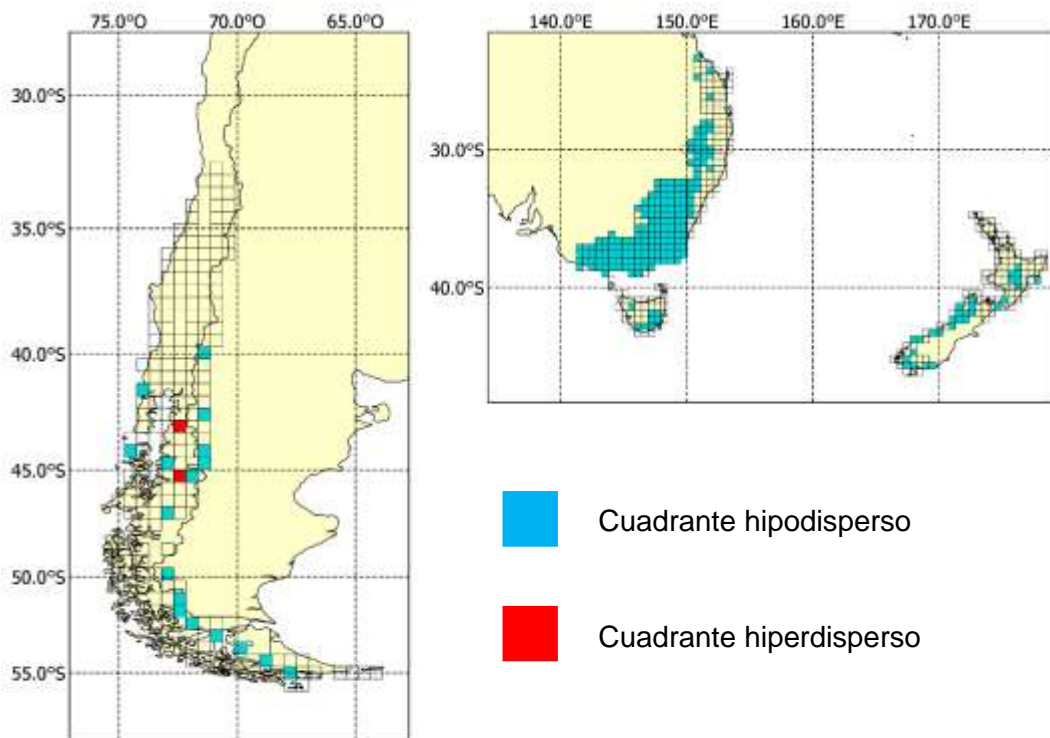


Figura 10. Mapas de dispersión filogenética para los tres territorios estudiados, divididos en cuadrantes de 50 Km x 50 Km, donde los cuadrantes coloreados de celeste indican cuadrantes significativamente hipodispersos y los cuadrantes coloreados de rojo indican cuadrantes significativamente hiperdispersos según un test de randomizaciones.

A nivel de género, los análisis siguen mostrando tendencia a la hipodispersión en todos los territorios, aunque de forma más dispersa y con menor cantidad de cuadrantes significativamente agrupados filogenéticamente. En zonas como el sudeste australiano o la Isla Sur de Nueva Zelanda, la tendencia hacia la hipodispersión no es tan notoria como lo es a nivel de especie (Fig. 11).

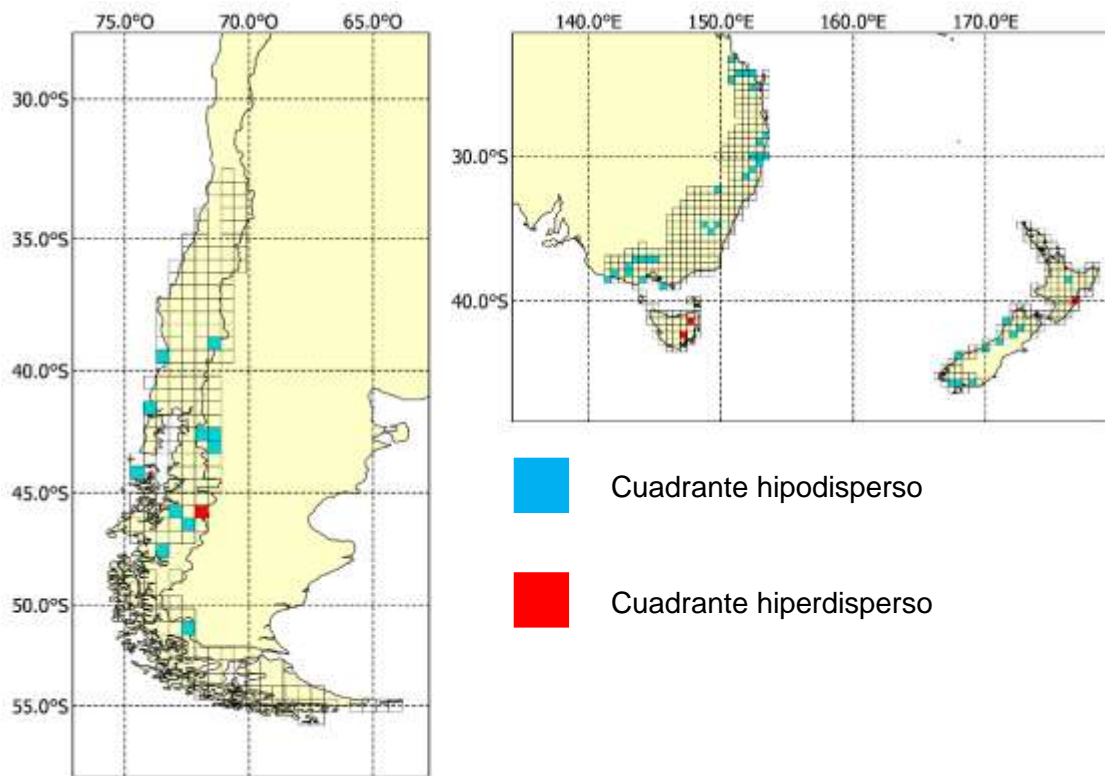


Figura 11. Mapas de dispersión filogenética a nivel de género para los tres territorios estudiados, divididos en cuadrantes de 50 Km x 50 Km, donde los cuadrantes coloreados de celeste indican cuadrantes significativamente hipodispersos y los cuadrantes coloreados de rojo indican cuadrantes significativamente hiperdispersos según un test de randomizaciones.

Análisis categórico de neo- y paleo- endemismo

El análisis categórico de neo- y paleo- endemismo (CANAPE) muestra que Sudamérica contiene la mayor proporción de celdas significativamente filoendémicas (26,13%), seguida de Nueva Zelanda con el 11,45% y Australia con un 4,82%.

En los bosques sudamericanos encontramos celdas neoendémicas, paleoendémicas, superendémicas y mixtas repartidas por el territorio. Los cuadrantes neoendémicos se concentran hacia el extremo norte del bosque valdiviano y la parte más septentrional del bosque subpolar, cuya extensión restante no muestra endemismo filogenético significativo. La mayoría de los cuadrantes del bosque valdiviano se clasifican como paleoendémicos, mixtos y superendémicos. Para Australia, se encuentran algunas celdas neoendémicas en la parte sur del área de estudio y una concentración de celdas de endemismo mixto en la parte norte. Por último, en Nueva Zelanda, el análisis arroja la presencia de cuadrantes mixtos y neoendémicos principalmente, concentrados en la Isla Norte. Aun así, la mayoría de los cuadrantes en Australasia no presentan endemismo filogenético significativo (Fig. 12A).

Al realizar el análisis categórico de neo- y paleo- endemismo a nivel de género puede observarse una subestimación de los niveles de endemismo filogenético, encontrándose menos cuadrantes significativamente paleoendémicos, de endemismo mixto y superendémicas, sin embargo, se identifica un número importante de celdas neoendémicas en el bosque magallánico (Fig. 12B).

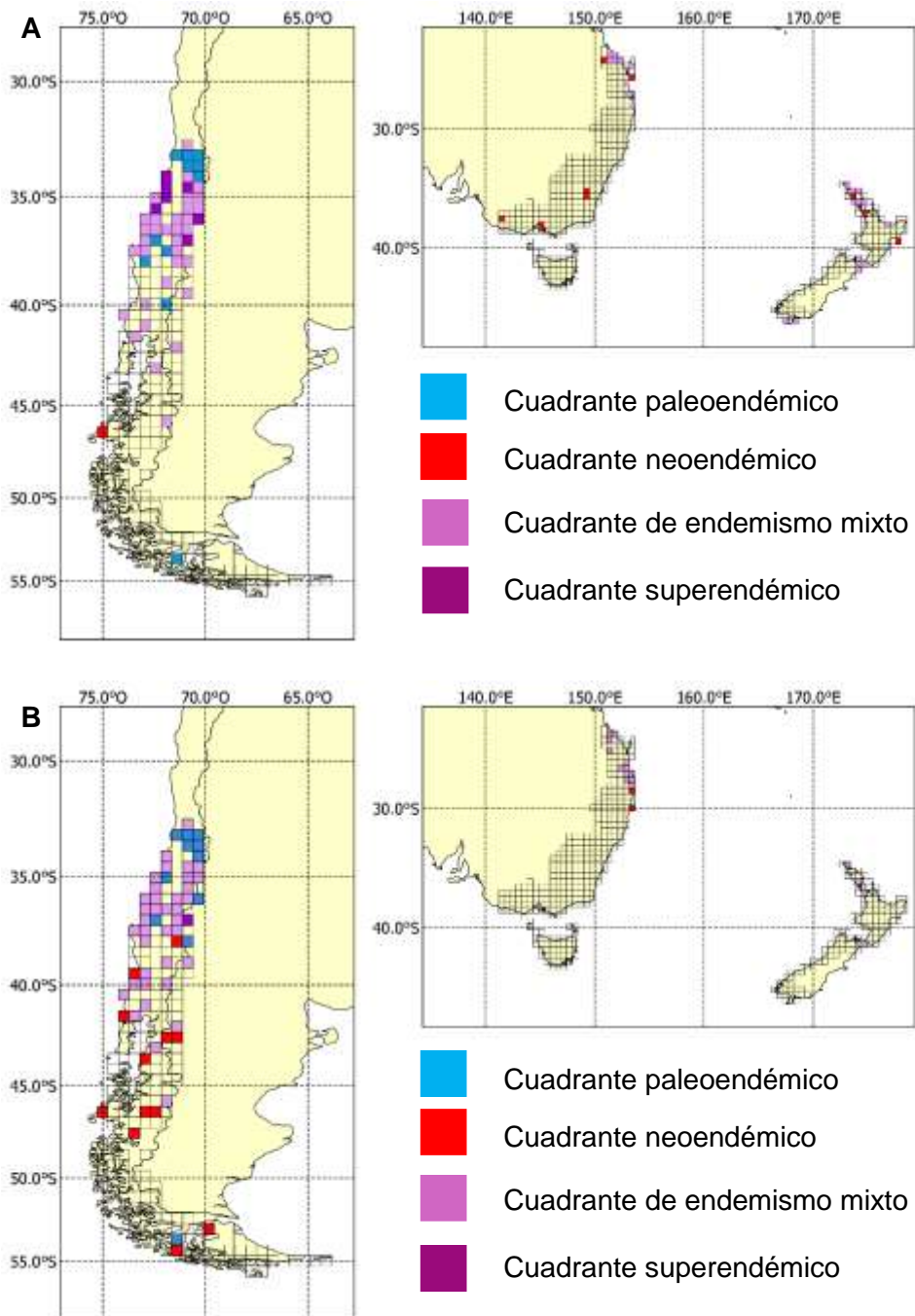


Figura 12. Mapas de análisis categórico de neo- y paleo- endemismo (CANAPE) para los tres territorios estudiados a nivel de (A) Especie y (B) Género, divididos en cuadrantes de 50 Km x 50 Km, donde se indican cuadrantes neo, paleo y super endémicos y de endemismo mixto.

Discusión

Los análisis que incluyen la historia filogenética en los patrones de distribución de taxa arbóreos permiten identificar el efecto de eventos históricos y filtros ambientales en los bosques templados del hemisferio sur sobre los niveles filodiversidad y otros indicadores asociados, encontrándose en este estudio mayores niveles de riqueza y diversidad filogenética en Australasia que en Sudamérica y una tendencia generalizada hacia la hipodispersión en los tres territorios evaluados. Los análisis de agrupamiento y de neo- y paleo- endemismo muestran que los cambios climáticos y geológicos del Cenozoico pudieron propiciar que bosques sudamericanos y del sudeste australiano mantengan un carácter relictivo de la flora gondwánica y que los de la costa este de Australia y Nueva Zelanda hayan recibido mayor contribución de fuentes externas.

La diferencia entre algunos resultados obtenidos con patrones globales de diversidad indica que la composición de las comunidades es resultado no solo de factores ambientales actuales, sino que también de la interacción con eventos biogeográficos ocurridos en el pasado como la deriva continental, cambios climáticos y procesos evolutivos (Cavender-Bares et al. 2004; Lovette & Hochachka 2006; Emerson & Gillespie 2008). En los sistemas estudiados, las radiaciones adaptativas asociadas al enfriamiento global del Oligoceno-Mioceno y la cercanía a fuentes de especies de origen tropical jugarían un rol determinante en los niveles de diversidad, agrupamiento y endemismo filogenético.

Para analizar mejor cómo la historia biogeográfica modula la configuración de los ensamblajes de especies arbóreas de los bosques templados del hemisferio sur, se relacionarán los indicadores de diversidad filogenética con los procesos y eventos que pueden explicar sus resultados.

Análisis de agrupamientos

Cuando se consideran solo las puntas de los árboles filogenéticos, se encuentra mayor cercanía entre los bosques de Australasia que con los bosques sudamericanos, como es esperable según la relación entre la distancia geográfica y la similitud entre comunidades (Soininen et al. 2007). Sin embargo, al realizar el análisis considerando las ramas compartidas entre cuadrantes y el rango de distribución de ellas, los resultados cambian, reflejando asociaciones que responden a causas que van más allá de la ubicación actual de los bosques templados.

Al hacer el análisis de agrupamiento con PhyloSørenson y PhyloRWTurnover, los territorios de Australia y Sudamérica se dividen mostrando distinto grado de similitud con las zonas de transición para las ecorregiones descritas por Olson y col. (2001). En el caso de Australia, se delimita con precisión la costa este australiana y el sudeste australiano, que no se separa de las ecorregiones de Tasmania (Fig. 2), mientras que, para Sudamérica, la zona de transición se posiciona en torno a los 43°S-44°S según el análisis, pero es situada en ~47°S según Olson y col. (2001), lo que estaría siendo afectado por las características del muestreo en la zona. El patrón arrojado por el análisis de recambio filogenético ponderado por rango sobre Sudamérica es sustancialmente menos definido para la zona de transición, sin embargo, muestra un alto grado de paralelismo con CANAPE, pues aquellas zonas donde se concentra la mayor cantidad de cuadrantes significativamente endémicos corresponden con el *cluster* del bosque valdiviano, mientras que aquellos sectores sin endemismo significativo tienden a ser clasificados en el *cluster* donde se encuentra principalmente el bosque subpolar. Esto responde a que RWPhyloTurnover otorga más valor a los linajes de distribución más restringida, por lo que aquellas comunidades con mayor número de linajes restringidos,

es decir más endémicos, son las más disimiles.

A diferencia de lo esperable según la distancia geográfica, la ecorregión de los bosques templados del sudeste australiano, muestra mayor relación con Sudamérica que con la ecorregión de la costa este australiana y Nueva Zelanda. La flora de las dos ecorregiones principales de la plataforma continental australiana presenta diferencias importantes, determinadas por la contribución de linajes desde Asia y Malesia, la cual es superior en la costa este que en el sudeste australiano, que mantiene en mayor medida el carácter relictivo de la flora gondwánica (Sniderman & Jordan 2011), al igual que los bosques de Sudamérica. A su vez, varios linajes de la flora de Nueva Zelanda poseen su origen en los bosques de Australia o los han colonizado luego de los periodos de diversificación mencionados anteriormente, lo que indica la importancia de los eventos de dispersión, principalmente desde los cambios ambientales del Neógeno (Winkworth et al. 2002).

Riqueza de especies y diversidad filogenética

Los valores de riqueza y de diversidad filogenética obtenidos para los territorios estudiados son coherentes con patrones de biodiversidad asociados a la variación latitudinal, según los que se espera mayores niveles de riqueza de especies a menores latitudes (Rosenzweig 1992; Chown & Gaston 2000; Gaston 2000), pero no siguen las mismas tendencias descritas por otros modelos, como la relación área-especie, que indica que en áreas más grandes existe un mayor número de taxa (Dengler 2009), pues la riqueza observada en los bosques templados de Sudamérica es menor que en Nueva Zelanda. Esto indica que los patrones generales de riqueza a nivel global no son suficientes para dar respuesta a los resultados de los análisis realizados en este estudio, por lo cual, se plantearán posibles causas que los expliquen.

Australia es el territorio que concentra los niveles más altos de riqueza y diversidad filogenética, principalmente en la parte más septentrional de la costa este, alcanzando 275 especies en su cuadrante con mayor índice de riqueza, con un promedio de 71 y un total de especies de 535 para toda la región. La acumulación de taxa en esta zona se puede atribuir a una combinación de factores, partiendo con la migración de la placa australiana hacia el noroeste, hace ~40 Ma. Durante este proceso, el volcanismo provocado por la colisión con la placa euroasiática permitió la formación de islas que habrían servido de puente para el intercambio de especies con regiones tropicales, que constituirían una importante fuente de linajes para Australia (Willford & Brown 2017). Junto con esto, hasta hace ~15 Ma, la gran mayoría del territorio australiano estaba dominada por vegetación templada-tropical, lo que habría permitido la diversificación de esta flora, como es esperable según la relación área-especies (Dengler 2009). Con la desecación del continente hasta finales del Mioceno, la gran diversidad florística quedó confinada a los bosques templados y tropicales que se encuentran en la actualidad (Markgraf et al. 1995).

Por su parte, las islas de Nueva Zelanda promedian valores muy cercanos a los de Australia, en torno a las 69 especies por cuadrante, con un total de 218 para todo el territorio y un máximo de 174 especies en un solo cuadrante. Este patrón puede ser el resultado de dos procesos con efectos contrapuestos. Por un lado, teniendo en cuenta que el territorio neozelandés ha tenido características insulares desde su formación, siempre estuvo sometido a las consecuencias del aislamiento geográfico y de su reducida extensión (Fleming 1975), que, en conjunto, aumentan las probabilidades de extinción de especies y limitan la posible llegada de colonizadores (Simberloff 1974). Esto puede ser ejemplificado por la importante pérdida de géneros en las familias Myrtaceae y Protaceae y la desaparición del subgénero *Brassospora*, entre el Eoceno y

el Pleistoceno, a causa del descenso de la temperatura y el reemplazo por otras especies (Lee et al. 2001), la gran disminución de *Agathis*, que hasta principios del Mioceno se distribuía por gran parte del territorio neozelandés y hoy está restringido al extremo norte (Lee et al. 2007) y por la falta de registros fósiles de nuevas especies de origen externo en los últimos ~40 Ma (Lee et al. 2016). Sin embargo, posterior a las extinciones provocadas por el enfriamiento del territorio, los niveles de riqueza aumentaron, asociados a la radiación de algunos géneros como *Coprosma* y *Pittosporum* (Lee et al. 2016), lo que se refleja en los patrones de dispersión filogenética.

El registro fósil de Sudamérica indica que, al igual que Nueva Zelanda, el enfriamiento ocurrido en el Oligoceno-Mioceno y los cambios orográficos serían responsables de una importante pérdida de linajes en el territorio que desaparecieron simultáneamente en ambos bosques, como *Eucalyptus* y *Casuarinaceae* (Lee et al. 2016), y darían origen a los bajos niveles de riqueza y diversidad filogenética en el territorio sudamericano. Entre los posibles mecanismos que habrían impedido la recuperación de la cantidad de linajes en esta zona se puede mencionar el mayor grado de aislamiento que posee el bosque templado de Sudamérica respecto a posibles fuentes de especies colonizadoras (Arroyo et al. 1996). Otra posible causa es la hipótesis denominada trinquete del Pleistoceno, que sugiere que la baja dispersabilidad de algunas especies dificultaría la recuperación del rango original luego de periodos glaciares, limitando la distribución de las especies en el territorio y coartando sus posibilidades de especiación (McGlone et al. 2016).

Con respecto a las familias con mayor presencia de taxa en los tres territorios estudiados, la que cuenta con mayor número de representantes en los bosques templados del hemisferio sur es *Myrtaceae*. El registro fósil indica la presencia de este grupo en toda la zona Australia/Antártica/Sudamérica hacia finales del Cretácico

superior, en la que los territorios se encontraban conectados y con clima templado. La familia pudo haber estado más expuesta a procesos de extinción en la zona que actualmente corresponde a bosques templados en Sudamérica, logrando mayor éxito en las regiones tropicales del continente, donde innovaciones adaptativas, como cambios en la estructura del embrión, habrían jugado un rol clave en ambientes más competitivos (Landrum & Stevenson 1986; Vasconcelos et al. 2017). Por su parte, en Australia, la familia atravesó un proceso de radiación importante entre los ~80 Ma y ~30 Ma, asociado a la separación de la placa Australiana de la Antártida y la aridificación del continente, junto con el desarrollo de vegetación escleromórfica-xeromórfica (Sytsma et al. 2004).

En Sudamérica, Nothofagaceae es la segunda familia con mayor número de especies, la cual presentó una distribución extendida durante finales del Cretácico y posteriormente quedó confinada a los bosques templados, manteniéndose como un componente importante de la flora de este tipo de bioma (Villagrán & Armesto 2005). En el caso de Nueva Zelanda, las Astearaceae presentan igual número de representantes que Myrtaceae, donde la mayoría de las especies corresponden a género *Olearia*. Este grupo presenta formas arborescentes muy inusuales en Asteraceae, lo que constituyen una cualidad particular del paisaje neozelandés (Heads 1998) y su diversificación estaría relacionada con el levantamiento de los Alpes del Sur durante los últimos ~5 Ma (Wagstaff et al. 2007).

Dispersión Filogenética

Como se había planteado en la hipótesis, los resultados muestran una tendencia para los tres territorios, en menor o mayor grado, hacia el agrupamiento filogenético, encontrándose solo un cuadrante hiperdispersos (en Sudamérica) frente a los 229 cuadrantes hipodispersos. Éstos se concentran en tres regiones: el bosque subpolar de

Sudamérica, el sudeste australiano y la Isla Sur de Nueva Zelanda.

La Isla Sur de Nueva Zelanda, donde el patrón de hipodispersión se extiende, aunque en menor medida, hacia la Isla Norte, está marcada por los procesos de diversificación de algunos géneros durante el levantamiento de los Alpes del Sur, desde hace ~8 Ma, periodo que coincide con la radiación de los géneros más abundantes para este bosque: *Coprosma*, *Olearia*, *Pittosporum* y *Dracophyllum* (Heads 1998; Wagstaff et al. 2010; Cantley et al. 2016). La diversificación de géneros asociada a la actividad orogénica, que además de levantar ambas islas, puso a disposición extensiones de tierra que se habían hundido durante la introgresión marina del Oligoceno (McGlone, Buitenwerf & Richardson 2016), daría cuenta del agrupamiento filogenético en esta zona. De forma análoga, aunque producto de un periodo más extenso que parte hace ~40 Ma con la migración del continente, Australia también desarrolló géneros numerosos, asociados a diversificaciones más recientes, los cuales tienden a estar más agrupados filogenéticamente, reflejándose en un mayor número de géneros por familia respecto a los otros bosques templados del hemisferio y que responde a procesos de diversificación más tempranos. Entre los grupos más diversos destacan los géneros *Eucalyptus*, *Corymbia* y *Syzygium*, pertenecientes a las Myrtaceas y el género *Acacia* dentro de las Fabaceas. En Sudamérica, el patrón es menos generalizado, lo que daría cuenta de la mezcla de especies agrupadas y dispersas filogenéticamente. La presencia del género *Nothofagus*, el más diverso del bosque templado sudamericano, en el bosque patagónico aumentaría el nivel de agrupamiento en las comunidades, cuya diversificación en el continente empieza hace ~25 Ma, durante el enfriamiento del Oligoceno-Mioceno (Sauquet et al. 2011).

Tanto en Sudamérica como en Nueva Zelanda se esperaba encontrar patrones de hiperdispersión filogenética, pues se ha sugerido que procesos de extinción podrían

dar origen a este tipo de ensamblajes (Purschke et al. 2013), sin embargo, la estructura de las comunidades podría estar determinada por procesos más complejos. Cavender-Bares y col (2009) y Li y col. (2015) sugieren que tanto patrones de hiper- e hipodispersión filogenética pueden resultar de procesos de extinción. Si los taxa extintos están dispersos filogenéticamente, la comunidad resultante tendería hacia la hiperdispersión, mientras que, si la extinción afectó grupos de especies emparentadas entre sí, ésta podría dar origen a ensamblajes hipodispersos. Los autores indican que colonizaciones posteriores a la sucesión ecológica también afectarían la estructura comunitaria, en función de la relación filogenética que tengan los colonizadores con los residentes de la comunidad, lo que dependerá de la importancia de filtros ambientales. En el caso de los bosques templados del hemisferio sur, los procesos de extinción provocados por el enfriamiento del planeta durante el Oligoceno-Mioceno habrían afectado principalmente a especies con poca tolerancia al frío, rasgo conservado filogenéticamente (Hawkins et al. 2014), aumentando el grado de agrupamiento filogenético de las comunidades. Posteriormente, las extinciones habrían sido sucedidas por radiaciones en diferentes grupos como Myrtaceae y Nothofagaceae, con mayor intensidad en Australia y Nueva Zelanda que en Sudamérica. De esta forma, el ensamblaje de especies en los bosques templados se configuraría en un proceso de dos pasos: (a) extinción de especies debido al periodo de enfriamiento, generando comunidades agrupadas filogenéticamente y (b) expansión y radiación de linajes mejor adaptados a las nuevas condiciones climáticas debido a la apertura de ecoespacios antes ocupados (Solé, Montoya & Erwin 2002) reforzando el carácter hipodisperso en la comunidad.

Análisis categórico de neo- y paleo- endemismo

Los niveles de endemismo filogenético en los territorios estudiados siguen las líneas

propuestas en la hipótesis de este trabajo, que plantea que los niveles de endemismo en orden decreciente se encuentran en Sudamérica que posee la mayor cantidad de cuadrantes significativamente endémicos con respecto a su área total, alcanzando más de un cuarto de su superficie (26,13%), seguida de Nueva Zelanda con el 11,45% de su superficie catalogada como cuadrantes significativamente endémicos y Australia, con solo el 4,82%. En cuanto al tipo de endemismo, Sudamérica presenta cuadrantes paleoendémicos y de endemismo mixto principalmente, mientras que los bosques australásicos solo presentan cuadrantes de endemismo mixto y neoendémicos.

La mayor concentración de celdas significativamente endémicas se encuentra en la zona norte de los tres territorios, sobre los $\sim 38^{\circ}\text{S}$ en Sudamérica, $\sim 37^{\circ}\text{S}$ en Nueva Zelanda y $\sim 29^{\circ}\text{S}$ en Australia, lo que da cuenta del proceso paulatino de diferenciación de los territorios: más desarrollado en zonas septentrionales, donde además existe mayor llegada de grupos tropicales, a diferencia de las zonas más al sur, que aun comparten un número importante de linajes debido al menos tiempo de divergencia. De la misma forma, en una escala temporal más reciente, las glaciaciones del Pleistoceno habrían comprimido el rango de distribución de algunos taxa hacia el norte y en refugios glaciares (Hewitt 1996), lo que propiciaría el incremento de los niveles de endemismo filogenético en determinadas zonas y en mayor medida para los territorios más afectados por las glaciaciones.

Tal como se mencionó en la sección anterior, en Nueva Zelanda ocurrieron diversificaciones importantes de géneros luego de las extinciones del Oligoceno-Mioceno, varias de ellas con datación posterior al comienzo del levantamiento de los Alpes del Sur; por ejemplo: *Coprosma* con un peak hace ~ 5 Ma, *Olearia* hace ~ 3 Ma y *Dracophyllum* hace $\sim 5,3$ Ma. Debido al aislamiento del territorio neozelandés, la dispersión de estos taxa a otros territorios fue difícil, lo que es evidente al considerar la

escasa representación actual de los linajes más diversos de Nueva Zelanda en otros territorios. Winkworth y col. (2002) describe que varios linajes de plantas colonizaron Nueva Zelanda y se diversificaron rápidamente, a la vez que algunos de ellos se extinguían en Australia y Sudamérica, dejándolos como linajes neoendémicos del territorio neozelandés.

En Australia destaca el sector norte de la ecorregión de la costa este por una concentración de celdas de endemismo mixto. Esta zona es reconocida como una región con alto grado de endemismo dentro de la flora australiana, donde se encuentran además llanuras costeras y matorrales de montaña que constituyen paisajes únicos con altos índices de biodiversidad (McDonald & Elsol 1984) y es identificada también con esta característica por Tornhill y col. (2016) en su estudio sobre diversidad filogenética en la flora australiana. Estos autores tampoco encuentran un número importante de celdas con endemismo filogenético en los bosques templados de Australia continental, sin embargo, reconocen una concentración de celdas superendémicas y de endemismo mixto en la isla de Tasmania, específicamente en la zona occidental, que no se detecta en este estudio. Esta diferencia puede deberse a que Tornhill y col. (2016) trabajaron con géneros de angiospermas presentes en la zona, mientras que en este trabajo se usaron especies arbóreas. Jackson (1999) indica que los bosques templados presentes en Tasmania poseen una fisonomía particular debido al efecto de fuegos causados por los aborígenes durante los últimos 12.000 años. Los incendios forestales transformaron los bosques en sabanas, que luego de la colonización europea volvieron a reconfigurarse como matorral de tipo templado, pero con una importante pérdida de taxa arbóreas (Duncan 1999), lo que podría explicar por qué el endemismo filogenético de la zona no logra ser identificado en este trabajo. En conjunto con esto, la isla de Tasmania, siendo la región más austral del continente australiano, comparte un número no menor de linajes

arbóreos con Sudamérica, como Proteaceae, Cunoniaceae, Winteraceae y el género *Nothofagus*, lo que puede ser explicado por el menor tiempo de diferenciación entre estos territorios debido al mayor tiempo de conectividad a través de la Antártida.

Los bosques templados de Sudamérica presentan la mayor proporción de cuadrantes significativamente endémicos y, a diferencia de los territorios australásicos, incluye cuadrantes paleo- y superendémicos. Scherson y col. (2017) también reconoce una concentración de cuadrantes paleoendémicos en el sur del territorio chileno, a diferencia del norte del país donde la flora endémica es más reciente. La diferencia en el tipo de endemismo filogenético de los bosques templados sudamericanos con respecto a los bosques australásicos se relaciona con la diferencia en el movimiento de los continentes en el Cenozoico. Durante el tiempo que estuvo unida a la Antártida, el cono sur de Sudamérica era un centro de diversificación en donde se originaron taxa que posteriormente migraron hacia otras zonas templadas (Dettmann 2017). Tras la separación de los continentes, Australia y Nueva Zelanda se trasladaron latitudinalmente en torno a los 40° y 20° hacia el ecuador respectivamente, mientras que Sudamérica no se movió más de 10° en la misma dirección, manteniendo cierto nivel de estabilidad climática, tal como indicaba Turchetto-Zolet y col. (2013). Markgraf y col. (1995) sugieren que los bosques sudamericanos presentaron tasas de diversificación y extinción más bajas que los territorios australásicos, marcados por importantes diversificaciones más recientes, manteniendo así un importante componente paleoendémico. Otro factor relevante en el grado de endemismo de este territorio fue el efecto que tuvo la paleoflora mixta del Paleogeno al impedir la expansión de los bosques tropicales hacia territorios templados durante los óptimos de temperatura del mismo periodo, evidenciado por la diversidad de gimnospermas en los bosques templados y la ausencia de importantes clados neotropicales (Segovia & Armesto 2015).

Efectos de nivel taxonómico

Debido a la escasa disponibilidad de secuencias a nivel de especie, pero con una cobertura aceptable a nivel genérico (96%), el árbol filogenético reconstruido en este estudio se llevó a cabo usando una especie por cada género para resolverlo a este nivel taxonómico, lo que ha permitido analizar patrones generales de diversidad filogenética y métricas asociadas en otros estudios similares (Fritz & Rahbek 2012; Schmidt-Lebuhn et al. 2015; Tornhill et al. 2016; Molina-Venegas et al. 2017; Scherson et al. 2017). Sin embargo, ignorar el número de especies en cada género puede llevar a obviar ciertos patrones relacionados con procesos observados a esta escala taxonómica, como las diversificaciones recientes mencionadas anteriormente. Las diferencias encontradas en este estudio al comparar los resultados a nivel de género y especie son similares a las obtenidas por Schmidt-Lebuhn y col. (2015) y Heenan y col. (2017), en la que el número de cuadrantes con dispersión y endemismo filogenético significativo son menores a nivel de género que a nivel de especie. Para la metodología empleada en este estudio, esta subestimación puede ser explicada por el mayor poder estadístico asociado a más unidades taxonómicas y a los efectos propios de la adición de taxa emparentados entre sí, que contribuye a aumentar el grado de agrupamiento filogenético y que puede tener efectos diversos sobre el grado de endemismo filogenético dependiendo de la diferencia en la distribución de los géneros y las especies pertenecientes a cada uno de ellos (Schmidt-Lebuhn et al. 2015).

Limitaciones y efectos de muestreo

Un problema a nivel global es la amplia heterogeneidad en la cantidad de

georreferencias entre distintos países y dentro del área de cada uno de ellos, principalmente en países en desarrollo (Mennecke & West 2001).

La base de datos de ocurrencias para los bosques templados de Sudamérica, distribuida casi en su totalidad en territorio chileno, se compone de registros de universidades, museos y fundaciones, cuya recopilación en GBIF como iniciativa gubernamental se inició recién en 2016 (GBIF Chile – MMA, 2019). En estos registros, solo 106.855 ocurrencias corresponden a especies de plantas dentro de todo el territorio de Chile, de las cuales, 11.173 son árboles presentes en la ecorregión de tipo bosque templado. En Australia y Nueva Zelanda, en cambio, las bases de datos colaborativas datan de 2003 y 2010 respectivamente, con la formación de Australia's Virtual Herbarium y New Zealand's Virtual Herbarium, que actualmente se encuentran unificadas en el Australasian's Virtual Herbarium (AVH). En Australia, solo en la franja entre los 140°E y 155°E, existen 12.713.441 georreferencias de especies vegetales, de las cuales 833.355 pertenecen a especies de árboles en bosques templados, y en Nueva Zelanda, los registros de estas especies alcanzan las 388.414 ocurrencias, de un total de 2.119.288 para especies de plantas en todo el territorio del país.

A su vez, la heterogeneidad en el esfuerzo de muestreo dentro de un mismo territorio es un problema común (Hortal et al. 2007; Scherson et al. 2017) y puede ser identificado en el mapa de riqueza de especies de este estudio (Fig. 3A) y su gráfico respectivo (Fig. 4), donde varias celdas se escapan sustancialmente de los valores de su entorno o de los valores promedios, lo que puede ser atribuido a iniciativas de muestreo exhaustivo de poca extensión geográfica.

La importante diferencia en la cantidad de registros disponibles en línea para los bosques templados sudamericanos respecto a los australásicos pone de manifiesto la necesidad de dirigir mayores esfuerzos en continuar recopilando datos de biodiversidad,

tanto en número como en extensión y variedad taxonómica.

A pesar de las diferencias en las características del muestreo o de la heterogeneidad interna de referencias en los territorios, y tal como se observa en los resultados de este estudio, Scherson y col. (2018) indican que es posible distinguir patrones de diversidad filogenética que apuntan en las direcciones correctas aun cuando la base de datos es escasa y que un mayor número de datos permitiría trabajar a mayor resolución, pero que difícilmente cambiaría las tendencias encontradas. La falta de homogeneidad en el muestreo pierde relevancia cuando los análisis involucran métodos estadísticos apropiados como las randomizaciones (Scherson et al., 2017). Esto se puede observar en los resultados obtenidos en los distintos análisis de este estudio, los cuales muestran patrones definidos y consistentes entre sí y que son coherentes con la teoría subyacente en cada caso.

Conclusiones

A partir de los resultados obtenidos y su posterior análisis, se presentan las siguientes conclusiones:

1. La contribución de linajes de origen tropical y las diversificaciones asociadas a cambios climáticos en el Neógeno, posteriores a las extinciones ocurridas durante el enfriamiento del Oligoceno pueden explicar que los bosques templados de Australia presenten los mayores niveles de riqueza y diversidad filogenética, seguidos por los de Nueva Zelanda y Sudamérica.
2. Los bosques templados del hemisferio sur muestran tendencia hacia la hipodispersión, lo que puede ser atribuido al efecto de radiaciones importantes debido a la apertura de ecoespacios tras la extinción selectiva de linajes debido a eventos geológicos y climáticos como la introgresión marina y el descenso de temperatura del Oligoceno.
3. Los bosques templados de Sudamérica concentran más endemismo filogenético que sus pares australásicos, debido al mayor grado de aislamiento de fuentes colonizadoras y la menor dispersabilidad de los taxa. Mientras que este territorio encontramos súper- y paleoendemismo significativo, los bosques de Australia y Nueva Zelanda solo muestran neoendemismo y endemismo mixto significativo, lo que indica la importancia de las radiaciones recientes en la composición de estas comunidades.
4. Los bosques sudamericanos y del sudeste australiano guardan similitudes basadas en su ancestría común, con baja influencia de migraciones de linajes desde otras fuentes, mientras que la costa este australiana y Nueva Zelanda presentan una mayor contribución de linajes de origen tropical.

Bibliografía

- Ackerly, D. D., Schwilk, D. W., & Webb, C. O. (2006). Niche evolution and adaptive radiation: testing the order of trait divergence. *Ecology*, 87(sp7), S50–S61.
- Anderson, J. M., Anderson, H. M., Archangelsky, S., Bamford, M., Chandra, S., Dettmann, M., Hill, S., McLoughlin, M & Rösler, O. (1999). Patterns of Gondwana plant colonisation and diversification. *Journal of African Earth Sciences*, 28(1), 145–167.
- Arroyo, M. T. K., Riveros, M., Peñaloza, A., Cavieres, L., & Faggi, A. M. (1996). Phytogeographic relationships and regional richness patterns of the cool temperate rainforest flora of southern South America. En *High-latitude rainforests and associated ecosystems of the west coast of the Americas* (pp. 134-172). Springer, New York, NY.
- Beech, E., Rivers, M., Oldfield, S., & Smith, P. P. (2017). GlobalTreeSearch: The first complete global database of tree species and country distributions. *Journal of Sustainable Forestry*, 36(5), 454-489.
- Boland, D. J., Brooker, M. I. H., Chippendale, G. M., Hall, N., Hyland, B. P. M., Johnston, R. D., Kleinig, D.A., McDonald, M.W. & Turner, J. D. (Eds.). (2006). *Forest trees of Australia*. CSIRO publishing.
- Breitwieser I., Brownsey P.J.; Heenan P.B., Nelson W.A., Wilton A.D. eds. (2010) *Flora of New Zealand Online*. Accedido en www.nzflora.info durante 2018.
- Bruun, H. H., Moen, J., Virtanen, R., Grytnes, J. A., Oksanen, L., & Angerbjörn, A. (2006). Effects of altitude and topography on species richness of vascular plants, bryophytes and lichens in alpine communities. *Journal of Vegetation Science*, 17(1), 37-46.

- Cantley, J. T., Markey, A. S., Swenson, N. G., & Keeley, S. C. (2016). Biogeography and evolutionary diversification in one of the most widely distributed and species rich genera of the Pacific. *AoB Plants*, 8.
- Cavender-Bares, J., Kozak, K. H., Fine, P. V. A., & Kembel, S. W. (2009). The merging of community ecology and phylogenetic biology. *Ecology Letters*, 12(7), 693–715.
- Cavender-Bares, J., Ackerly, D. D., Baum, D. A., & Bazzaz, F. A. (2004). Phylogenetic Overdispersion in Floridian Oak Communities. *The American Naturalist*, 163(6), 823–843.
- Cooper, R. A., & Millener, P. R. (1993). The New Zealand biota: Historical background and new research. *Trends in Ecology and Evolution*, 8(12), 429–433.
- Chase, M. W., Christenhusz, M. J. M., Fay, M. F., Byng, J. W., Judd, W. S., Soltis, D. E., Mabberley, D.J., Sennikov, A.N., Soltis, P.S. & Stevens, P. F. (2016). An update of the Angiosperm Phylogeny Group classification for the orders and families of flowering plants: APG IV. *Botanical Journal of the Linnean Society*, 181(1), 1-20.
- Chown, S. L., & Gaston, K. J. (2000). Areas, cradles and museums: the latitudinal gradient in species richness. *Trends in Ecology & Evolution*, 15(8), 311-315.
- Dawson, J., Lucas, R., Conner, J., & Brownsey, P. J. (2011). *New Zealand's native trees*. Craig Potton Publishing, Nelson, New Zealand.
- De Lange, P. J., & Rolfe, J. R. (n.d.). *New Zealand indigenous vascular plant checklist 2010*. Accedido en www.nzpcn.org.nz durante 2018.
- Dengler, J. (2009). Which function describes the species–area relationship best? A review and empirical evaluation. *Journal of Biogeography*, 36(4), 728-744.
- Dettmann, M. (2017). Cretaceous vegetation: The microfossil record. En R. Hill (Ed.), *History of the Australian Vegetation: Cretaceous to Recent* (pp. 143-170). The University of Adelaide Press.

- Duncan, F. (1999). Dry Sclerophyll Forests and Woodlands. Pp 244-264. En J.B. Reid, R. S. Hill, M. J. Brown, and M. J. Hovendon (Eds.). *Vegetation of Tasmania. Flora of Australia Supplementary Series. N° 8.* Australian Biological Resources Study, Environment Australia, Canberra.
- Emerson, B. C., & Gillespie, R. G. (2008). Phylogenetic analysis of community assembly and structure over space and time. *Trends in Ecology and Evolution*, 23(11), 619–630.
- Faith, D. P. (1992). Conservation evaluation and phylogenetic diversity. *Biological Conservation*, 61(1), 1–10.
- Fleming, C. A. (1975). The geological history of New Zealand and its biota. En *Biogeography and ecology in New Zealand* (pp. 1-86). Springer, Dordrecht.
- Fritz, S. A., & Rahbek, C. (2012). Global patterns of amphibian phylogenetic diversity. *Journal of biogeography*, 39(8), 1373-1382.
- Gaston, K. J. (2000). Global patterns in biodiversity. *Nature*, 405(6783), 220.
- Godfrey M. Hewitt. (1996). Some genetic consequences of ice ages, and their role, in divergence and speciation. *Biological Journal Of The Linnean Society*, 58(3), 247–276.
- Hardy, O. J., & Senterre, B. (2007). Characterizing the phylogenetic structure of communities by an additive partitioning of phylogenetic diversity. *Journal of Ecology*, 95(3), 493–506.
- Hawkins, B. A., Rueda, M., Rangel, T. F., Field, R., & Diniz-Filho, J. A. F. (2014). Community phylogenetics at the biogeographical scale: cold tolerance, niche conservatism and the structure of North American forests. *Journal of Biogeography*, 41(1), 23-38.
- Heads, M. (1998). Biodiversity in the New Zealand divaricating tree daisies: *Olearia* sect.

- nov. (Compositae). *Botanical Journal of the Linnean Society*, 127(3), 239-285.
- Heenan, P. B., Millar, T. R., Smitsen, R. D., McGlone, M. S., & Wilton, A. D. (2017). Phylogenetic measures of neo-and palaeo-endemism in the indigenous vascular flora of the New Zealand archipelago. *Australian Systematic Botany*, 30(2), 124-133.
- Hewitt, G. M. (1996). Some genetic consequences of ice ages, and their role in divergence and speciation. *Biological journal of the Linnean Society*, 58(3), 247-276.
- Hortal, J., Lobo, J. M., & Jiménez-Valverde, A. (2007). Limitations of biodiversity databases: case study on seed-plant diversity in Tenerife, Canary Islands. *Conservation Biology*, 21(3), 853-863.
- Huelsenbeck, J. P., Larget, B., Miller, R. E., & Ronquist, F. (2002). Potential applications and pitfalls of Bayesian inference of phylogeny. *Systematic biology*, 51(5), 673-688.
- Jackson, W. D. (1999). The Tasmanian Environment. Pp. 11-38 En J.B. Reid, R. S. Hill, M. J. Brown, & M. J. Hovendon (Eds.). *Vegetation of Tasmania. Flora of Australia Supplementary Series. No. 8.* Australian Biological Resources Study, Environment Australia, Canberra.
- Cavender-Bares, J., Keen, A., & Miles, B. (2006). Phylogenetic structure of Floridian plant communities depends on taxonomic and spatial scale. *Ecology*, 87(sp7), S109-S122.
- Krisch, P. (2015). *Trees of Australia*. New Holland Publishers. Accedido en <https://www.nhbs.com/green-guide-to-trees-of-australia-book> durante 2018.
- Laffan, S. W., Rosauer, D. F., Di Virgilio, G., Miller, J. T., González-Orozco, C. E., Knerr, N., Thornhill, A.H. & Mishler, B. D. (2016). Range-weighted metrics of species and phylogenetic turnover can better resolve biogeographic transition zones. *Methods in*

Ecology and Evolution, 7(5), 580–588.

- Landrum, L. R., & Stevenson, D. (1986). Variability of embryos in subtribe Myrtinae (Myrtaceae). *Systematic Botany*, 155-162.
- Lean, C., & Maclaurin, J. (2016). The value of phylogenetic diversity. In *Biodiversity conservation and phylogenetic systematics* (pp. 19-37). Springer, Cham.
- Lee, D. E., Lee, W. G., & Mortimer, N. (2001). Where and why have all the flowers gone? Depletion and turnover in the New Zealand Cenozoic angiosperm flora in relation to palaeogeography and climate. *Australian Journal of Botany*, 49(3), 341-356.
- Lee, D. E., Bannister, J. M., & Lindqvist, J. K. (2007). Late Oligocene-Early Miocene leaf macrofossils confirm a long history of Agathis in New Zealand. *New Zealand Journal of Botany*, 45(4), 565-578.
- Lee, D. E., Lee, W. G., Jordan, G. J., & Barreda, V. D. (2016). The Cenozoic history of New Zealand temperate rainforests: comparisons with southern Australia and South America. *New Zealand Journal of Botany*, 54(2), 100-127.
- Li, S. P., Cadotte, M. W., Meiners, S. J., Hua, Z. S., Jiang, L., & Shu, W. S. (2015). Species colonisation, not competitive exclusion, drives community overdispersion over long-term succession. *Ecology Letters*, 18(9), 964-973.
- Lovette, I. J., & Hochachka, W. M. (2006). Simultaneous effects of phylogenetic niche conservatism and competition on avian community structure. *Ecology*, 87(sp7), S14-S28.
- Markgraf, V., McGlone, M., & Hope, G. (1995). Neogene paleoenvironmental and paleoclimatic change in southern temperate ecosystems - a southern perspective. *Trends in Ecology & Evolution*.
- Mennecke, B. E., & West Jr, L. A. (2001). Geographic Information Systems in developing countries: issues in data collection, implementation and management. *Journal of*

- Global Information Management (JGIM)*, 9(4), 44-54.
- McDonald, W.J.F. and Elsol, J.A. (1984). Moreton Region Vegetation Map series, Summary report for Caloundra, Brisbane, Beenleigh, Murwillumbah sheets. Botany Branch, Queensland Department of Primary Industries.
- McGlone, M. S., Buitenwerf, R., & Richardson, S. J. (2016). The formation of the oceanic temperate forests of New Zealand. *New Zealand Journal of Botany*, 54(2), 128-155.
- Mishler, B. D., Knerr, N., González-Orozco, C. E., Thornhill, A. H., Laffan, S. W., & Miller, J. T. (2014). Phylogenetic measures of biodiversity and neo-and paleo-endemism in Australian acacia. *Nature Communications*, 5 (August).
- Molina-Venegas, R., Aparicio, A., Lavergne, S., & Arroyo, J. (2017). Climatic and topographical correlates of plant palaeo-and neoendemism in a Mediterranean biodiversity hotspot. *Annals of Botany*, 119(2), 229-238.
- Olson, D. M., Dinerstein, E., Wikramanayake, E. D., Burgess, N. D., Powell, G. V. N., Underwood, E. C., D'amico, J.A., Itoua, I., Strand, H.E., Morrison, J.C., Loucks, C.J., Allnutt, T.F., Ricketts, T.H., Kura, Y., Lamoreux, J.F., Wettengel, W.W., Hedao, Prashant & Kassem, K. R. (2001). Terrestrial Ecoregions of the World: A New Map of Life on Earth: A new global map of terrestrial ecoregions provides an innovative tool for conserving biodiversity. *BioScience*, 51(11), 933–938.
- Purschke, O., Schmid, B. C., Sykes, M. T., Poschlod, P., Michalski, S. G., Durka, W., Kühn, I., Winter, M. & Prentice, H. C. (2013). Contrasting changes in taxonomic, phylogenetic and functional diversity during a long-term succession: insights into assembly processes. *Journal of Ecology*, 101(4), 857-866.
- Quiroga, M. P., & Premoli, A. C. (2010). Genetic structure of *Podocarpus nubigena* (Podocarpaceae) provides evidence of Quaternary and ancient historical events. *Palaeogeography, Palaeoclimatology, Palaeoecology*, 285(3–4), 186–193.

- Revell, L. J. (2012) phytools: An R package for phylogenetic comparative biology (and other things). *Methods Ecol. Evol.*, 3, 217-223.
- Ronquist, F., and J.P. Huelsenbeck. 2003. MRBAYES 3: Bayesian phylogenetic inference under mixed models. *Bioinformatics* 19:1572-1574.
- Ronquist, F., Teslenko, M., Van Der Mark, P., Ayres, D. L., Darling, A., Höhna, S., Larget, B., Liu, L., Suchard, M.A. & Huelsenbeck, J. P. (2012). MrBayes 3.2: efficient Bayesian phylogenetic inference and model choice across a large model space. *Systematic biology*, 61(3), 539-542.
- Rosauer, D., Laffan, S. W., Crisp, M. D., Donnellan, S. C., & Cook, L. G. (2009). Phylogenetic endemism: A new approach for identifying geographical concentrations of evolutionary history. *Molecular Ecology*, 18(19), 4061–4072.
- Rosenzweig, M. L. (1992). Species diversity gradients: we know more and less than we thought. *Journal of mammalogy*, 73(4), 715-730.
- RStudio Team (2016). RStudio: Integrated Development for R. RStudio, Inc., Boston, MA URL <http://www.rstudio.com/>.
- Sauquet, H., Ho, S. Y., Gandolfo, M. A., Jordan, G. J., Wilf, P., Cantrill, D. J., Bayly, M.J., Bromham, L., Brown, G.K., Carpenter, R. J., Lee, D.M., Murphy, D. J., Sniderman, J. M. K, & Udovicic, F. (2011). Testing the impact of calibration on molecular divergence times using a fossil-rich group: the case of Nothofagus (Fagales). *Systematic Biology*, 61(2), 289-313.
- Scherson, R. A., Thornhill, A. H., Urbina-Casanova, R., Freyman, W. A., Pliscoff, P. A., & Mishler, B. D. (2017). Spatial phylogenetics of the vascular flora of Chile. *Molecular phylogenetics and evolution*, 112, 88-95.
- Scherson R.A., Fuentes-Castillo T., Urbina-Casanova R., Pliscoff P. (2018) Phylogeny-Based Measures of Biodiversity When Data Is Scarce: Examples with the Vascular

Flora of Chile and California. En Scherson R., Faith D. (Eds.) Phylogenetic Diversity. Springer, Cham

- Schmidt-Lebuhn, A. N., Knerr, N. J., Miller, J. T., & Mishler, B. D. (2015). Phylogenetic diversity and endemism of Australian daisies (Asteraceae). *Journal of Biogeography*, 42(6), 1114-1122.
- Scotese, C. R., Boucot, A. J., & McKerrow, W. S. (1999). Gondwanan palaeogeography and palaeoclimatology. *Journal of African Earth Sciences*, 28(1), 99–114.
- Segovia, R. A., & Armesto, J. J. (2015). The Gondwanan legacy in South American biogeography. *Journal of biogeography*, 42(2), 209-217.
- Segovia, R. A., Hinojosa, L. F., Pérez, M. F., & Hawkins, B. A. (2013). Biogeographic anomalies in the species richness of Chilean forests: Incorporating evolution into a climatic–historic scenario. *Austral Ecology*, 38(8), 905-914.
- Soininen, J., McDonald, R., & Hillebrand, H. (2007). The distance decay of similarity in ecological communities. *Ecography*, 30(1), 3-12.
- Solé, R. V., Montoya, J. M., & Erwin, D. H. (2002). Recovery after mass extinction: Evolutionary assembly in large–scale biosphere dynamics. *Philosophical Transactions of the Royal Society of London. Series B: Biological Sciences*, 357(1421), 697-707.
- Smith, S. A., & Donoghue, M. J. (2008). Rates of molecular evolution are linked to life history in flowering plants. *science*, 322(5898), 86-89.
- Sniderman, J. K., & Jordan, G. J. (2011). Extent and timing of floristic exchange between Australian and Asian rain forests. *Journal of Biogeography*, 38(8), 1445-1455.
- Sytsma, K. J., Litt, A., Zjhra, M. L., Chris Pires, J., Nepokroeff, M., Conti, E., Walker, J. & Wilson, P. G. (2004). Clades, clocks, and continents: historical and biogeographical analysis of Myrtaceae, Vochysiaceae, and relatives in the southern

- hemisphere. *International Journal of Plant Sciences*, 165(S4), S85-S105.
- Tracer v.1.7.1 (2019) <http://tree.bio.ed.ac.uk/software/tracer/>
- Turchetto-Zolet, A. C., Pinheiro, F., Salgueiro, F., & Palma-Silva, C. (2013). Phylogeographical patterns shed light on evolutionary process in South America. *Molecular Ecology*, 22(5), 1193–1213. <https://doi.org/10.1111/mec.12164>
- Thornhill, A. H., Mishler, B. D., Knerr, N. J., González-Orozco, C. E., Costion, C. M., Crayn, D. M., Laffan, S. W. & Miller, J. T. (2016). Continental-scale spatial phylogenetics of Australian angiosperms provides insights into ecology, evolution and conservation. *Journal of Biogeography*, 43(11), 2085-2098.
- Valiente-Banuet, A., & Verdú, M. (2007). Facilitation can increase the phylogenetic diversity of plant communities. *Ecology Letters*, 10(11), 1029–1036.
- Vasconcelos, T. N., Proença, C. E., Ahmad, B., Aguilar, D. S., Aguilar, R., Amorim, B. S., Campbell, K., Costa, I. R., De-Carvalho, P. S., Faria, J.E.Q., Giaretta, A., Kooij, P. W., Lima, D. F., Mazine, F. F., Peguero B., Prenner, G., Santos, M. F., Soewarto J., Wingler, A. & Lucas, E. J. (2017). Myrteae phylogeny, calibration, biogeography and diversification patterns: increased understanding in the most species rich tribe of Myrtaceae. *Molecular phylogenetics and evolution*, 109, 113-137.
- Villagrán C., Armesto J.J. (2005). Fitogeografía histórica de la cordillera de la costa de Chile. En Smith-Ramírez C., Armesto J. J., Valdovinos C. (Eds.) Biodiversidad y Ecología de los Bosques de la Cordillera de la Costa, Santiago, Chile: Editorial Universitaria; pp. 105–123.
- Wagstaff, S. J., Breitwieser, I., Quinn, C., & Ito, M. (2007). Age and origin of enigmatic megaherbs from the subantarctic islands. *Nature Precedings*. Publicado en línea el 28 de octubre de 2007.
- Wagstaff, S. J., Dawson, M. I., Venter, S., Munzinger, J., Crayn, D. M., Steane, D. A., &

- Lemson, K. L. (2010). Origin, Diversification, and Classification of the Australasian Genus *Dracophyllum* (Richeeae, Ericaceae) 1. *Annals of the Missouri Botanical Garden*, 235-258.
- Wallis, G. P., & Trewick, S. A. (2009). New Zealand phylogeography: Evolution on a small continent. *Molecular Ecology*, 18(17), 3548–3580.
- Willford, G.E. & Brown, P.J. (2017) Maps of late Mesozoic-Cenozoic Gondwana break-up: some palaeogeographical implications. En Hill, R. S. (Ed.), *History of the Australian vegetation: Cretaceous to Recent* (pp 5-12). University of Adelaide Press.
- Winkworth, R. C., Wagstaff, S. J., Glenny, D., & Lockhart, P. J. (2002). Plant dispersal news from New Zealand. *Trends in Ecology & Evolution*, 17(11), 514-520.
- Webb, C. O. (2000). Exploring the Phylogenetic Structure of Ecological Communities: An Example for Rain Forest Trees. *The American Naturalist*, 156(2), 145–155.
- Webb, C. O., Ackerly, D. D., McPeck, M. A., & Donoghue, M. J. (2002). Phylogenies and Community Ecology. *Annual Review of Ecology and Systematics*, 33(1), 475–505.
- Yang, Z. (1998). On the best evolutionary rate for phylogenetic analysis. *Systematic Biology*, 47(1), 125-133.
- Zuur, A. F., Ieno, E. N., & Smith, G. M. (2007). *Analysing Ecological Data*. New York, NY: Springer New York.

Material Suplementario

Material Suplementario 1. Reconstrucción filogenética a nivel de género. Al final de cada género se indican territorios en donde se encuentra con una letra mayúscula, donde “A” corresponde a Australia, “N” a Nueva Zelanda y “S” a Sudamérica. En nodos se indica valores de *bootstrap*.

Material Suplementario 2. Reconstrucción filogenética a nivel de especie, construida según listado de especies encontradas en territorios, como ramas adicionadas en cada género.

Anexo

Tabla 1A. Listado de especies utilizadas en el estudio, indicando territorio donde se encuentra y código de acceso de secuencia genética en Genbank. Coloración roja en códigos indica carencia de secuencias o que secuencias disponibles no pudieron ser utilizadas en reconstrucción filogenética por problemas en el alineamiento, coloración verde indica que se usaron secuencias obtenidas en laboratorio y tres asteriscos (***) indican que se usó secuencias de especies pertenecientes al género pero que no se encuentran dentro de los territorios estudiados (NZ: Nueva Zelanda, AU: Australia y SA: Sudamérica).

Familia	Nombre	NZ	AU	SA	rbcl	matK
Rousseaceae	<i>Abrophyllum ornans</i>		X		AF299090.1	GQ983653.1
Fabaceae	<i>Acacia acuminata</i>		X			AF523170.1
Fabaceae	<i>Acacia aneura</i>		X			EU812036.1
Fabaceae	<i>Acacia auriculiformis</i>		X		KJ440054.1	KX518644.1
Fabaceae	<i>Acacia bakeri</i>		X		KM896024.1	KM894854.1
Fabaceae	<i>Acacia binervata</i>		X			AF274218.1
Fabaceae	<i>Acacia cambagei</i>		X			JX850060.1
Fabaceae	<i>Acacia caven</i>			X	Z70145.1	AF274131.1
Fabaceae	<i>Acacia chrysotricha</i>		X			
Fabaceae	<i>Acacia citrinoviridis</i>		X			KC421591.1
Fabaceae	<i>Acacia crassicarpa</i>		X		KJ440052.1	KJ510952.1
Fabaceae	<i>Acacia dealbata</i>		X		KM392262.1	AF523135.1
Fabaceae	<i>Acacia decurrens</i>		X		KM392263.1	AF523132.1
Fabaceae	<i>Acacia disparrima</i>		X			KM894481.1
Fabaceae	<i>Acacia elata</i>		X		JX572190.1	AF274149.1

Familia	Nombre	NZ	AU	SA	rbcl	matK
Fabaceae	<i>Acacia estrophiolata</i>		X			KC421851.1
Fabaceae	<i>Acacia harpophylla</i>		X		KM895764.1	JX850061.1
Fabaceae	<i>Acacia implexa</i>		X			KC421322.1
Fabaceae	<i>Acacia irrorata</i>		X			JF419953.1
Fabaceae	<i>Acacia leucoclada</i>		X			AF274212.1
Fabaceae	<i>Acacia linearifolia</i>		X			
Fabaceae	<i>Acacia longifolia</i>		X		HM849735.1	HM850600.1
Fabaceae	<i>Acacia maidenii</i>		X		KM895932.1	KM894773.1
Fabaceae	<i>Acacia mangium</i>		X		KJ440053.1	KJ510953.1
Fabaceae	<i>Acacia mearnsii</i>		X		KF532045.1	HM020723.1
Fabaceae	<i>Acacia melanoxylon</i>		X		FJ716653.1	FJ711537.1
Fabaceae	<i>Acacia o'shanesii</i>		X		KM896041.1	KM894869.1
Fabaceae	<i>Acacia pendula</i>		X			KC421710.1
Fabaceae	<i>Acacia peuce</i>		X			KC421845.1
Fabaceae	<i>Acacia pruinocarpa</i>		X			AF523133.1
Fabaceae	<i>Acacia pycnantha</i>		X			
Fabaceae	<i>Acacia salicina</i>		X			KC421725.1
Fabaceae	<i>Acacia saligna</i>		X		FJ716658.1	HM020727.1
Fabaceae	<i>Acacia shirleyi</i>		X			
Fabaceae	<i>Acacia stenophylla</i>		X			KC421733.1
Fabaceae	<i>Acacia victoriae</i>		X			AF274226.1
Cunoniaceae	<i>Ackama nubicola</i>	X				
Cunoniaceae	<i>Ackama rosifolia</i>	X			KT626660.1	
Rutaceae	<i>Acradenia euodiiformis</i>		X		JN987069.1	KM894715.1
Rutaceae	<i>Acronychia imperforata</i>		X		JN987071.1	KM894907.1
Rutaceae	<i>Acronychia laevis</i>		X		JN987073.1	KM894770.1

Familia	Nombre	NZ	AU	SA	rbcl	matK
Rutaceae	<i>Acronychia littoralis</i>		X		KU564750.1	KU564535.1
Rutaceae	<i>Acronychia oblongifolia</i>		X		KM895726.1	KM894614.1
Rutaceae	<i>Acronychia octandra</i>		X			KM894968.1
Malvaceae	<i>Adansonia gregorii</i>		X			HQ696688
Aextoxicaceae	<i>Aextoxicon punctatum</i>			X	X83986.1	DQ182342.1
Araucariaceae	<i>Agathis australis</i>	X			JN627328.1	EU025980.1
Araucariaceae	<i>Agathis robusta</i>		X		AF249665.1	AF456371.1
Myrtaceae	<i>Agonis flexuosa</i>		X			AF184711.3
Akaniaceae	<i>Akania bidwillii</i>		X		L12568.2	KU739542.1
Sapindaceae	<i>Alectryon coriaceus</i>		X		KM895519.1	EU720599.1
Sapindaceae	<i>Alectryon excelsus</i>	X			KT626663.1	AF314796.1
Sapindaceae	<i>Alectryon tomentosus</i>		X		KM895707.1	KM894842.1
Euphorbiaceae	<i>Aleurites moluccanus</i>		X		AY794883.1	LK021377.1
Casuarinaceae	<i>Allocasuarina fraseriana</i>		X			AY191658.1
Casuarinaceae	<i>Allocasuarina torulosa</i>		X		AY033850.1	AY191659.1
Proteaceae	<i>Alloxylon pinnatum</i>		X		KM895929.1	KM894771.1
Rhamnaceae	<i>Alphitonia excelsa</i>		X		KF496294.1	
Rhamnaceae	<i>Alphitonia petriei</i>		X			KM894554.1
Apocynaceae	<i>Alstonia scholaris</i>		X		GQ436402.1	FJ449631.1
Apocynaceae	<i>Alyxia ruscifolia</i>		X		KM895884.1	DQ837536.1
Myrtaceae	<i>Amomyrtus luma</i>			X		KM065323.1
Myrtaceae	<i>Amomyrtus meli</i>			X		AM489976.1
Myrtaceae	<i>Angophora costata</i>		X		AM235651.1	KM065352.1
Myrtaceae	<i>Angophora floribunda</i>		X			KM065353.1
Escalloniaceae	<i>Anopterus macleayanus</i>		X		Y10673.1	GQ983639.1
Cannabaceae	<i>Aphananthe philippinensis</i>		X		JN040399.1	KM894881.1

Familia	Nombre	NZ	AU	SA	rbcl	matK
Araucariaceae	<i>Araucaria araucana</i>			X	AF249664.1	AF456373.1
Araucariaceae	<i>Araucaria bidwillii</i>		X		U87751.1	EU025974.1
Araucariaceae	<i>Araucaria cunninghamii</i>		X		JQ512518.1	JQ512394.1
Araucariaceae	<i>Araucaria heterophylla</i>		X		U96462.1	AF456374.1
Ericaceae	<i>Archeria traversii</i>	X			KT626667.1	
Fabaceae	<i>Archidendron grandiflorum</i>		X		KM895934.1	KM894775.1
Fabaceae	<i>Archidendron hendersonii</i>		X		KU564759.1	
Myrtaceae	<i>Archirhodomyrtus beckleri</i>		X		KF496489.1	AF368197.1
Arecaceae	<i>Archontophoenix cunninghamiana</i>		X		KM895776.1	HG969972.1
Malvaceae	<i>Argyrodendron actinophyllum</i>		X		KM895552.1	
Malvaceae	<i>Argyrodendron peralatum</i>		X		KF496739.1	
Malvaceae	<i>Argyrodendron trifoliolatum</i>		X		KM896019.1	
Elaeocarpaceae	<i>Aristotelia chilensis</i>			X	AF307903.1	
Elaeocarpaceae	<i>Aristotelia serrata</i>	X			AF307904.1	
Sapindaceae	<i>Arytera distylis</i>		X		KM895521.1	KM894441.1
Sapindaceae	<i>Arytera divaricata</i>		X		KM896095.1	AY724271.1
Chloranthaceae	<i>Ascarina lucida</i>	X			AF238050.1	
Araliaceae	<i>Astrotricha latifolia</i>		X		AY188416.1***	AF271756.1***
Atherospermataceae	<i>Atherosperma moschatum</i>		X		AF121362.1	DQ401343.1
Cupressaceae	<i>Athrotaxis cupressoides</i>		X		JF725921.1	AB030131.1
Cupressaceae	<i>Athrotaxis selaginoides</i>		X		JF725938.1	JF725838.1
Rubiaceae	<i>Atractocarpus benthamianus</i>		X		KM895691.1	KM894580.1
Rubiaceae	<i>Atractocarpus chartaceus</i>		X		KM895520.1	KM894440.1
Rubiaceae	<i>Atractocarpus fitzalanii</i>		X		Z68848.1	
Pittosporaceae	<i>Auranticarpa rhombifolia</i>		X		KM896062.1	KM894886.1
Picrodendraceae	<i>Austrobuxus swainii</i>		X		KM896126.1	

Familia	Nombre	NZ	AU	SA	rbcl	matK
Cupressaceae	<i>Austrocedrus chilensis</i>			X	EU161449.1	AF152177.1
Acanthaceae	<i>Avicennia marina</i>	X	X		KF848223.1	AB114527.1
Salicaceae	<i>Azara celastrina</i>			X	MG946924.1***	MG947031.1***
Salicaceae	<i>Azara integrifolia</i>			X		
Salicaceae	<i>Azara microphylla</i>			X		
Salicaceae	<i>Azara petiolaris</i>			X		
Salicaceae	<i>Azara serrata</i>			X		
Myrtaceae	<i>Backhousia citriodora</i>		X		U26318.2	AY525129.1
Myrtaceae	<i>Backhousia myrtifolia</i>		X		KU761890.1	AF368200.2
Euphorbiaceae	<i>Baloghia marmorata</i>		X		KM895795.1	KM894665.1
Proteaceae	<i>Banksia grandis</i>		X			AY823184.1
Proteaceae	<i>Banksia integrifolia</i>		X		HM849807.1	HM850598.1
Proteaceae	<i>Banksia robur</i>		X			
Proteaceae	<i>Banksia serrata</i>		X			AY823169.1
Lauraceae	<i>Beilschmiedia berteriana</i>			X		AJ247147.2
Lauraceae	<i>Beilschmiedia miersii</i>			X		AJ627916.1
Lauraceae	<i>Beilschmiedia tarairi</i>	X				HG314969.1
Lauraceae	<i>Beilschmiedia tawa</i>	X			JQ933233.1	EU153827.1
Myrtaceae	<i>Blepharocalyx cruckshanksii</i>			X		JN661006.1
Rutaceae	<i>Bosistoa floydii</i>		X			
Rutaceae	<i>Bosistoa transversa</i>		X		KM895993.1	KM894827.1
Malvaceae	<i>Brachychiton acerifolius</i>		X		GU981722.1	JX495761.1
Malvaceae	<i>Brachychiton bidwillii</i>		X		KM895818.1	KM894683.1
Malvaceae	<i>Brachychiton discolor</i>		X			KM894570.1
Malvaceae	<i>Brachychiton diversifolius</i>		X			
Malvaceae	<i>Brachychiton populneus</i>		X		AY082351.1	KM894664.1

Familia	Nombre	NZ	AU	SA	rbcl	matK
Asteraceae	<i>Brachyglottis arborescens</i>	X				AY554056.1
Asteraceae	<i>Brachyglottis elaeagnifolia</i>	X				AY554061.1
Asteraceae	<i>Brachyglottis repanda</i>	X			JQ933243.1	AY554067.1
Phyllanthaceae	<i>Bridelia exaltata</i>		X		KM896147.1	FJ439978.1
Proteaceae	<i>Buckinghamia celsissima</i>		X		KF496743.1	JQ257176.1
Scrophulariaceae	<i>Buddleja globosa</i>			X	L14392.1***	KX677135.1***
Cunoniaceae	<i>Caldcluvia paniculata</i>			X	AF291922.1	
Cunoniaceae	<i>Caldcluvia paniculosa</i>		X		AF291921.1	
Lamiaceae	<i>Callicarpa pedunculata</i>		X		KM895685.1	FM163276.1
Cunoniaceae	<i>Callicoma serratifolia</i>		X		AF291928.1	KM894952.1
Myrtaceae	<i>Callistemon citrinus</i>		X		JX856668.1	KM065347.1
Myrtaceae	<i>Callistemon sieberi</i>		X			
Cupressaceae	<i>Callitris baileyi</i>		X			
Cupressaceae	<i>Callitris columellaris</i>		X		KU564768.1	HQ245877.1
Cupressaceae	<i>Callitris macleayana</i>		X		JF725933.1	JF725833.1
Cupressaceae	<i>Callitris preissii</i>		X		JF725940.1	JF725840.1
Cupressaceae	<i>Callitris rhomboidea</i>		X		L12537.2	AF152180.1
Capparaceae	<i>Capparis arborea</i>		X		KF496688.1	KM894943.1
Rousseaceae	<i>Carpodetus serratus</i>	X			Y08461.1	AJ429383.1
Elaeocarpaceae	<i>Cassine australis</i>		X		KM895666.1	DQ217560.1
Fabaceae	<i>Castanospermum australe</i>		X		U74202.1	JX295891.1
Sapindaceae	<i>Castanospora alphandii</i>		X		KF496547.1	AY724279.1
Casuarinaceae	<i>Casuarina cristata</i>		X			AY191699.1
Casuarinaceae	<i>Casuarina cunninghamiana</i>		X		AY033857.1	AY033873.1
Casuarinaceae	<i>Casuarina equisetifolia</i>		X		AY033859.1	AY033874.1
Casuarinaceae	<i>Casuarina glauca</i>		X		GU135286.1	AY191705.1

Familia	Nombre	NZ	AU	SA	rbcl	matK
Cunoniaceae	<i>Ceratopetalum apetalum</i>		X		KM895900.1	KM894747.1
Fabaceae	<i>Chordospartium muritai</i>	X			KT626676.1	
Fabaceae	<i>Chordospartium stevensonii</i>	X				
Lauraceae	<i>Cinnamomum oliveri</i>		X		KM895915.1	KM894760.1
Lauraceae	<i>Cinnamomum virens</i>		X		KM895697.1	KM894586.1
Cardiopteridaceae	<i>Citronella mucronata</i>			X	KF496665.1***	GQ983648.1***
Rutaceae	<i>Citrus australis</i>		X		AB505936.1	AB762365.1
Euphorbiaceae	<i>Claoxylon australe</i>		X		AY794946.1	
Lamiaceae	<i>Clerodendrum tomentosum</i>		X		KM895633.1	KM894535.1
Fabaceae	<i>Clianthus puniceus</i>	X			JQ933270.1	AY386914.1
Malvaceae	<i>Commersonia fraseri</i>		X		KM895847.1	KM894706.1
Malvaceae	<i>Commersonia viscidula</i>		X			
Rubiaceae	<i>Coprosma arborea</i>	X				
Rubiaceae	<i>Coprosma areolata</i>	X				
Rubiaceae	<i>Coprosma chathamica</i>	X				
Rubiaceae	<i>Coprosma foetidissima</i>	X				
Rubiaceae	<i>Coprosma grandifolia</i>	X				
Rubiaceae	<i>Coprosma linariifolia</i>	X				
Rubiaceae	<i>Coprosma lucida</i>	X				
Rubiaceae	<i>Coprosma macrocarpa</i>	X				
Rubiaceae	<i>Coprosma parviflora</i>	X				
Rubiaceae	<i>Coprosma pedicellata</i>	X				
Rubiaceae	<i>Coprosma propinqua</i>	X				
Rubiaceae	<i>Coprosma quadrifida</i>		X			
Rubiaceae	<i>Coprosma repens</i>	X			KT218713.1	
Rubiaceae	<i>Coprosma robusta</i>	X				

Familia	Nombre	NZ	AU	SA	rbcl	matK
Rubiaceae	<i>Coprosma rotundifolia</i>	X				
Rubiaceae	<i>Coprosma spathulata</i>	X				
Rubiaceae	<i>Coprosma tenuifolia</i>	X				
Rubiaceae	<i>Coprosma virescens</i>	X				
Rubiaceae	<i>Coprosma wallii</i>	X				
Asparagaceae	<i>Cordyline australis</i>	X			JQ273919.1	JQ276414.1
Asparagaceae	<i>Cordyline banksii</i>	X				
Asparagaceae	<i>Cordyline fruticosa</i>	X			FJ976127.1	GQ434073.1
Asparagaceae	<i>Cordyline indivisa</i>	X				
Asparagaceae	<i>Cordyline obtecta</i>	X				
Argophyllaceae	<i>Corokia macrocarpa</i>	X			L11221.2***	AY491646.1***
Asteraceae	<i>Coronidium elatum</i>		X			
Myrtaceae	<i>Corymbia aparrerinja</i>		X			KT632630.1
Myrtaceae	<i>Corymbia bleeseri</i>		X			KT632635.1
Myrtaceae	<i>Corymbia calophylla</i>		X		HQ287588.1	KM065314.1
Myrtaceae	<i>Corymbia citriodora</i>		X			KM065329.1
Myrtaceae	<i>Corymbia clarksoniana</i>		X			KT632643.1
Myrtaceae	<i>Corymbia confertiflora</i>		X			KT632645.1
Myrtaceae	<i>Corymbia erythrophloia</i>		X			KT632653.1
Myrtaceae	<i>Corymbia eximia</i>		X			KT632654.1
Myrtaceae	<i>Corymbia ficifolia</i>		X		KM392268.1	KT632657.1
Myrtaceae	<i>Corymbia gummifera</i>		X			KT632662.1
Myrtaceae	<i>Corymbia henryi</i>		X			KT632664.1
Myrtaceae	<i>Corymbia intermedia</i>		X		HQ287589.1	HQ287616.1
Myrtaceae	<i>Corymbia leichhardtii</i>		X			KT632666.1
Myrtaceae	<i>Corymbia maculata</i>		X		HQ287590.1	KT632669.1

Familia	Nombre	NZ	AU	SA	rbcl	matK
Myrtaceae	<i>Corymbia peltata</i>		X			KT632673.1
Myrtaceae	<i>Corymbia polycarpa</i>		X			
Myrtaceae	<i>Corymbia ptychocarpa</i>		X			KT632677.1
Myrtaceae	<i>Corymbia setosa</i>		X			
Myrtaceae	<i>Corymbia terminalis</i>		X			KT632679.1
Myrtaceae	<i>Corymbia tessellaris</i>		X			KT632680.1
Myrtaceae	<i>Corymbia torelliana</i>		X		KF496869.1	KT632681.1
Myrtaceae	<i>Corymbia trachyphloia</i>		X			KT632682.1
Malvaceae	<i>Corynabutilon vitifolium</i>			X		
Corynocarpaceae	<i>Corynocarpus laevigatus</i>	X			U06840.1	AY491652.1
Corynocarpaceae	<i>Corynocarpus rupestris</i>		X		AF148995.1	KM894780.1
Elaeocarpaceae	<i>Crinodendron hookerianum</i>			X	AF206754.1	AY491655.1
Elaeocarpaceae	<i>Crinodendron patagua</i>			X	AF291940.1	AY935929.1
Euphorbiaceae	<i>Croton verreauxii</i>		X		KM895761.1	KY039758.1
Lauraceae	<i>Cryptocarya alba</i>			X	GQ248578.1	AJ247158.2
Lauraceae	<i>Cryptocarya erythroxylon</i>		X		KM895966.1	KM894802.1
Lauraceae	<i>Cryptocarya glaucescens</i>		X		KM896205.1	KM894992.1
Lauraceae	<i>Cryptocarya meisneriana</i>		X			KM894557.1
Lauraceae	<i>Cryptocarya microneura</i>		X		KM896102.1	KM894917.1
Lauraceae	<i>Cryptocarya rigida</i>		X		KM895836.1	KM894697.1
Lauraceae	<i>Cryptocarya triplinervis</i>		X		GQ248581.1	AJ247159.1
Lauraceae	<i>Cryptocarya williwilliana</i>		X			
Sapindaceae	<i>Cupaniopsis anacardioides</i>		X		L13182.2	AY724283.1
Sapindaceae	<i>Cupaniopsis flagelliformis</i>		X		KM895532.1	AY724282.1
Sapindaceae	<i>Cupaniopsis wadsworthii</i>		X			KM894581.1
Rousseaceae	<i>Cuttsia viburnea</i>		X		Y10676.1	KM894489.1

Familia	Nombre	NZ	AU	SA	rbcl	matK
Podocarpaceae	<i>Dacrycarpus dacrydioides</i>	X			KF714052.1	KF713556.1
Podocarpaceae	<i>Dacrydium cupressinum</i>	X			KF714065.1	AF457112.1
Asteraceae	<i>Dasyphyllum diacanthoides</i>			X	EU841115.1	EU841337.1
Asteraceae	<i>Dasyphyllum excelsum</i>			X		EU841336.1
Cunoniaceae	<i>Davidsonia pruriens</i>		X		AF206759.1	AY935930.1
Fabaceae	<i>Daviesia arborea</i>		X		AF308708.1***	AY386887.1***
Myrtaceae	<i>Decaspermum humile</i>		X		KF496348.1	AY521534.1
Urticaceae	<i>Dendrocnide excelsa</i>		X		KM895755.1	KM894636.1
Urticaceae	<i>Dendrocnide photinophylla</i>		X		KF496478.1	KM894978.1
Celastraceae	<i>Denhamia bilocularis</i>		X		KM895882.1	EU328991.1
Celastraceae	<i>Denhamia celastroides</i>		X		AJ402941.1	EU328997.1
Celastraceae	<i>Denhamia silvestris</i>		X		KM895493.1	EU328994.1
Ebenaceae	<i>Diospyros australis</i>		X		EU980649.1	FJ238131.1
Ebenaceae	<i>Diospyros mabacea</i>		X			
Sapindaceae	<i>Diploglottis australis</i>		X			KM894672.1
Sapindaceae	<i>Diploglottis campbellii</i>		X		AY724350.1	EU720624.1
Sapindaceae	<i>Diploglottis cunninghamii</i>		X			
Rhamnaceae	<i>Discaria toumatou</i>	X			AF307912.1	
Sapindaceae	<i>Dodonaea megazyga</i>		X			
Sapindaceae	<i>Dodonaea triquetra</i>		X		U38922.2	
Sapindaceae	<i>Dodonaea viscosa</i>	X			GU935451.1	EU720684.1
Atherospermataceae	<i>Doryphora sassafras</i>		X		KF586649.1	AF542568.1
Ericaceae	<i>Dracophyllum elegantissimum</i>	X				
Ericaceae	<i>Dracophyllum filifolium</i>	X			GQ392901.1	GQ392953.1
Ericaceae	<i>Dracophyllum fiordense</i>	X			GQ392902.1	GQ392954.1
Ericaceae	<i>Dracophyllum latifolium</i>	X			GQ392906.1	GQ392958.1

Familia	Nombre	NZ	AU	SA	rbcl	matK
Ericaceae	<i>Dracophyllum lessonianum</i>	X				
Ericaceae	<i>Dracophyllum longifolium</i>	X			GQ392907.1	AF015635.1
Ericaceae	<i>Dracophyllum matthewsii</i>	X				
Ericaceae	<i>Dracophyllum pyramidale</i>	X				
Ericaceae	<i>Dracophyllum townsonii</i>	X			GQ392927.1	GQ392979.1
Ericaceae	<i>Dracophyllum traversii</i>	X			GQ392928.1	GQ392980.1
Ericaceae	<i>Dracophyllum viride</i>	X				
Winteraceae	<i>Drimys winteri</i>			X	AY572261.1	KP407457.1
Solanaceae	<i>Duboisia myoporoides</i>		X		KM895686.1	KM894576.1
Meliaceae	<i>Dysoxylum fraserianum</i>		X		KM895939.1	
Meliaceae	<i>Dysoxylum rufum</i>		X		KM895879.1	KM894734.1
Meliaceae	<i>Dysoxylum spectabile</i>	X			KT626696.1	
Boraginaceae	<i>Ehretia acuminata</i>		X		KP094308.1	GQ997226.1
Elaeocarpaceae	<i>Elaeocarpus angustifolius</i>		X		KR529191.1	KR530755.1
Elaeocarpaceae	<i>Elaeocarpus dentatus</i>	X				
Elaeocarpaceae	<i>Elaeocarpus holopetalus</i>		X			
Elaeocarpaceae	<i>Elaeocarpus hookerianus</i>	X			KT626814.1	
Elaeocarpaceae	<i>Elaeocarpus obovatus</i>		X		KM895618.1	KM894521.1
Elaeocarpaceae	<i>Elaeocarpus reticulatus</i>		X		AF291941.1	AY935931.1
Sapindaceae	<i>Elattostachys xylocarpa</i>		X		KM895922.1	
Primulaceae	<i>Elingamita johnsonii</i>	X			Z83145.1	
Proteaceae	<i>Embothrium coccineum</i>			X	U79168.1	JQ257169.1
Lauraceae	<i>Endiandra crassiflora</i>		X		KM895958.1	KM894797.1
Lauraceae	<i>Endiandra globosa</i>		X		KU564795.1	KU564571.1
Lauraceae	<i>Endiandra muelleri</i>		X		KM895903.1	KM894750.1
Lauraceae	<i>Endiandra pubens</i>		X		KM895751.1	KM894722.1

Familia	Nombre	NZ	AU	SA	rbcl	matK
Lauraceae	<i>Endiandra sieberi</i>		X		KM896140.1	KM894944.1
Malvaceae	<i>Entelea arborescens</i>	X			JQ933325.1	
Fabaceae	<i>Erythrina numerosa</i>		X		KM896084.1	
Fabaceae	<i>Erythrina vespertilio</i>		X		JX856702.1	JX850049.1
Escalloniaceae	<i>Escallonia myrtoidea</i>			X	AJ419695.1	
Escalloniaceae	<i>Escallonia pulverulenta</i>			X	AJ419696.1	
Escalloniaceae	<i>Escallonia revoluta</i>			X		
Myrtaceae	<i>Eucalyptus accedens</i>		X			KT632688.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus agglomerata</i>		X			KT632692.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus albens</i>		X			KT632695.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus ambigua</i>		X			
Myrtaceae	<i>Eucalyptus amplifolia</i>		X			KT632700.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus amygdalina</i>		X			
Myrtaceae	<i>Eucalyptus andrewsii</i>		X			KT632702.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus angophoroides</i>		X			KT632703.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus archeri</i>		X			
Myrtaceae	<i>Eucalyptus argophloia</i>		X			KT632713.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus astringens</i>		X			
Myrtaceae	<i>Eucalyptus badjensis</i>		X			KT632721.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus baileyana</i>		X			HQ287618.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus baxteri</i>		X			KT632728.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus benthamii</i>		X			KT632731.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus bicostata</i>		X		HQ287599.1	HQ287619.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus biturbinata</i>		X			
Myrtaceae	<i>Eucalyptus blakelyi</i>		X			KT632733.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus bosistoana</i>		X			KT632737.1

Familia	Nombre	NZ	AU	SA	rbcl	matK
Myrtaceae	<i>Eucalyptus botryoides</i>		X			KT632738.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus bridgesiana</i>		X			KT632747.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus brockwayi</i>		X			KT632748.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus brookeriana</i>		X			KT632749.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus caesia</i>		X			KT632756.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus camaldulensis</i>		X			HQ995676.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus cambageana</i>		X			
Myrtaceae	<i>Eucalyptus cameronii</i>		X			
Myrtaceae	<i>Eucalyptus canaliculata</i>		X			KT632764.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus capillosa</i>		X			KT632767.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus carnea</i>		X			KT632770.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus cladocalyx</i>		X			KT632778.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus cloeziana</i>		X			KT632781.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus conferruminata</i>		X			KT632786.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus consideniana</i>		X			KT632790.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus coolabah</i>		X			KT632792.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus cornuta</i>		X			
Myrtaceae	<i>Eucalyptus crebra</i>		X			KT632799.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus cypellocarpa</i>		X			KT632813.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus dalrympleana</i>		X			KT632814.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus deanei</i>		X			KT632816.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus decorticans</i>		X			KT632819.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus delegatensis</i>		X			KM065344.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus dendromorpha</i>		X			
Myrtaceae	<i>Eucalyptus diversicolor</i>		X		HQ287595.1	KT632835.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus dives</i>		X			KT632836.1

Familia	Nombre	NZ	AU	SA	rbcl	matK
Myrtaceae	<i>Eucalyptus dumosa</i>		X			KT632842.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus dundasii</i>		X			KT632843.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus dunnii</i>		X			KT632844.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus elata</i>		X			KT632851.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus erythrocorys</i>		X			KT632856.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus eugenioides</i>		X			KT632859.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus exilipes</i>		X			
Myrtaceae	<i>Eucalyptus exserta</i>		X			
Myrtaceae	<i>Eucalyptus fastigata</i>		X			KT632867.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus fibrosa</i>		X			KT632869.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus fraxinoides</i>		X			KT632877.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus gardneri</i>		X			KT632883.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus glaucescens</i>		X			KT632887.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus globoidea</i>		X			KT632889.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus globulus</i>		X		HM849985.1	AY521535.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus gomphocephala</i>		X		JX572572.1	KT632892.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus gongylocarpa</i>		X			KT632893.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus grandis</i>		X		AB537496.1	
Myrtaceae	<i>Eucalyptus guilfoylei</i>		X		HQ287600.1	KT632903.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus gunnii</i>		X		KM360776.1	KT632904.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus intertexta</i>		X			KT632923.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus jensenii</i>		X			
Myrtaceae	<i>Eucalyptus johnstonii</i>		X			
Myrtaceae	<i>Eucalyptus kochii</i>		X			KT632932.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus lacrimans</i>		X			KT632936.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus laevopinea</i>		X			KT632937.1

Familia	Nombre	NZ	AU	SA	rbcl	matK
Myrtaceae	<i>Eucalyptus largiflorens</i>		X			KT632941.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus leptophleba</i>		X			
Myrtaceae	<i>Eucalyptus lesouefii</i>		X			KT632946.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus leucophloia</i>		X			KT632947.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus leucoxylon</i>		X			KT632948.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus longicornis</i>		X			KT632954.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus longifolia</i>		X			
Myrtaceae	<i>Eucalyptus longirostrata</i>		X			KT632955.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus loxophleba</i>		X			HQ995677.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus macarthurii</i>		X			KT632961.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus macrorhyncha</i>		X			KT632965.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus maidenii</i>		X			
Myrtaceae	<i>Eucalyptus major</i>		X			KT632967.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus mannifera</i>		X			KT632970.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus marginata</i>		X			KT632971.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus megacarpa</i>		X			KT632974.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus melanophloia</i>		X			JX850036.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus melliodora</i>		X		GQ248607.1	KT632978.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus michaeliana</i>		X			KT632980.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus microcarpa</i>		X			KT632981.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus microcorys</i>		X			KT632982.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus microtheca</i>		X		KT224662.1	KT632985.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus miniata</i>		X			KT632987.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus moluccana</i>		X			KT632993.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus muelleriana</i>		X			KT632997.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus nitens</i>		X			HQ995675.1

Familia	Nombre	NZ	AU	SA	rbcl	matK
Myrtaceae	<i>Eucalyptus nobilis</i>		X			KT633007.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus obliqua</i>		X			KT633014.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus occidentalis</i>		X			KT633016.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus oreades</i>		X			KT633027.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus ornata</i>		X			KT633029.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus ovata</i>		X			KT633031.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus paniculata</i>		X		KM392264.1	KT633041.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus patens</i>		X			KT633044.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus pauciflora</i>		X			HQ995678.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus pellita</i>		X		KF496742.1	KT633046.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus phoenicea</i>		X			KT633056.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus pilularis</i>		X			KT633060.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus piperita</i>		X			
Myrtaceae	<i>Eucalyptus planchoniana</i>		X			
Myrtaceae	<i>Eucalyptus platyphylla</i>		X			JX850042.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus polyanthemos</i>		X			KT633068.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus polybractea</i>		X			KT633069.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus populnea</i>		X			KT633070.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus propinqua</i>		X			KT633075.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus pseudoglobulus</i>		X			
Myrtaceae	<i>Eucalyptus pulchella</i>		X			KT633081.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus punctata</i>		X			
Myrtaceae	<i>Eucalyptus pyrocarpa</i>		X			KT633085.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus quadrangulata</i>		X			KT633086.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus racemosa</i>		X			KT633091.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus radiata</i>		X			KT633092.1

Familia	Nombre	NZ	AU	SA	rbcl	matK
Myrtaceae	<i>Eucalyptus regnans</i>		X			KT633100.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus resinifera</i>		X			KT633102.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus robusta</i>		X			
Myrtaceae	<i>Eucalyptus rossii</i>		X			
Myrtaceae	<i>Eucalyptus rubida</i>		X			KT633113.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus rubiginosa</i>		X			
Myrtaceae	<i>Eucalyptus rudis</i>		X			KT633115.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus rummeryi</i>		X			KT633117.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus salicola</i>		X			KT633118.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus saligna</i>		X			KT633119.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus salmonophloia</i>		X			KT633120.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus salubris</i>		X			KT633121.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus sargentii</i>		X			KT633122.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus scias</i>		X			
Myrtaceae	<i>Eucalyptus siderophloia</i>		X			KT633133.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus sideroxylon</i>		X		KM392272.1	KT633134.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus sieberi</i>		X			KT633135.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus smithii</i>		X			KT633137.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus spathulata</i>		X			
Myrtaceae	<i>Eucalyptus sphaerocarpa</i>		X			
Myrtaceae	<i>Eucalyptus staigeriana</i>		X			
Myrtaceae	<i>Eucalyptus stellulata</i>		X			KT633144.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus subcrenulata</i>		X			
Myrtaceae	<i>Eucalyptus tectifera</i>		X			KT633157.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus tenuiramis</i>		X			KT633160.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus tereticornis</i>		X			KT633164.1

Familia	Nombre	NZ	AU	SA	rbcl	matK
Myrtaceae	<i>Eucalyptus tetradonta</i>		X			KT633167.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus thozetiana</i>		X			KT633170.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus tindaliae</i>		X			
Myrtaceae	<i>Eucalyptus torquata</i>		X			KT633172.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus transcontinentalis</i>		X			KT633174.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus tricarpa</i>		X			KT633175.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus triflora</i>		X			KT633176.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus umbra</i>		X			KT633180.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus urna</i>		X			KT633182.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus utilis</i>		X			KT633184.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus victrix</i>		X			KT633191.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus viminalis</i>		X			KT633192.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus viridis</i>		X			KT633194.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus wandoo</i>		X			KT633197.1
Myrtaceae	<i>Eucalyptus woodwardii</i>		X			KT633203.1
Cunoniaceae	<i>Eucryphia cordifolia</i>			X	AF291931.1	KF224980.1
Cunoniaceae	<i>Eucryphia lucida</i>		X		L01918.2	EU002176.1
Eupomatiaceae	<i>Eupomatia laurina</i>		X		KM895522.1	KM894442.1
Anacardiaceae	<i>Euroschinus falcatus</i>		X		KF496522.1	KM894490.1
Santalaceae	<i>Exocarpos cupressiformis</i>		X		EF584593.1***	EF584618.1***
Moraceae	<i>Ficus benjamina</i>		X		AF500350.1	JQ773509.1
Moraceae	<i>Ficus coronata</i>		X		KM895539.1	KM894457.1
Moraceae	<i>Ficus fraseri</i>		X		KM896055.1	KM894878.1
Moraceae	<i>Ficus macrophylla</i>		X		JX571836.1	JX495714.1
Moraceae	<i>Ficus microcarpa</i>		X		FJ976132.1	GU134974.1
Moraceae	<i>Ficus obliqua</i>		X			KM894609.1

Familia	Nombre	NZ	AU	SA	rbcl	matK
Moraceae	<i>Ficus rubiginosa</i>		X		KM895977.1	KM894812.1
Moraceae	<i>Ficus superba</i> var. <i>henniana</i>		X		KP094195.1	KP093287.1
Moraceae	<i>Ficus virens</i>		X		JQ773808.1	JQ773627.1
Moraceae	<i>Ficus watkinsiana</i>		X		KM895497.1	
Cupressaceae	<i>Fitzroya cupressoides</i>			X	JF725916.1	AF152194.1
Rutaceae	<i>Flindersia australis</i>		X		U38861.1	
Rutaceae	<i>Flindersia brayleyana</i>		X		JN987103.1	
Rutaceae	<i>Flindersia schottiana</i>		X		KM895854.1	KM894714.1
Onagraceae	<i>Fuchsia excorticata</i>	X			HM850012.1***	HM851003.1***
Proteaceae	<i>Gevuina avellana</i>			X	U79169.1	EU642694.1
Phyllanthaceae	<i>Glochidion ferdinandi</i>		X		KM895971.1	KM894806.1
Phyllanthaceae	<i>Glochidion zeylanicum</i>		X			FJ235237.1
Lamiaceae	<i>Gmelina leichhardtii</i>		X		KM895938.1	KM894778.1
Gomortegaceae	<i>Gomortega keule</i>			X	AF206773.1	
Fabaceae	<i>Goodia lotifolia</i>		X		U74258.1	KY046189.1
Myrtaceae	<i>Gossia bidwillii</i>		X		KM895622.1	KM894524.1
Acanthaceae	<i>Graptophyllum reticulatum</i>		X		KM895711.1	
Proteaceae	<i>Grevillea hilliania</i>		X		KM895833.1	KT454570.1
Proteaceae	<i>Grevillea longifolia</i>		X			
Proteaceae	<i>Grevillea oleoides</i>		X			KT454608.1
Proteaceae	<i>Grevillea parallela</i>		X			
Proteaceae	<i>Grevillea robusta</i>		X		AF197589.1	EU169631.1
Proteaceae	<i>Grevillea shiressii</i>		X			
Proteaceae	<i>Grevillea venusta</i>		X			KT454604.1
Griselinaceae	<i>Griselinia littoralis</i>	X			AF307916.1	AJ429372.1
Griselinaceae	<i>Griselinia lucida</i>	X			L11225.2	U58628.1

Familia	Nombre	NZ	AU	SA	rbcl	matK
Surianaceae	<i>Guilfoylia monostylis</i>		X		L29494.1	EU604031.1
Sapindaceae	<i>Guioa acutifolia</i>		X		KF496733.1	AY724297.1
Sapindaceae	<i>Guioa semiglauca</i>		X		AY724355.1	EU720625.1
Proteaceae	<i>Hakea archaeoides</i>		X		EU676114.1	JQ257207.1
Proteaceae	<i>Hakea salicifolia</i>		X			JQ257189.1
Podocarpaceae	<i>Halocarpus bidwillii</i>	X			AF249638.1	KF713609.1
Podocarpaceae	<i>Halocarpus biformis</i>	X			AF249639.1	HM593708.1
Podocarpaceae	<i>Halocarpus kirkii</i>	X			AF249640.1	AF457117.1
Sapindaceae	<i>Harpullia alata</i>		X		KM895671.1	KM894565.1
Sapindaceae	<i>Harpullia pendula</i>		X		KM895496.1	JX495723.1
Monimiaceae	<i>Hedycarya arborea</i>	X			L12648.2	AM396509.2
Hernandiaceae	<i>Hernandia bivalvis</i>		X		KM895684.1	KM894574.1
Malvaceae	<i>Hibiscus heterophyllus</i>		X		KM895970.1	KM894805.1
Malvaceae	<i>Hibiscus insularis</i>		X			
Malvaceae	<i>Hibiscus splendens</i>		X		KM895602.1	KM894510.1
Proteaceae	<i>Hicksbeachia pinnatifolia</i>		X		EU676115.1	EU169636.1
Malvaceae	<i>Hoheria angustifolia</i>	X				FJ204700.1
Malvaceae	<i>Hoheria equitum</i>	X				GU045800.1
Malvaceae	<i>Hoheria glabrata</i>	X				AY944620.1
Malvaceae	<i>Hoheria lyallii</i>	X				AY944625.1
Malvaceae	<i>Hoheria populnea</i>	X				AY944627.1
Malvaceae	<i>Hoheria sexstylosa</i>	X				AY944628.1
Euphorbiaceae	<i>Homalanthus polyandrus</i>	X				
Euphorbiaceae	<i>Homalanthus populifolius</i>	X	X		KM392269.1	KM392242.1
Fabaceae	<i>Hovea acutifolia</i>		X		Z95537.1***	AY386889.1***
Fabaceae	<i>Hovea longifolia</i>		X		Z95537.1***	AY386889.1***

Familia	Nombre	NZ	AU	SA	rbcl	matK
Pittosporaceae	<i>Hymenosporum flavum</i>		X		U50260.1	U58623.1
Fabaceae	<i>Indigofera australis</i>		X		AF308711.1	
Strasburgeriaceae	<i>Ixerba brexioides</i>	X			AF084475.1	HQ680698.1
Fabaceae	<i>Jacksonia scoparia</i>		X			KX792886.1***
Sapindaceae	<i>Jagera pseudorhus</i>		X		KM895976.1	AY724306.1
Arecaceae	<i>Jubaea chilensis</i>			X	AJ829875.1	EU004869.1
Rosaceae	<i>Kageneckia angustifolia</i>			X	U06808.1	DQ860447.1
Rosaceae	<i>Kageneckia oblonga</i>			X	JQ391070.1	AF288106.1
Cunoniaceae	<i>Karrabina benthamiana</i>		X		AF291924.1	KM894727.1
Cunoniaceae	<i>Karrabina biagiana</i>		X		KF496295.1	
Proteaceae	<i>Knightia excelsa</i>	X			DQ099438.1	EU169638.1
Myrtaceae	<i>Kunzea amathicola</i>	X				
Myrtaceae	<i>Kunzea ericoides</i>	X			KT626835.1	AF184724.1
Myrtaceae	<i>Kunzea flavescens</i>		X			
Myrtaceae	<i>Kunzea robusta</i>	X				
Myrtaceae	<i>Kunzea serotina</i>	X				
Myrtaceae	<i>Kunzea sinclairii</i>	X				KM065226.1
Myrtaceae	<i>Kunzea tenuicaulis</i>	X				
Myrtaceae	<i>Kunzea toelkenii</i>	X				
Myrtaceae	<i>Kunzea triregensis</i>	X				
Podocarpaceae	<i>Lagarostrobos franklinii</i>		X		HM593609.1	HM593710.1
Lythraceae	<i>Lagerstroemia archeriana</i>		X		KF496670.1	
Solanaceae	<i>Latua pubiflora</i>			X	KY047643.1	
Atherospermataceae	<i>Laurelia novae-zelandiae</i>	X			AF052196.1	
Atherospermataceae	<i>Laurelia sempervirens</i>			X	AF052612.3	AJ627928.1
Atherospermataceae	<i>Laureliopsis philippiana</i>			X	AF040662.2	

Familia	Nombre	NZ	AU	SA	rbcl	matK
Myrtaceae	<i>Legrandia concinna</i>			X	KY047656.1	AM489990.1
Sapindaceae	<i>Lepiderema pulchella</i>		X		KF496475.1***	AY724310.1***
Podocarpaceae	<i>Lepidothamnus intermedius</i>	X			KF714079.1	KF713614.1
Podocarpaceae	<i>Lepidothamnus laxifolius</i>	X			HM593610.1	AF457114.1
Ericaceae	<i>Leptecophylla robusta</i>	X			KT007208.1	
Myrtaceae	<i>Leptospermum brachyandrum</i>		X			
Myrtaceae	<i>Leptospermum laevigatum</i>	X	X		JQ412378.1	KM065364.1
Myrtaceae	<i>Leptospermum scoparium</i>	X			HM850121.1	KM065186.1
Myrtaceae	<i>Leptospermum whitei</i>		X			
Ericaceae	<i>Leucopogon parviflorus</i>		X		JQ305870.1	
Cupressaceae	<i>Libocedrus bidwillii</i>	X			JF725927.1	AF152202.1
Cupressaceae	<i>Libocedrus plumosa</i>	X			L12574.2	AF152200.1
Anacardiaceae	<i>Lithrea caustica</i>			X	KF561924.1***	AY594470.1***
Lauraceae	<i>Litsea calicaris</i>	X			KT626733.1	
Arecaceae	<i>Livistona australis</i>		X		KM896109.1	HQ720338.1
Proteaceae	<i>Lomatia dentata</i>			X		
Proteaceae	<i>Lomatia ferruginea</i>			X		
Proteaceae	<i>Lomatia fraseri</i>		X			EU169643.1
Proteaceae	<i>Lomatia hirsuta</i>			X		
Proteaceae	<i>Lomatia silaifolia</i>		X		U79171.1	EU169644.1
Myrtaceae	<i>Lophomyrtus bullata</i>	X			JQ933392.1	KU945996.1
Myrtaceae	<i>Lophostemon confertus</i>		X		KU761892.1	AF184707.2
Myrtaceae	<i>Lophostemon suaveolens</i>		X		KF496643.1	AY525134.1
Myrtaceae	<i>Luma apiculata</i>			X	KX162972.1	AY521540.1
Myrtaceae	<i>Luma chequen</i>			X		JN661010.1
Proteaceae	<i>Macadamia integrifolia</i>		X		JX571862.1	AY823204.1

Familia	Nombre	NZ	AU	SA	rbcl	matK
Proteaceae	<i>Macadamia tetraphylla</i>		X		KM895504.1	EU642704.1
Euphorbiaceae	<i>Macaranga tanarius</i>		X		AB233866.1	EF582630.1
Euphorbiaceae	<i>Mallotus claoxyloides</i>		X		KM895643.1	EF582639.1
Euphorbiaceae	<i>Mallotus philippensis</i>		X		GU441775.1	EF582674.1
Podocarpaceae	<i>Manoao colensoi</i>	X			AF249644.1	HM593712.1
Celastraceae	<i>Maytenus boaria</i>			X		EU328948.1
Celastraceae	<i>Maytenus magellanica</i>			X		HQ267111.1
Myrtaceae	<i>Melaleuca alternifolia</i>		X		AM235658.1	KM065337.1
Myrtaceae	<i>Melaleuca bracteata</i>		X		KM896199.1	KM065346.1
Myrtaceae	<i>Melaleuca dealbata</i>		X			
Myrtaceae	<i>Melaleuca lanceolata</i>		X			
Myrtaceae	<i>Melaleuca leucadendra</i>		X		KX527090.1	KX526359.1
Myrtaceae	<i>Melaleuca linariifolia</i>		X			KM065169.1
Myrtaceae	<i>Melaleuca quinquenervia</i>		X		GU135164.1	GU135000.1
Myrtaceae	<i>Melaleuca viridiflora</i>		X			AF184708.1
Meliaceae	<i>Melia azedarach</i>		X		EU042973.1	EF489117.1
Rutaceae	<i>Melicope elleryana</i>		X		JN987118.1	KM894584
Rutaceae	<i>Melicope micrococca</i>		X		JN987121.1	KM894486.1
Rutaceae	<i>Melicope rubra</i>		X		JN987122.1	
Rutaceae	<i>Melicope ternata</i>	X			AF116271.1	
Violaceae	<i>Melicytus dentatus</i>	X			KF735699.1	
Violaceae	<i>Melicytus flexuosus</i>	X				
Violaceae	<i>Melicytus lanceolatus</i>	X				
Violaceae	<i>Melicytus macrophyllus</i>	X				
Violaceae	<i>Melicytus ramiflorus</i>	X			KF735720.1	DQ842612.1
Araliaceae	<i>Meryta sinclairii</i>	X			U50248.1	U58614.1

Familia	Nombre	NZ	AU	SA	rbcl	matK
Myrtaceae	<i>Metrosideros bartlettii</i>	X				KM065376.1
Myrtaceae	<i>Metrosideros excelsa</i>	X			HM850177.1	KM065270.1
Myrtaceae	<i>Metrosideros kermadecensis</i>	X				KM065307.1
Myrtaceae	<i>Metrosideros parkinsonii</i>	X				KM065231.1
Myrtaceae	<i>Metrosideros robusta</i>	X				KM065260.1
Myrtaceae	<i>Metrosideros umbellata</i>	X				KM065371.1
Santalaceae	<i>Mida salicifolia</i>	X			EF584598.1	EF584623.1
Sapindaceae	<i>Mischocarpus lachnocarpus</i>		X			
Sapindaceae	<i>Mischocarpus pyriformis</i>		X		AY724363.1	EU720628.1
Ericaceae	<i>Monotoca elliptica</i>		X		JQ305876.1	AY005099.1
Scrophulariaceae	<i>Myoporum insulare</i>	X				
Scrophulariaceae	<i>Myoporum laetum</i>	X			KT626743.1	JQ412269.1
Scrophulariaceae	<i>Myoporum semotum</i>	X				
Myrtaceae	<i>Myrceugenia chrysocarpa</i>			X		JN660995.2
Myrtaceae	<i>Myrceugenia correifolia</i>			X		JN661000.1
Myrtaceae	<i>Myrceugenia exsucca</i>			X		JN660999.1
Myrtaceae	<i>Myrceugenia obtusa</i>			X		JN661015.1
Myrtaceae	<i>Myrceugenia ovata</i>			X		JN661021.1
Myrtaceae	<i>Myrceugenia parvifolia</i>			X		JN661023.1
Myrtaceae	<i>Myrceugenia planipes</i>			X		JN661027.1
Primulaceae	<i>Myrsine aquilonia</i>	X			KT626747.1	
Primulaceae	<i>Myrsine australis</i>	X				
Primulaceae	<i>Myrsine chathamica</i>	X				
Primulaceae	<i>Myrsine oliveri</i>	X				
Rubiaceae	<i>Nauclea orientalis</i>		X		AY538501.1	AY538407.1
Rutaceae	<i>Nematolepis squamea</i>		X		JN987124.1	KU377696.1

Familia	Nombre	NZ	AU	SA	rbcl	matK
Lauraceae	<i>Neolitsea australiensis</i>		X		KM895651.1	KM894545.1
Lauraceae	<i>Neolitsea dealbata</i>		X		KF496461.1	KM894823.1
Myrtaceae	<i>Neomyrtus pedunculata</i>	X			JQ933419.1	KM065093.1
Araliaceae	<i>Neopanax colensoi</i>	X			FJ470147.1	
Araliaceae	<i>Neopanax laetus</i>	X			FJ470138.1	
Araliaceae	<i>Neopanax macintyreii</i>	X			FJ470140.1	
Oleaceae	<i>Nestegis apetala</i>	X			KT626749.1	KC163181.1
Oleaceae	<i>Nestegis cunninghamii</i>	X				KC163175.1
Oleaceae	<i>Nestegis lanceolata</i>	X				KC163174.1
Oleaceae	<i>Nestegis montana</i>	X				KC163180.1
Sapotaceae	<i>Niemeyera whitei</i>		X		KM896073.1	
Oleaceae	<i>Notelaea longifolia</i>		X		KM895584.1	KM894494.1
Nothofagaceae	<i>Nothofagus alessandrii</i>			X	L13341.2	
Nothofagaceae	<i>Nothofagus alpina</i>			X	L13342.2	
Nothofagaceae	<i>Nothofagus antarctica</i>			X	MF044989.1	AY263924.1
Nothofagaceae	<i>Nothofagus betuloides</i>			X	L13345.2	
Nothofagaceae	<i>Nothofagus cunninghamii</i>		X		L13348.2	U92859.1
Nothofagaceae	<i>Nothofagus dombeyi</i>			X	L13350.2	
Nothofagaceae	<i>Nothofagus fusca</i>	X			AY605491.1	
Nothofagaceae	<i>Nothofagus glauca</i>			X	L13352.2	
Nothofagaceae	<i>Nothofagus macrocarpa</i>			X		
Nothofagaceae	<i>Nothofagus menziesii</i>	X			AY605494.1	
Nothofagaceae	<i>Nothofagus moorei</i>		X		L13356.2	
Nothofagaceae	<i>Nothofagus nitida</i>			X	L13357.2	U92860.1
Nothofagaceae	<i>Nothofagus obliqua</i>			X	L13358.2	AJ581438.1
Nothofagaceae	<i>Nothofagus pumilio</i>			X	L13360.2	

Familia	Nombre	NZ	AU	SA	rbcl	matK
Nothofagaceae	<i>Nothofagus solandri</i>	X			AY605497.1	AB015464.1
Nothofagaceae	<i>Nothofagus truncata</i>	X			AY605498.1	
Fabaceae	<i>Notospartium glabrescens</i>	X				
Fabaceae	<i>Notospartium torulosum</i>	X				
Apocynaceae	<i>Ochrosia poweri</i>		X			KT955350.1
Oleaceae	<i>Olea paniculata</i>		X		KF496329.1	AM933422.1
Asteraceae	<i>Olearia albida</i>	X				HQ439797.1
Asteraceae	<i>Olearia angustifolia</i>	X				HQ439798.1
Asteraceae	<i>Olearia arborescens</i>	X				
Asteraceae	<i>Olearia avicenniifolia</i>	X				
Asteraceae	<i>Olearia cheesemanii</i>	X				HQ439800.1
Asteraceae	<i>Olearia crebra</i>	X				
Asteraceae	<i>Olearia elliptica</i>		X		KM895878.1	KC242421.1
Asteraceae	<i>Olearia fragrantissima</i>	X				
Asteraceae	<i>Olearia furfuracea</i>	X				
Asteraceae	<i>Olearia gardneri</i>	X				
Asteraceae	<i>Olearia ilicifolia</i>	X				
Asteraceae	<i>Olearia lyallii</i>	X				HQ439804.1
Asteraceae	<i>Olearia paniculata</i>	X				HQ439809.1
Asteraceae	<i>Olearia rani</i>	X				HQ439810.1
Asteraceae	<i>Olearia solandri</i>	X				HQ439813.1
Asteraceae	<i>Olearia thomsonii</i>	X				
Asteraceae	<i>Olearia townsonii</i>	X				
Asteraceae	<i>Olearia traversii</i>	X				HQ439814.1
Proteaceae	<i>Orites excelsus</i>		X		KM895794.1	EU169650.1
Thymelaeaceae	<i>Ovidia pillopillo</i>			X	AJ297222.1***	

Familia	Nombre	NZ	AU	SA	rbcl	matK
Fabaceae	<i>Oxylobium aciculiferum</i>		X			KX792888.1***
Pennantiaceae	<i>Pennantia baylisiana</i>	X				
Pennantiaceae	<i>Pennantia corymbosa</i>	X			AY188432.1	AJ494844.1
Pennantiaceae	<i>Pennantia cunninghamii</i>		X		AJ494843.1	KM894816.1
Lauraceae	<i>Persea lingue</i>			X	JF966615.1	AJ247182.1
Proteaceae	<i>Persoonia levis</i>		X			
Proteaceae	<i>Persoonia media</i>		X			KM894502.1
Proteaceae	<i>Persoonia virgata</i>		X			
Picrodendraceae	<i>Petalostigma triloculare</i>		X		KM896051.1	KM894874.1
Monimiaceae	<i>Peumus boldus</i>			X	AF206807.1	AJ247183.2
Phyllanthaceae	<i>Phyllanthus gunnii</i>		X		KM895543.1	KM894461.1
Phyllanthaceae	<i>Phyllanthus microcladus</i>		X		KM896161.1	KM894957.1
Podocarpaceae	<i>Phyllocladus aspleniifolius</i>		X		AY442152.1	AY442147.1
Podocarpaceae	<i>Phyllocladus toatoa</i>	X			AY442153.1	AY442149.1
Podocarpaceae	<i>Phyllocladus trichomanoides</i>	X			AB027315.1	AF456376.1
Cupressaceae	<i>Pilgerodendron uviferum</i>			X	EU161452.1	AF152207.1
Myrtaceae	<i>Pilidiostigma glabrum</i>		X		KM896004.1	KM894832.1
Myrtaceae	<i>Pilidiostigma rhytispermum</i>		X		KM896044.1	
Thymelaeaceae	<i>Pimelea ligustrina</i>		X		KX246958.1	KX252818.1
Piperaceae	<i>Piper excelsum</i>	X			AY298836.1	DQ882229.1
Nyctaginaceae	<i>Pisonia brunoniana</i>	X			JQ933356.1	KY952484.1
Nyctaginaceae	<i>Pisonia umbellifera</i>		X		KF496550.1	KY952490.1
Rutaceae	<i>Pitavia punctata</i>			X	KY047651.1	
Pittosporaceae	<i>Pittosporum colensoi</i>	X				
Pittosporaceae	<i>Pittosporum crassifolium</i>	X				
Pittosporaceae	<i>Pittosporum dallii</i>	X				

Familia	Nombre	NZ	AU	SA	rbcl	matK
Pittosporaceae	<i>Pittosporum ellipticum</i>	X				
Pittosporaceae	<i>Pittosporum eugenioides</i>	X				
Pittosporaceae	<i>Pittosporum ferrugineum</i>		X		KM895654.1	KM894548.1
Pittosporaceae	<i>Pittosporum huttonianum</i>	X				
Pittosporaceae	<i>Pittosporum obcordatum</i>	X				
Pittosporaceae	<i>Pittosporum patulum</i>	X				
Pittosporaceae	<i>Pittosporum ralphii</i>	X				
Pittosporaceae	<i>Pittosporum tenuifolium</i>	X				
Pittosporaceae	<i>Pittosporum turneri</i>	X				
Pittosporaceae	<i>Pittosporum umbellatum</i>	X				
Pittosporaceae	<i>Pittosporum undulatum</i>		X		HM850262.1	DQ133794.1
Pittosporaceae	<i>Pittosporum virgatum</i>	X				
Malvaceae	<i>Plagianthus regius</i>	X				AY944630.1
Sapotaceae	<i>Planchonella australis</i>		X			KM894587.1
Sapotaceae	<i>Planchonella chartacea</i>		X		KM896068.1	KM894891.1
Sapotaceae	<i>Planchonella costata</i>	X			KT626760.1	
Sapotaceae	<i>Planchonella myrsinifolia</i>		X		KM896072.1	KM894894.1
Anacardiaceae	<i>Pleiogynium timorense</i>		X		KM896152.1	AY594474.1
Podocarpaceae	<i>Podocarpus acutifolius</i>	X			HM593622.1	HM593725.1
Podocarpaceae	<i>Podocarpus elatus</i>		X		AF249606.1	AF457113.1
Podocarpaceae	<i>Podocarpus grayae</i>		X		HM593647.1	HM593750.1
Podocarpaceae	<i>Podocarpus lawrencei</i>		X		AF249613.1	HM593756.1
Podocarpaceae	<i>Podocarpus nivalis</i>	X			HM593653.1	HM593757.1
Podocarpaceae	<i>Podocarpus nubigenus</i>			X	AF249621.1	HM593767.1
Podocarpaceae	<i>Podocarpus salignus</i>			X	AF249628.1	KF713773.1
Podocarpaceae	<i>Podocarpus smithii</i>		X		AF249629.1	HM593779.1

Familia	Nombre	NZ	AU	SA	rbcl	matK
Podocarpaceae	<i>Podocarpus spinulosus</i>	X			HM593676.1	HM593780.1
Podocarpaceae	<i>Podocarpus totara</i>	X			HM593678.1	HM593782.1
Escalloniaceae	<i>Polyosma cunninghamii</i>		X		AF299091.1	AJ429368.1
Araliaceae	<i>Polyscias australiana</i>		X		JN564319.1	JN564052.1
Araliaceae	<i>Polyscias elegans</i>		X		KM895657.1	KM894550.1
Araliaceae	<i>Polyscias sambucifolia</i>		X		KM896053.1	KM894876.1
Rhamnaceae	<i>Pomaderris apetala</i>	X			AJ390063.1***	KU564605.1***
Rhamnaceae	<i>Pomaderris hamiltonii</i>	X			AJ390063.1***	KU564605.1***
Fabaceae	<i>Pongamia pinnata</i>		X		AY289676.1	JX506616.1
Zygophyllaceae	<i>Porlieria chilensis</i>			X	Y15024.1	
Sapotaceae	<i>Pouteria splendens</i>			X	JQ626231.1***	JQ626486.1***
Urticaceae	<i>Pouzolzia australis</i>	X			KT626767.1	
Lamiaceae	<i>Prostanthera caerulea</i>		X		HQ384867.1***	AJ581428.1***
Lamiaceae	<i>Prostanthera incisa</i>		X		HQ384867.1***	AJ581428.1***
Lamiaceae	<i>Prostanthera lasianthos</i>		X		HQ384867.1***	AJ581428.1***
Podocarpaceae	<i>Prumnopitys andina</i>			X	AF249655.1	KF713800.1
Podocarpaceae	<i>Prumnopitys ferruginea</i>	X			AF249656.1	AF457115.1
Podocarpaceae	<i>Prumnopitys ladei</i>		X		HM593620.1	HM593723.1
Podocarpaceae	<i>Prumnopitys taxifolia</i>	X			HM593621.1	HM593724.1
Araliaceae	<i>Pseudopanax arboreus</i>	X			U50252.1	U58617.1
Araliaceae	<i>Pseudopanax crassifolius</i>	X			FJ470127.1	
Araliaceae	<i>Pseudopanax discolor</i>	X			FJ470145.1	
Araliaceae	<i>Pseudopanax ferox</i>	X			FJ470150.1	
Araliaceae	<i>Pseudopanax gilliesii</i>	X			FJ470129.1	
Araliaceae	<i>Pseudopanax lessonii</i>	X			FJ470124.1	
Winteraceae	<i>Pseudowintera axillaris</i>	X			AY572266.1	

Familia	Nombre	NZ	AU	SA	rbcl	matK
Winteraceae	<i>Pseudowintera insperata</i>	X				
Fabaceae	<i>Psoralea glandulosa</i>			X		AY386871.1
Rubiaceae	<i>Psychotria loniceroides</i>		X		KM895592.1	KM894504.1
Quillajaceae	<i>Quillaja saponaria</i>			X	U06822.1	AY386843.1
Paracryphiaceae	<i>Quintinia acutifolia</i>	X			KT626828.1	
Paracryphiaceae	<i>Quintinia elliptica</i>	X				
Paracryphiaceae	<i>Quintinia serrata</i>	X				
Paracryphiaceae	<i>Quintinia verdonii</i>		X		AF299092.1	AJ429366.1
Primulaceae	<i>Rapanea salicina</i>	X			JQ025081.1***	JQ024989.1***
Primulaceae	<i>Rapanea variabilis</i>		X		JQ025081.1***	JQ024989.1***
Araliaceae	<i>Raukaua edgerleyi</i>	X				
Araliaceae	<i>Raukaua laetevirens</i>			X	AF307932.1	
Araliaceae	<i>Raukaua simplex</i>	X			FJ470122.1	
Verbenaceae	<i>Rhaphithamnus spinosus</i>			X	U32160.1	
Rhizophoraceae	<i>Rhizophora stylosa</i>		X		AF127686.1	AF105092.2
Myrtaceae	<i>Rhodamnia argentea</i>		X			AF368217.1
Myrtaceae	<i>Rhodomyrtus psidioides</i>		X		KM895791.1	
Arecaceae	<i>Rhopalostylis baueri</i>	X			AJ404808.1	HG969985.1
Arecaceae	<i>Rhopalostylis sapida</i>	X				
Euphorbiaceae	<i>Ricinocarpos speciosus</i>		X		KM895662.1	KM894556.1
Salicaceae	<i>Salix humboldtiana</i>			X	KX016423.1	EU790679.1
Adoxaceae	<i>Sambucus gaudichaudiana</i>		X		KU564864.1	HQ714368.1
Rutaceae	<i>Sarcomelicope simplicifolia</i>		X		AF066817.1	KM894966.1
Sapindaceae	<i>Sarcopteryx stipata</i>		X		KM895731.1	
Podocarpaceae	<i>Saxegothaea conspicua</i>			X	AY664857.1	AF457116.1
Araliaceae	<i>Schefflera actinophylla</i>		X		GU135189.1	GU135026.1

Familia	Nombre	NZ	AU	SA	rbcl	matK
Araliaceae	<i>Schefflera digitata</i>	X			FJ470121.1	
Anacardiaceae	<i>Schinus latifolius</i>			X		
Anacardiaceae	<i>Schinus molle</i>			X	U39270.2	JX495755.1
Anacardiaceae	<i>Schinus polygamus</i>			X		
Cunoniaceae	<i>Schizomeria ovata</i>		X		KM895629.1	KM894933.1
Asteraceae	<i>Senecio cymosus</i>			X		GU817416.1
Asteraceae	<i>Senecio yegua</i>			X		
Fabaceae	<i>Senna acclinis</i>		X		KM896054.1	KM894739.1
Elaeocarpaceae	<i>Sloanea australis</i>		X		KF496841.1	AY935938.1
Elaeocarpaceae	<i>Sloanea woollsii</i>		X		KM895994.1	KM894828.1
Solanaceae	<i>Solanum aviculare</i>		X		KU564866.1	KU564614.1
Solanaceae	<i>Solanum hapalum</i>		X			
Solanaceae	<i>Solanum inaequilaterum</i>		X		KU564869.1	
Solanaceae	<i>Solanum nobile</i>		X		KM895901.1	KM894748.1
Solanaceae	<i>Solanum stelligerum</i>		X		KM895547.1	KM894631.1
Fabaceae	<i>Sophora cassioides</i>			X		
Fabaceae	<i>Sophora chathamica</i>	X				
Fabaceae	<i>Sophora fulvida</i>	X				
Fabaceae	<i>Sophora godleyi</i>	X				
Fabaceae	<i>Sophora macrocarpa</i>			X	AY725479.1	JQ619975.1
Fabaceae	<i>Sophora microphylla</i>	X			AY725480.1	JQ619976.1
Fabaceae	<i>Sophora molloyi</i>	X				
Fabaceae	<i>Sophora prostrata</i>	X				
Fabaceae	<i>Sophora tetraptera</i>	X				
Proteaceae	<i>Stenocarpus sinuatus</i>		X		U79174.1	EU169665.1
Moraceae	<i>Streblus banksii</i>	X				

Familia	Nombre	NZ	AU	SA	rbcl	matK
Moraceae	<i>Streblus heterophyllus</i>	X				
Moraceae	<i>Streblus smithii</i>	X			KT626787.1	
Loganiaceae	<i>Strychnos axillaris</i>		X			AB636276.1
Myrtaceae	<i>Syncarpia glomulifera</i>		X		KF496861.1	AF368220.2
Meliaceae	<i>Synoum glandulosum</i>		X		AY128242.1	KM894804.1
Myrtaceae	<i>Syzygium alatoramulum</i>		X			
Myrtaceae	<i>Syzygium anisatum</i>		X			AF368195.2
Myrtaceae	<i>Syzygium australe</i>		X		KM895996.1	AF368221.1
Myrtaceae	<i>Syzygium crebrinerve</i>		X		KU564879.1	DQ088574.1
Myrtaceae	<i>Syzygium fibrosum</i>		X			DQ088577.1
Myrtaceae	<i>Syzygium floribundum</i>		X			DQ088620.1
Myrtaceae	<i>Syzygium ingens</i>		X		KM895634.1	DQ088542.1
Myrtaceae	<i>Syzygium luehmannii</i>		X		JN564343.1	DQ088587.1
Myrtaceae	<i>Syzygium maire</i>	X			KT626830.1	DQ088589.1
Myrtaceae	<i>Syzygium paniculatum</i>		X			DQ088598.1
Myrtaceae	<i>Syzygium smithii</i>	X	X		KM896155.1	DQ088545.1
Myrtaceae	<i>Syzygium suborbiculare</i>		X			
Myrtaceae	<i>Syzygium tierneyanum</i>		X			DQ088616.1
Myrtaceae	<i>Syzygium unipunctatum</i>		X		JN564346.1	DQ088623.1
Myrtaceae	<i>Syzygium wilsonii</i>		X			DQ088618.1
Apocynaceae	<i>Tabernaemontana pandacaqui</i>		X		KM895696.1	GU973953.1
Winteraceae	<i>Tasmannia insipida</i>		X		L01957.2	AJ966810.1
Myrtaceae	<i>Tepualia stipularis</i>			X		AF368222.2
Sapindaceae	<i>Toechima tenax</i>		X		AY724368.1	KM894568.1
Meliaceae	<i>Toona ciliata</i>		X		KR530140.1	JX518246.1
Proteaceae	<i>Toronia toru</i>	X			DQ875823.1	

Familia	Nombre	NZ	AU	SA	rbcl	matK
Cannabaceae	<i>Trema tomentosa var. viridis</i>		X		JN040432.1	AF345325.1
Rhamnaceae	<i>Trevoa quinquenervia</i>			X	KY047623.1	
Myrtaceae	<i>Tristaniopsis laurina</i>		X		KM895945.1	AF184710.3
Proteaceae	<i>Triunia robusta</i>		X		KM895641.1	KM894540.1
Ericaceae	<i>Trochocarpa laurina</i>		X		JQ305883.1	AY005106.1
Plantaginaceae	<i>Veronica barkeri</i>	X				
Plantaginaceae	<i>Veronica elliptica</i>	X			AY034011.1	
Plantaginaceae	<i>Veronica flavida</i>	X				
Plantaginaceae	<i>Veronica stricta</i>	X				
Plantaginaceae	<i>Veronica tairawhiti</i>	X				
Cunoniaceae	<i>Vesselowskya rubifolia</i>		X		AF291920.1	
Lamiaceae	<i>Vitex lucens</i>	X			KT626796.1	
Cunoniaceae	<i>Weinmannia racemosa</i>	X			AF307933.1	
Cunoniaceae	<i>Weinmannia silvicola</i>	X			X69756.1	
Cunoniaceae	<i>Weinmannia trichosperma</i>			X	AF307934.1	
Monimiaceae	<i>Wilkiea hugeliana</i>		X		AF040665.1	AJ627932.1
Araucariaceae	<i>Wollemia nobilis</i>		X		EF490508.1	AF456377.1
Myrtaceae	<i>Xanthostemon chrysanthus</i>		X			AF368227.2
Rutaceae	<i>Zieria arborescens</i>		X		JN987143.1	GU062348.1