



**UNIVERSIDAD DE CHILE**

Facultad de Ciencias Forestales

Magíster en Áreas Silvestres y Conservación de la Naturaleza

**PLAN DE CONSERVACIÓN *CIRCA SITUM* DE *Neltuma chilensis* (Molina) C.E. Hughes &  
G.P. Lewis COMO UNA PROPUESTA PARA CAMBIAR SU ESTADO ACTUAL DE  
AMENAZA**

Proyecto de grado presentado como parte de los requisitos para optar al grado de Ingeniera Forestal y Magíster en Áreas Silvestres y Conservación de la Naturaleza.

**STEFANY MARTÍNEZ STUMPF**

Licenciada en Ciencias Forestales

Profesor Guía: Carlos R. Magni Díaz.

Profesor Guía: Eduardo E. Martínez Herrera

SANTIAGO - CHILE

2024

Proyecto de grado presentado como parte de los requisitos para optar al grado de Ingeniera Forestal y Magíster en Áreas Silvestres y Conservación de la Naturaleza.

Profesor(a) Guía

Nombre Carlos R. Magni Díaz  
Nota \_\_\_\_\_  
Firma \_\_\_\_\_

Profesor(a) Co-Guía

Nombre Eduardo E. Martínez Herrera  
Nota \_\_\_\_\_  
Firma \_\_\_\_\_

Profesor(a) Consejero(a)

Nombre Marco Méndez Torres  
Nota \_\_\_\_\_  
Firma \_\_\_\_\_

Profesor(a) Consejero(a)

Nombre H. Jaime Hernández Palma  
Nota \_\_\_\_\_  
Firma \_\_\_\_\_

## **AGRADECIMIENTOS**

# ÍNDICE DE CONTENIDOS

RESUMEN .....	i
SUMMARY .....	ii
<b>1. INTRODUCCIÓN .....</b>	<b>1</b>
<b>1.1 Objetivos .....</b>	<b>5</b>
1.1.1 General.....	5
1.1.2 Específicos .....	5
<b>2. MATERIALES Y MÉTODOS.....</b>	<b>6</b>
<b>2.1 Área de estudio.....</b>	<b>6</b>
<b>2.2 Determinación de estructura y diversidad genética de poblaciones de <i>N. chilensis</i> muestreadas .....</b>	<b>7</b>
2.2.1 Colecta y extracción de ADN del material vegetal.....	7
2.2.2 Genotipado .....	7
2.2.3 Análisis de datos, diversidad y parámetros genéticos de las poblaciones.....	9
<b>2.3 Modelación de nicho ecológico y proyección futura de las poblaciones de <i>N. chilensis</i>.....</b>	<b>10</b>
2.3.1 Datos de ocurrencia y variables ambientales.....	10
2.3.2 Construcción del modelo de nicho .....	11
<b>2.4 Evaluación del estado de conservación y priorización de poblaciones de <i>N. chilensis</i> .....</b>	<b>12</b>
2.4.1 Evaluación de la protección y conservación actual de la especie.....	12
2.4.2 Poblaciones de interés a priorizar .....	13
<b>2.5 Elaboración de plan de conservación <i>circa situm</i> para las poblaciones de <i>N. chilensis</i> dependiendo de su estado de amenaza.....</b>	<b>15</b>
<b>3. RESULTADOS Y DISCUSIÓN.....</b>	<b>19</b>
<b>3.1 Estructura y diversidad genética de <i>N. chilensis</i>.....</b>	<b>19</b>
<b>3.2 Modelación de nicho ecológico actual y futuro de las poblaciones de <i>N. chilensis</i> .....</b>	<b>25</b>

<b>3.3 Estado y prioridad de conservación de poblaciones de <i>N. chilensis</i></b> .....	27
3.3.1 Estado de conservación de <i>N. chilensis</i> en áreas protegidas.....	27
<b>3.4 Propuesta de plan de conservación de <i>N. chilensis</i></b> .....	35
3.4.1 Objetivo del plan .....	35
3.4.2 Revisión de antecedentes básicos de la especie .....	35
3.4.3 Sitios disponibles a reforestar con la especie.....	35
3.4.4 Viveros cercanos a poblaciones prioritarias .....	36
3.4.5 Estimación de individuos y superficie a intervenir .....	39
3.4.6 Acciones de conservación .....	41
3.4.6.1 Morigerar posibles amenazas .....	41
3.4.6.2 Mejorar el estado actual de conservación de las poblaciones prioritarias.....	42
3.4.5.3 Plan de seguimiento y/o monitoreo de las acciones .....	43
3.4.5.4 Financiamiento económico.....	43
<b>4. CONCLUSIONES</b> .....	44
<b>5. BIBLIOGRAFÍA</b> .....	46
<b>6. APÉNDICES</b> .....	59

## ÍNDICE DE FIGURAS

<b>Figura 1.</b> Distribución natural de <i>N. chilensis</i> .....	6
<b>Figura 2.</b> Esquema resumen del modelo metodológico. ....	10
<b>Figura 3.</b> Esquema resumen de metodología para elaboración de mapas.....	12
<b>Figura 4.</b> Esquema resumen metodología para la elaboración de mapa de priorización de poblaciones a conservar.....	15
<b>Figura 5.</b> Relación entre distancia genética y distancia geográfica de 201 individuos de <i>N. chilensis</i> . ....	24
<b>Figura 6.</b> Estructuración de los tres grupos resultantes del análisis en STRUCTURE (cada color representa un grupo genético).....	24
<b>Figura 7.</b> Mapas de ocurrencia y presencia/ausencia de la especie. ....	26
<b>Figura 8.</b> Resultado de la modelación de la diversidad genética de la especie a través de IDW. ....	29
<b>Figura 9.</b> Mapas de Interpolación IDW de la diversidad genética relacionada con las áreas protegidas. ....	30
<b>Figura 10.</b> Mapa general de áreas prioritarias para la conservación de <i>N. chilensis</i> y sus respectivas superficies. ....	31
<b>Figura 11.</b> Mapa de áreas prioritarias y poblaciones a conservar de la Región de Coquimbo...	32
<b>Figura 12.</b> Mapa de áreas prioritarias y poblaciones a conservar de la Región de Valparaíso. .	33
<b>Figura 13.</b> Mapa de áreas prioritarias y poblaciones a conservar de la Región Metropolitana. .	34
<b>Figura 14.</b> Mapa de áreas aptas para la reforestación/forestación de <i>N. chilensis</i> y sus respectivas superficies. ....	36
<b>Figura 15.</b> Mapa de áreas aptas para reforestar/forestar, poblaciones a conservar y ubicación de viveros en la Región de Coquimbo.....	37
<b>Figura 16.</b> Mapa de áreas aptas para reforestar/forestar, poblaciones a conservar y ubicación de viveros en la Región de Valparaíso. ....	38
<b>Figura 17.</b> Mapa de áreas aptas para reforestar/forestar, poblaciones a conservar y ubicación de viveros en la Región Metropolitana.....	39

## ÍNDICE DE TABLAS

<b>Tabla 1.</b> Caracterización de loci de microsatélites en <i>N. chilensis</i> .....	8
<b>Tabla 2.</b> Valorización de atributos para definir poblaciones a priorizar. ....	14
<b>Tabla 3.</b> Valorización de atributos para definir las áreas aptas para reforestar/forestar.....	16
<b>Tabla 4.</b> Estadísticas de diversidad y características de amplificación de once loci SSR utilizados en 201 individuos de <i>N. chilensis</i> . ....	19
<b>Tabla 5.</b> Estadísticas de diversidad genética de 22 poblaciones de <i>N. chilensis</i> .....	21
<b>Tabla 6.</b> Análisis de varianza molecular (AMOVA) para las 22 poblaciones de <i>N. chilensis</i> .....	22
<b>Tabla 7.</b> Valores $F_{ST}$ de diferenciación genética por pares entre veintidós poblaciones de <i>N. chilensis</i> . ....	23
<b>Tabla 8.</b> Valor AUC y umbrales potenciales obtenidos en la evaluación de los modelos.....	25
<b>Tabla 9.</b> Superficie de áreas protegidas de <i>N. chilensis</i> .....	27
<b>Tabla 10.</b> Estimación de número de individuos y superficie a intervenir para aumentar la densidad poblacional de <i>N. chilensis</i> . ....	40
<b>Tabla 11.</b> Seguimiento y monitoreo de las acciones de conservación.....	43

## RESUMEN

*Neltuma chilensis*, a pesar de su amplia distribución en Chile, se encuentra catalogada como Vulnerable debido a usos históricos, cambios de uso de suelo, problemas de regeneración y herbivoría. La expansión urbana y la agricultura han reducido su hábitat, desconociéndose los efectos en su diversidad genética. El objetivo de este trabajo fue elaborar un plan de conservación *circa situm* para mejorar su estado de amenaza, abordando acciones de conservación, seguimiento y financiamiento. Para ello, se llevó a cabo un muestreo extenso y un posterior genotipado de muestras vegetales a través de marcadores microsatélites nucleares, obteniendo parámetros genéticos descriptivos de las poblaciones de la especie. Por otra parte, se implementó una modelación de la ocurrencia y presencia/ausencia potencial actual y futura que permitió identificar áreas prioritarias para conservar. Con estos antecedentes y la recapitulación de información de diversas fuentes, se elaboró un plan que incluyó revisión bibliográfica, identificación de áreas aptas para reforestar y los viveros cercanos a ellas, número de individuos necesarios para la reforestación, programas de mitigación de amenazas y un plan de seguimiento. Los resultados revelaron una alta diversidad genética en sus poblaciones; la diferenciación genética fue principalmente interpoblacional, con flujo genético que supera la deriva génica. Los modelos de distribución mostraron un ajuste adecuado para la presencia potencial actual y futura, promediando un 1,8% y 11,7% de la superficie respectivamente. La interpolación IDW indicó una deficiente protección de recursos genéticos en sistemas estatales y privados. La priorización identificó el 28,6% de la superficie como altamente prioritaria, conservando 10 de las 22 poblaciones definidas, las cuales poseen los más altos niveles de diversidad genética en los sectores de la Higuera, Ruta Illapel-Monte Patria, Ruta Petorca-San Felipe, Colina y Tiltil. Por último, para cambiar el estado actual de amenaza en las regiones de Coquimbo, Valparaíso y Metropolitana se propone plantar 393 individuos de *N. chilensis* en una superficie de 15,8 ha., lo cual se complementaría con un programa de sensibilización de la especie para morigerar las posibles amenazas mediante una encuesta y jornadas educativas, además de un programa de reforestación/forestación o arbolado urbano con la especie para aumentar su densidad poblacional en los sectores donde los resultados de la encuesta indiquen. El seguimiento trimestral será responsabilidad de voluntarios y el financiamiento provendrá de fondos concursables estatales y privados. Este plan de conservación propuesto representa una posibilidad práctica para revertir los efectos antrópicos y podría ser aplicado a otras especies amenazadas de flora.

**Palabras claves:** Diversidad genética, marcadores moleculares, modelación de nicho ecológico, conservación.



## SUMMARY

*Neltuma chilensis*, despite its wide distribution in Chile, is categorized as Vulnerable due to historical uses, land-use changes, regeneration issues, and herbivory. Urban expansion and agriculture have limited its habitat, with unknown effects on its genetic diversity. The objective of this study was to develop a *circa situm* conservation plan to improve its threatened status, addressing conservation actions, monitoring, and funding. For this purpose, extensive sampling, and subsequent genotyping of plant samples through nuclear microsatellite markers were conducted, obtaining descriptive genetic parameters for the species populations. Furthermore, a modeling of current and future potential occurrence and presence/absence was implemented, identifying priority areas for conservation. With this information and a recapitulation of data from various sources, a plan was developed that included literature review, identification of suitable areas for reforestation and nearby nurseries, the number of individuals needed for reforestation, threat mitigation programs, and a monitoring plan. Results revealed high genetic diversity in its populations; genetic differentiation was mainly intrapopulation, with gene flow surpassing genetic drift. Distribution models showed a good fit for current and future potential presence, averaging 1,8% and 11,7% of the respective surface area. IDW interpolation indicated poor protection of genetic resources in state and private systems. Prioritization identified 28.6% of the surface area as highly prioritized, conserving 10 out of the 22 defined populations, which have the highest levels of genetic diversity in the sectors of La Higuera, Route Illapel-Monte Patria, Route Petorca-San Felipe, Colina, and Tiltil. Finally, to change the current threatened status in the regions of Coquimbo, Valparaíso and Metropolitana, it proposes planting 393 individuals of *N. chilensis* on a surface area of 15,8 ha., complemented by a species awareness program to mitigate potential threats through a survey and educational events, as well as a reforestation/urban afforestation program with the species to increase its population density in sectors where the survey results indicate. Quarterly monitoring will be the responsibility of volunteers, and funding will come from state and private competitive funds. This proposed conservation plan represents a practical opportunity to reverse anthropogenic effects and could be applied to other threatened flora species.

**Keywords:** Genetic diversity, molecular markers, ecological niche modeling, conservation.

# 1. INTRODUCCIÓN

La creciente demanda de diversos recursos naturales para obtener madera, comida, fibras, medicina y actividades culturales ha generado importantes pérdidas de biodiversidad y acelerados cambios en la productividad, funcionalidad y sostenibilidad de diferentes ecosistemas forestales y sus especies (Hooper *et al.*, 2012; FAO, 2014; Potter *et al.*, 2017). Esto producto de las altas tasas de deforestación, la fragmentación de bosques remanentes, la destrucción de hábitats, la invasión de especies exóticas, la ganadería, agricultura, cambios de uso de suelo y el cambio climático antropogénico (Santos y Tellería, 2006; Tellería, 2013; Benton *et al.*, 2021).

Las poblaciones vegetales para sobrellevar las consecuencias de la pérdida o degradación de sus hábitats dependen de su diversidad genética (Graudal *et al.*, 2014; Ottewell *et al.*, 2015), concepto que se define como “cualquier diferencia que exista en el material hereditario, entre dos o más organismos, ya sea a nivel de los componentes fundamentales (los nucleótidos individuales: adenina, timina, guanina y citosina) que constituyen la cadena de ADN, o bien a nivel de genes, cromosomas, incluso genomas completos y representa la variación heredable dentro y entre poblaciones de organismo” (Domínguez *et al.*, 2019). También se asocia a los niveles de heterocigosidad ( $H$ ) de la población, ya sea esperada ( $H_e$ ) u observada ( $H_o$ ). La  $H_e$  se relaciona a la cantidad de individuos promedio heterocigotos que deben existir en una población para estar en equilibrio de Hardy-Weinberg, en tanto  $H_o$ , es el promedio del conteo directo de la cantidad de individuos heterocigotos dentro de una población (Frankham *et al.*, 2004).

Por lo general, se espera que mientras mayor sea la diversidad genética de una población, mayor será su capacidad de respuesta para sobrevivir y dejar descendencia (Reed y Frankham, 2003; Futuyma, 2005). Es imprescindible para la evolución y adaptación de las especies a los constantes cambios ambientales y fluctuaciones demográficas que ocurren por sucesos inesperados (Gautschi *et al.*, 2002). Así como también, diferenciarse en sus procesos ecológicos de productividad primaria, procesos fisiológicos, procesos morfológicos, competencia interespecífica, regeneración, reclutamiento, capacidad germinativa, flujos de energía y nutrientes (Young *et al.*, 2000; Hughes *et al.*, 2008; Walck *et al.*, 2011). En el caso contrario, la escasez o ausencia de diversidad podría afectar la viabilidad, tamaño poblacional y, por ende, desencadenar la extinción de la especie (Rocha y Gasca, 2007; Azpilicueta *et al.*, 2011; Newbold *et al.*, 2015).

Para evitar los riesgos de erosión genética o pérdida de diversidad genética por reducción del número total de reproductores ( $N_e$ ) u otros factores poblacionales, demográficos y/o genéticos, presentes en especies amenazadas o en peligro de extinción, resulta de vital importancia la conservación genética de la especie (Ellstrand y Elam, 1993). Lo anterior significa la disminución de la presión sobre los recursos genéticos forestales que son usados de manera sustentable para asegurar un desarrollo íntegro y saludable de los ecosistemas, con un flujo continuo de genes diversos y la mantención de sus funciones ambientales, sociales y económicas (Ipinza *et al.*, 2012). En este sentido, la conservación permite elaborar diferentes estrategias que buscan asegurar altos niveles de diversidad y mejorar la producción de fuentes semilleras (Graudal *et al.*, 2014; Ottewell *et al.*, 2015), la autosostenibilidad de las poblaciones (Azpilicueta *et al.*, 2011; Thomas *et al.*, 2014), la capacidad de adaptación de las plántulas y su migración a sitios más apropiados fisiológicamente para establecerse. Sin embargo, éstos últimos no necesariamente son ambientes naturales o silvestres, si no que, también pueden estar ocupados por otros usos de tierra, principalmente ganadero-agrícolas (Malhi *et al.*, 2009).

Los ambientes antropogénicos de igual manera pueden ser una oportunidad de conservación (Dawson *et al.*, 2013), estrategia comúnmente llamada conservación *circa situm* o *circa situ* (Boshier *et al.*, 2004). Este término se basa en huertos o tierras de cultivo agrícolas (Hughes, 1998) donde se preservan árboles plantados nativos y/o árboles remanentes silvestres. Las especies arbóreas son las mismas de aquel bosque natural u original que anteriormente residía ahí, el que se ha perdido o modificado significativamente producto de la expansión de la agricultura (Heywood y Dulloo, 2005). De esta manera, se mantienen las interacciones bióticas y abióticas, permitiendo que las poblaciones continúen su proceso evolutivo y generen variabilidad genética. Si bien los individuos se encuentran fuera de su hábitat estricto, están dentro de la distribución natural de la especie (Hughes, 1998; Frankie *et al.*, 2004; Heywood y Dulloo, 2005; Herrera-Cabrera *et al.*, 2018). No obstante, la eficacia y éxito de esta estrategia depende de la conectividad de árboles muy dispersos o de baja densidad poblacional presentes en los paisajes agrícolas para facilitar el flujo génico y mantener poblaciones mínimamente viables (Arnold *et al.*, 2009; Lander *et al.* 2009), así como también, mejorar el acceso del agricultor al germoplasma de la especie de interés a plantar (Dawson *et al.*, 2013).

La conservación *circa situm* priorizará el nivel de especie/genético por sobre el ecosistémico y sus acciones no necesariamente involucrarían una pérdida de superficie productiva, por el contrario, entregarían las condiciones ambientales para que ocurra la producción de flores y frutos

de la especie a conservar (Sepúlveda *et al.*, 2019). Éstos pueden ser comercializados para incrementar los recursos económicos de las comunidades locales y generar una interacción socio-forestal, la cual generaría valor y conciencia ambiental sobre los recursos endémicos y nativos (Ipinza, 2012).

En América del Sur se albergan más recursos genéticos de árboles que en Europa, sin embargo, no existen estrategias claras de conservación que permitan salvaguardar los recursos genéticos de los árboles, excepto para algunas especies de árboles que se enumeran en la Convención sobre Comercio de Especies en Peligro de Extinción (CITES) (Dawson *et al.*, 2013). Una acción que ha favorecido la conservación de especies tiene relación con su utilización por comunidades locales; algunos casos son: las orquídeas del género *Vanilla* por su fragancia, *Leucaena* spp., laurel (*Cordia alliodora*), caoba (*Swietenia humilis*), entre otras (Brush, 1991; Barrance *et al.*, 2009; Herrera-Cabrera *et al.*, 2012; Flanagan y Mosquera-Espinosa, 2016; Flanagan *et al.*, 2018). En cambio, en Europa, existe una estrategia para la conservación *in situ* de los recursos genéticos forestales (EUFORGEN), enfocado en crear una red de unidades de conservación genética a lo largo de todo el continente. Existen más de 3.200 unidades que albergan más de 4.000 poblaciones de unas 100 especies arbóreas. El programa considera la selección de unidades de conservación valiosas con especies más vulnerables y ampliamente distribuidas pero restringidas localmente, donde se evalúa el estado de conservación genética, las características de la población, del sitio, entre otros. Es un modelo base para la elaboración de diferentes tipos de estrategias, se puede adaptar dependiendo del caso (De Vries *et al.*, 2015).

Si bien la conservación genética es muy útil para sobrellevar las condiciones ambientales adversas de este último tiempo, no es un área muy explorada (Potter *et al.*, 2017). Para seleccionar y conservar los recursos genéticos de una especie, se debe tener en cuenta diversos factores como el actual estado de conservación, el uso económico potencial, la amenaza de erosión y singularidades genéticas, la eco-geografía de la distribución, la importancia biológica y cultural, el costo, viabilidad y sostenibilidad, la legislación, la ética, consideraciones estéticas, las prioridades de las organizaciones de conservación, entre otros (Maxted *et al.*, 1997).

En este contexto, una especie que podría reunir las características para ser conservada bajo la estrategia *circa situm* es *Neltuma chilensis*. Esta especie nativa posee una amplia distribución (Altamirano, 2006), se encuentra en los valles áridos con formaciones de Bosque Espinoso Adulto de Algarrobo-Espino (Gajardo, 1994), formación que se ha visto afectada por la expansión urbana

y los cultivos agrícolas (González, 2013). Presenta una gran plasticidad fenotípica al encontrarse en condiciones climáticas variadas (Carranza *et al.*, 2000) con un amplio rango de tolerancia ante diferentes condiciones medioambientales de precipitación, de temperatura y edáficas (Valdivia y Romero, 2013), requerimientos ecológicos que le permiten resistir a la sequía, alta tolerancia a la radiación lumínica, la escasa humedad atmosférica (Burkart, 1976; Serra, 1997) y mejorar las condiciones hídricas del suelo (Gutiérrez *et al.*, 2007), siendo recomendada por la FAO para combatir la desertificación y recuperar ecosistemas degradados (Bernuy, 2003). Su fruto es una legumbre indehiscente al igual que su semilla, se puede almacenar por largos períodos de tiempo manteniendo su viabilidad (Burkart, 1976; Rodríguez *et al.* 1983; Serra, 1997; Altamirano, 2006). Es importante para la alimentación humana y animal ya que posee cualidades agroindustriales como sustituto alimenticio de excelente calidad nutricional y se puede producir miel, pan, café, harinas, entre otros (FAO, 1997; Escobar *et al.*, 2000; Escobar, 2005; Escobar *et al.*, 2009; Walter, 2011; INFOR, 2013).

*N. chilensis* es una especie con problemas de conservación en Chile (Bessega *et al.*, 2018), está categorizada como Vulnerable (VU) (MMA, 2013) producto de su uso histórico, pero no se han realizado estudios para determinar su densidad poblacional a lo largo de su distribución. Existen estudios de lugares específicos, en zonas de la ladera norte de la Hacienda Chacabuco se estima una densidad de 25 individuos/hectárea y 733 individuos/hectárea en zonas planas cerca de Copiapó (Peralta y Serra, 1987). El resto son estudios acerca de su ocupación en superficie dentro de la Región Metropolitana (INFOR, 2013; Sotomayor y Barros, 2016), donde se concentra más del 50% de la superficie de las formaciones naturales y/o plantaciones de la especie a nivel nacional (Sotomayor y Barros, 2016; González *et al.*, 2017), por tanto, esto es un problema al momento de determinar con precisión su estado actual de conservación (MMA, 2013). El MMA se basa sólo en la evidencia de declive de sus poblaciones hace tres generaciones, producto de estar integradas principalmente por individuos seniles (Luebert y Pliscoff, 2017), lo cual evita el aumento y/o mantención de su densidad poblacional. Este problema se intensifica por la reducción de su hábitat (actividades mineras o cambios de uso de suelo), uso histórico como combustible y material para la construcción, ausencia de un ambiente propicio para su propagación/dispersión o problemas en su regeneración y reclutamiento por herbivoría o ganadería (MMA, 2013; Sotomayor y Barros, 2016).

En resumen, esta especie posee varios atributos de interés para ser conservada bajo una estrategia *circa situm*, su presencia se concentra mayoritariamente en las Regiones de

Coquimbo, Valparaíso y Metropolitana (Barros y Wrann, 1992; INFOR, 2009) en los valles áridos que han sufrido fragmentaciones por los cambios de uso de suelo, ya sea por la expansión urbana o la agricultura (González, 2013), por tanto, resulta una oportunidad aumentar la densidad poblacional de la especie en su hábitat natural bajo dicha conservación. Por lo anterior, este estudio tiene como objetivo elaborar un plan de conservación *circa situm* para las poblaciones de *N. chilensis* distribuidas en Chile como una propuesta para mejorar su estado actual de amenaza, considerando acciones de conservación, plan de seguimiento y financiamiento económico. Las poblaciones a evaluar serán aquellas con mayor diversidad genética y problemas de amenaza bajo el escenario actual y futuro del nicho de la especie. De este modo, sería posible entregar nueva información relativa a los antecedentes de la especie y poner a disposición un instrumento de gestión que incluya los recursos genéticos, donde la ejecución de acciones prácticas y diversas intervenciones tendrán una mejor orientación y fundamento en la toma de decisiones (Heywood, 2014).

## 1.1 Objetivos

### 1.1.1 General

Elaborar un plan de conservación *circa situm* para las poblaciones de *Neltuma chilensis* distribuidas en la Chile como una propuesta para mejorar su estado actual de amenaza, considerando acciones de conservación, plan de seguimiento y financiamiento económico.

### 1.1.2 Específicos

1. Determinar la estructura y diversidad genética de las poblaciones de *N. chilensis* a través de marcadores moleculares.
2. Modelar el nicho actual y futuro de *N. chilensis* bajo diferentes escenarios futuros y usos de tierra.
3. Evaluar el estado de conservación y priorizar las poblaciones de *N. chilensis* según estado de amenaza bajo escenario actual y futuro.

## 2. MATERIALES Y MÉTODOS

### 2.1 Área de estudio

El área de estudio abarca la distribución natural de *N. chilensis* según el Catastro Vegetacional de CONAF (2011), considerando sólo la presencia de la especie en las Regiones de Coquimbo (IV), de Valparaíso (V) y Metropolitana (RM) de Chile (Figura 1). Con esta información, se planificaron las campañas de colecta del material vegetal.

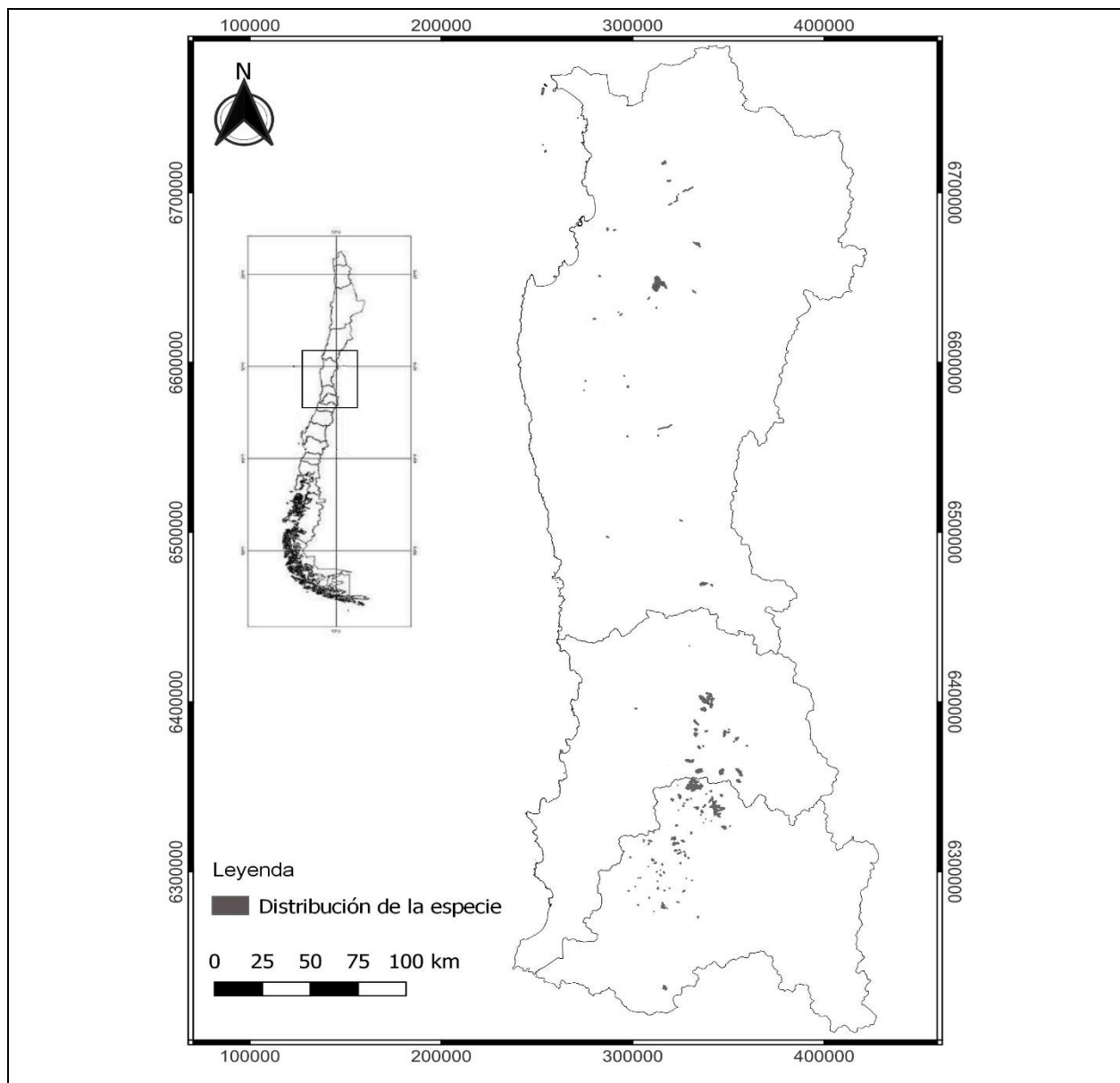


Figura 1. Distribución natural de *N. chilensis*.

## **2.2 Determinación de estructura y diversidad genética de poblaciones de *N. chilensis* muestreadas**

### 2.2.1 Colecta y extracción de ADN del material vegetal

Se colectó material vegetal de 201 individuos de *N. chilensis* (ver Apéndice 1), específicamente las hojas de individuos en buen estado fitosanitario y fotosintéticamente activas. Los individuos seleccionados se encontraban a lo menos 100 metros distanciados entre sí, de modo de reducir la probabilidad de muestrear ejemplares emparentados. Cada muestra es georreferenciada mediante un GPS utilizando el sistema de coordenadas geográficas WGS 84.

Realizada la colecta, el material fue llevado al laboratorio de la Unidad de Investigaciones en Biotecnología y Genómica Animal (INBIOGEN) de la Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias de la Universidad de Chile. Una vez recepcionados, se realizó la etapa de deshidratación de las muestras en una estufa de aire forzado a 25°C por cinco días para no degradar el ADN. Posteriormente, se extrajeron 10mg de hojas de cada muestra para ser maceradas agregando nitrógeno líquido para homogenizar el tejido (Cornejo *et al.*, 2014). Luego, se procedió a la extracción del ADN de los individuos siguiendo las instrucciones y método del kit comercial “Nucleospin Plant II” (Macherey Nagel, 2014).

Finalizada la etapa de extracción de ADN, se verificó la calidad de las muestras a extraer mediante la estimación de pureza, calidad y cantidad de ADN, utilizando dos métodos comparables entre sí, un espectrofotómetro para microplacas (Epoch) y un análisis de PCR (Reacción en Cadena de la Polimerasa) con un primer (cebador).

Las muestras debieron cumplir con los estándares y concentraciones mínimas establecidas para ser utilizadas en el siguiente análisis (Cornejo *et al.*, 2014).

### 2.2.2 Genotipado

Se utilizó un total de doce microsatélites nucleares seleccionados de Mottura *et al.* (2005) y Bessega *et al.* (2013) (ver Tabla 1). Los marcadores moleculares fueron probados en diez individuos, se evaluó la amplificación y su efectividad mediante electroforesis en geles de



acrilamida, los cuales separaron los fragmentos en diferentes tamaños de bases. Si el tamaño de fragmento es similar al dado por bibliografía (Tabla 1), se seleccionó el marcador.

**Tabla 1.** Caracterización de loci de microsatélites en *N. chilensis*.

Nombre del locus	Secuencia de cebador (5'-3')	Ta (°C)	Tamaño de alelo observado (bp)	Fuente
Mo05	F: AATTCTGCAGTCTCTTCGCC R: GATCCCTCGTACTCCTCAG	64	214-218	
Mo07	F: GAAGCTCCCTCACATTTTGC R: CTATTTGCGCAACACACAGC	59	189-213	
Mo08	F: TATCCTAAACGCCGGGCTAC R: TCCCATTATGCATACTTAAACC	59	208-222	Mottura <i>et al.</i> , 2005
Mo13	F: TTGATTAGAGTTGCATGTGGATG R: TGCAGTCCCAAGTGTGAGAG	58	218-246	
Mo16	F: CATTGCCCCAATATCACTCC R: GGGTCCATCCAGAGTAGTGG	60	149-163	
GL8	F: CAGGTGGGCATGAAGTTTCC R: CCAAGAACAACCTGCCGAAG	58	150-180	
GL12	F: GAGTGAAGGTCGGGAAGAGG R: CCATTGGACCAAGGCAGAAC	58	340-390	
GL15	F: GTGTTATGGTCCCAACAGCC R: TGAAGAGGGAGGAATCGCAG	58	160-220	
GL16	F: GTTGGATTCACGGAAGGGC R: TCAGCTAAGTGCCATACGG	58	250-300	Bessega <i>et al.</i> , 2013
GL18	F: GAGAATCTGGAGCAGCAACG R: AAGGTAGCGTCCCAGGTATG	58	220-250	
GL23	F: GTCTTCTCTCCCGTGGATCC R: TGAGGCAAAGGAAGAGCAAC	58	300-330	
GL24	F: CCTTAATCTCCCTCTCGGCC R: AACCAGGCTCTGCAGAAATG	58	260-330	

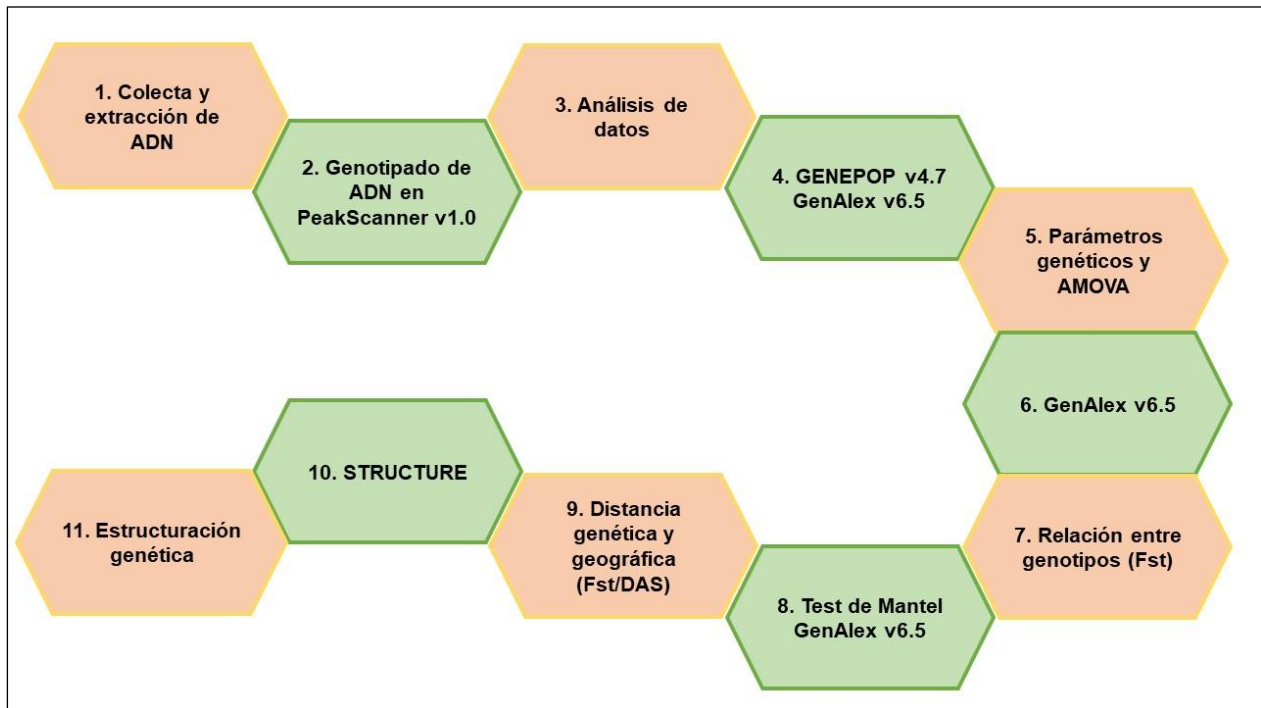
\*F: Forward; R: Reverse; T<sup>a</sup>: Temperatura de reconocimiento; bp: pares de bases.

Finalmente, los marcadores seleccionados se identificaron con marcadores fluoróforos que emiten señales de colores para diferenciarlos entre sí, señales rojas (PET), azules (6-FAM), amarillas (NED) y verdes (VIC) (Cornejo *et al.*, 2014). Estas muestras fueron enviadas al Laboratorio UC Davis (<https://vgl.ucdavis.edu>) y los resultados se analizaron en el programa PeakScanner Software v1.0 (Thermo Fisher, 2018) para identificar los alelos y el tamaño de fragmento determinado por el marcador molecular utilizado.

### 2.2.3 Análisis de datos, diversidad y parámetros genéticos de las poblaciones

Para el análisis de la diversidad genética, se utilizaron los alelos obtenidos en el genotipado y se determinaron las poblaciones de *N. chilensis* (POPXX) siguiendo como base que cada individuo para que pertenezca a una misma población, debe estar a una distancia máxima de 5 km entre sí. Determinadas las poblaciones, se aplicó el modelo metodológico empleado por Abarca (2019) (ver resumen de metodología en Figura 2). El cual se detalla a continuación:

1. **Determinación de parámetros genéticos por locus y por poblaciones:** Los datos genéticos que son necesarios para la comparación con otros estudios genéticos de la especie son el número diferente de alelos ( $N_a$ ), el número de alelos efectivos ( $N_e$ ), Índice de Shannon ( $I$ ), el número de alelos privados, heterocigosidad observada ( $H_o$ ), heterocigosidad esperada ( $H_e$ ), heterocigosidad insesgada ( $uH_e$ ) y el índice de fijación de alelos ( $F_{st}$ ). También se realizó un Análisis de la Varianza Molecular (AMOVA) para determinar la significancia de la diferenciación genética entre poblaciones, entre individuos y dentro de los individuos de la población. Esto se obtuvo a través de los programas GENEPOP v.4.7 (Raymond y Rousset, 1995) y GenAlex v.6.5 (Peakall y Smouse, 2012).
2. **Determinación de la relación entre genotipos:** Se realizó un análisis de diferenciación genética por pares entre las poblaciones utilizando el valor  $F_{st}$  (Contreras *et al.*, 2021) para obtener las relaciones existentes en el programa GenAlex v.6.5 (Peakall y Smouse, 2012). El coeficiente de diferenciación genética ( $F_{st}$ ) puede indicar una diferencia alta ( $F_{st} > 0,25$ ), media ( $F_{st} = 0,15 - 0,25$ ), baja o poco significativa ( $F_{st} < 0,05$ ) (Wright, 1965).
3. **Distancias genéticas y geográficas:** Con los datos de distancia genética ( $F_{st}$ ) y la generación de una matriz de distancia geográfica (DAS), se evaluó la correlación entre las matrices a través de la prueba de Mantel (Diniz-Filho *et al.*, 2013) en el programa GenAlex v.6.5 (Peakall y Smouse, 2012).
4. **Determinación de grupos según procedencia (estructuración genética):** Los grupos genéticos homogéneos entre sí se obtuvieron mediante el programa STRUCTURE, el cual utiliza la información de los alelos de cada individuo de las diferentes poblaciones asignadas (Pritchard *et al.*, 2000).



**Figura 2.** Esquema resumen del modelo metodológico.

## 2.3 Modelación de nicho ecológico y proyección futura de las poblaciones de *N. chilensis*

### 2.3.1 Datos de ocurrencia y variables ambientales

Se utilizaron en total 166 puntos de presencias de la especie conformadas por las colectas obtenidas en la campaña de terreno, la base de datos del Herbario EIF de la Universidad de Chile, del Herbario CONC de la Universidad de Concepción, del Museo Nacional de Historia Natural de Chile y del Global Biodiversity Information Facility (GBIF, <http://www.gbif.org>). Cabe señalar que, los registros anteriores al 1985 se excluyeron del estudio ya que, en la actualidad, no se tiene certeza de su existencia ni de su ubicación exacta.

La georreferenciación y exactitud de las coordenadas geográficas de las ocurrencias fueron evaluadas mediante el software QGIS 3.10.9 (QGIS, 2020) utilizando el método de distancia euclidiana (distancia lineal entre dos puntos) para depurar los registros duplicados entre las bases de datos y aquellos puntos de muestreo en terreno muy cercanos entre sí (menor a 1 km),

evitando la superposición de información geográfica, quedando un total de 139 ocurrencias de la especie para la modelación. Las ocurrencias se sometieron al método Krigin; modelo estadístico de inferencia espacial que permite estimar los valores lineales con una varianza mínima en aquellos lugares no muestreados para una mejor precisión de la predicción (Cressie, 1990; Villatoro *et al.*, 2007).

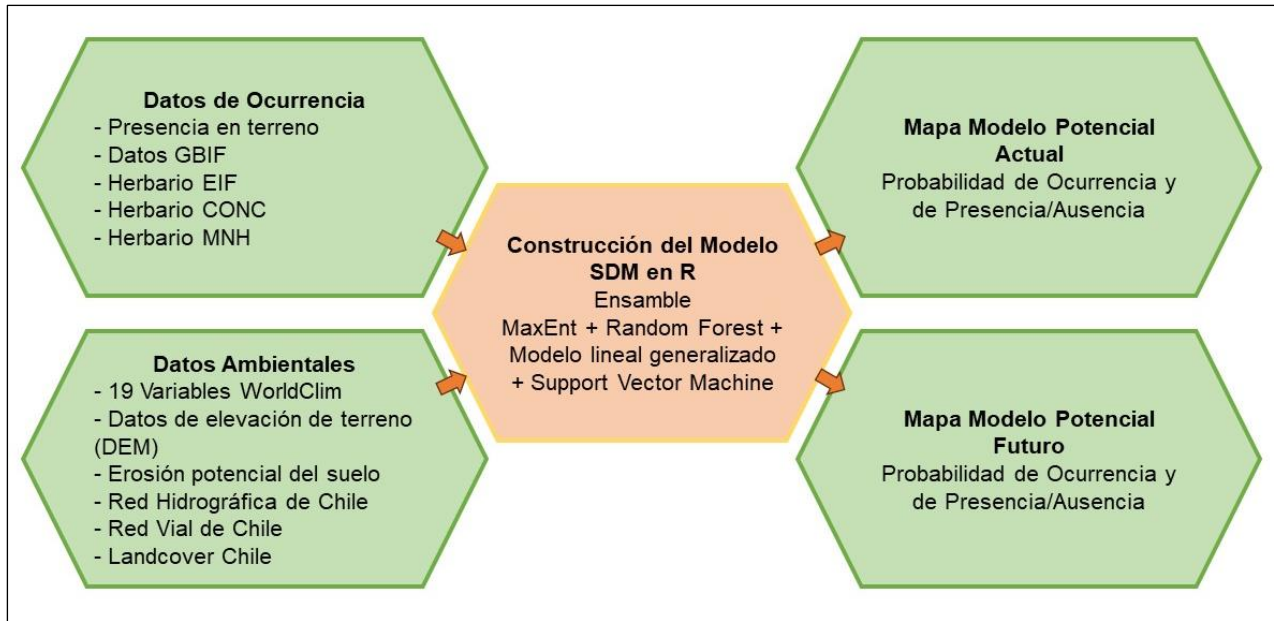
Para los datos ambientales, se utilizaron las 19 variables bioclimáticas de WorldClim (<https://www.worldclim.org/>) para la modelación potencial actual, mientras que las futuras, son variables climáticas proyectadas para el año 2050 como uno de los escenarios más próximos de poder ser revertidos con el proyecto de conservación, bajo un escenario de contaminación RCP 8.5 (el más extremo para encontrar posiblemente variaciones más significativas) usando el modelo GISS del Instituto Goddard de Estudios Espaciales de la NASA. Por otro lado, también se consideraron los datos de elevación del terreno (DEM), la red hidrográfica de Chile, la red vial de Chile, erosión potencial del suelo y el mapa de cobertura de suelos Landcover de Chile (Hernández *et al.*, 2016).

### 2.3.2 Construcción del modelo de nicho

Para la construcción del modelo de distribución de especies (SDM) potencial actual y futura se utilizaron en conjunto los modelos de Bioclim, MaxEnt (Máxima Entropía), Random forest (RF), modelo lineal generalizado (GLM) y Support Vector Machine (SVM) (ver Apéndice 2 para conocer características).

Utilizando los datos de ocurrencia y ambientales fue posible modelar el nicho ecológico de la especie mediante la ejecución de los modelos anteriores en el software R-Project (R Development Core Team, 2008). En la plataforma, los modelos fueron cargados, ejecutados y validados con el valor AUC (AUC=0,7-0,9 es un modelo muy bueno y AUC>0,9 es un modelo perfectamente ajustado). Luego, se aplicó un umbral de thresholds con 100 iteraciones (Franklin, 2010; Martínez, 2007; Nenzén y Araújo, 2011; Peterson *et al.*, 2011) para ensamblar los modelos, graficar y obtener el modelo de distribución potencial actual y futura. Con ambas distribuciones, fue posible obtener las predicciones de probabilidad de ocurrencia en el territorio y presencia/ausencia de la especie en un escenario bajo las condiciones climáticas actuales y futuras bajo el escenario extremo de cambio climático (RCP8.5).

Los rásters de probabilidad de ocurrencia y presencia/ausencia fueron llevados a QGIS y se les aplicó diferentes geoprocursos (convertir de ráster a polígono, corregir geometría, reclasificar, disolver) para posteriormente poder calcular las superficies de ambas probabilidades (ver Figura 3).



**Figura 3.** Esquema resumen de metodología para elaboración de mapas.

## 2.4 Evaluación del estado de conservación y priorización de poblaciones de *N. chilensis*

### 2.4.1 Evaluación de la protección y conservación actual de la especie

Para evaluar la protección y conservación de la especie, se utilizará como base la herramienta metodológica de los criterios de la UICN (2012). Actualmente, *N. chilensis* se encuentra categorizado como Vulnerable (VU A2cd), en donde “A” es la reducción del tamaño de la población; “A2” es la reducción de la población inferida o sospechada mayor o igual al 30% en las últimas tres generaciones (150 años), donde la reducción, o sus causas, pueden no haber cesado; “A2c” es una reducción de la calidad del hábitat debido a la explotación para la minería y al cambio de uso de suelo para fines agrícolas; y, “A2d” son los niveles de explotación reales o potenciales (MMA, 2013). Según Squeo *et al.*, (2008), esta especie se encuentra En Peligro en la Región de Atacama.

Para contrarrestar la información anterior, se determinó el área protegida dentro de la distribución natural de la especie considerando el Catastro Vegetacional (CONAF, 2011) y utilizando la información cartográfica y de superficie de protección de áreas protegidas del Sistema Nacional de Áreas Silvestres Protegidas del Estado del MBN (SNASPE; 2021), Áreas Silvestres Protegidas Privadas (ASPP), las Reservas de la Biosfera y los Sitios Prioritarios de Conservación del MMA (2021). Estos mapas son interceptados en QGIS para conocer la superficie total protegida y no protegida.

#### 2.4.2 Poblaciones de interés a priorizar

Las poblaciones por priorizar deben asegurar la continuidad de los recursos genéticos de *N. chilensis* para su persistencia en el tiempo, conservando la máxima diversidad genética con el mínimo de individuos necesarios para prosperar y mejorar el estado de amenaza actual como población. Los requisitos por cumplir están basados en De Vries et al (2015):

1. **Población con alta diversidad y particularidad genética:** Es el parámetro más adecuado en términos de conservación, entregando información simple que permite entender la estructura genética de la especie. En este caso, la especie tendría una mayor adaptabilidad (El Mousadik y Petit, 1996).
2. **Estado de amenazas actuales y potenciales:** Categorizar las áreas urbanas, industriales y urbanas consolidadas como áreas de amenaza y no aptas para la conservación debido a su expansión.
3. **Conectividad de individuos de la población:** Cercanía de individuos entre sí para la mantención de flujo genético, evitando sectores muy fragmentados.
4. **Propiedad o ubicación de la unidad poblacional de interés:** Priorizar unidades o superficies de terrenos del estado para asegurar viabilidad de conservación de la especie, sectores con probabilidad de ocurrencia y probabilidad de presencia de la especie (lugares aptos para forestar/reforestar).

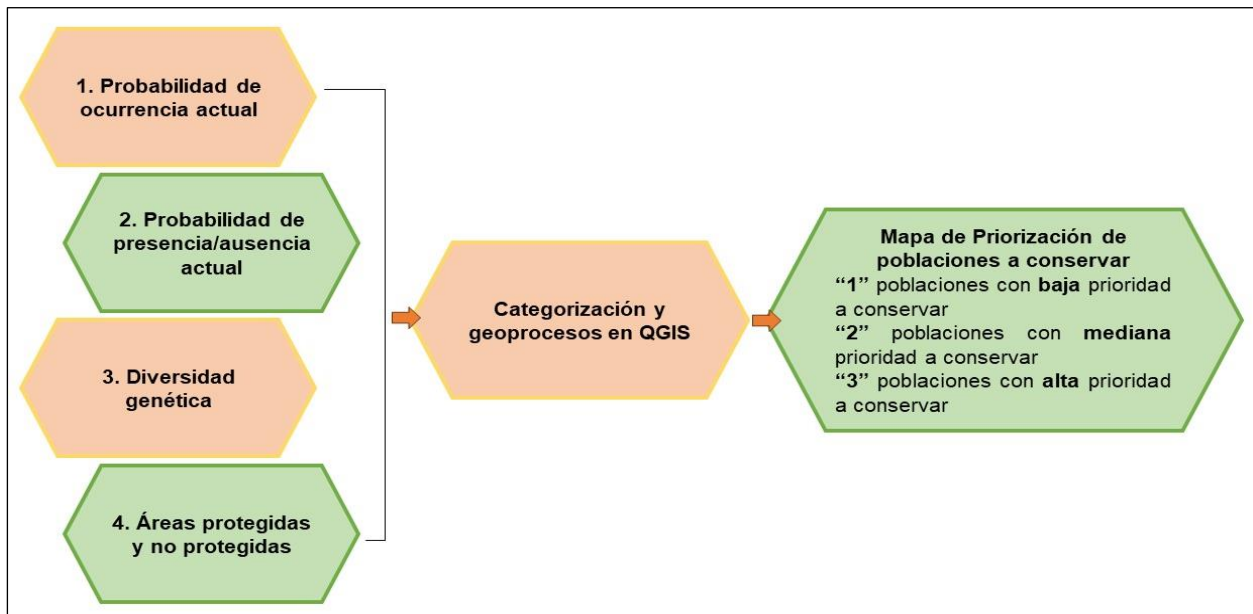
Los datos de diversidad genética fueron interpolados en el área de estudio en QGIS, de esta manera se pudo extraer nueva información espacial en lugares desconocidos a partir de los datos originales en lugares conocidos, utilizando como base la interpolación de distancia inversa ponderada (IDW), pues se ajusta mejor a las características de los datos (QGIS, 2023).

Según los criterios anteriores, en QGIS se categorizó y se asignó un porcentaje de ponderación a cada una de las variables de acuerdo con su importancia en responder al objetivo. Las variables utilizadas fueron la probabilidad de ocurrencia actual, de presencia/ausencia actual, las áreas protegidas (SNASPE, ASPP, Sitios Prioritarios y Reserva de la Biosfera), las áreas no protegidas (Catastro vegetacional, Landcover) y la diversidad genética. Luego, se valoraron con tres niveles los atributos: “1” Baja prioridad a conservar, “2” Media prioridad a conservar y “3” Alta prioridad a conservar (ver Tabla 2 y Figura 4). Una vez que se definieron las diferentes áreas, éstas por medio de una intersección con las poblaciones definidas (POPxx), se procedió a determinar las poblaciones a conservar. Finalmente, se calcularon las superficies y se elaboraron los mapas correspondientes.

**Tabla 2.** Valorización de atributos para definir poblaciones a priorizar.

Categoría	Importancia	Atributo	Valor
<b>Probabilidad de ocurrencia actual</b>	10%	Nula ocurrencia	1
		Ocurrencia	3
<b>Probabilidad de presencia/ausencia actual</b>	10%	Ausencia	1
		Presencia	3
<b>Diversidad genética</b>	40%	Baja diversidad genética	1
		Media diversidad genética	2
		Alta diversidad genética	3
<b>Áreas no protegidas</b>	30%	Áreas urbanas, industriales y urbanas consolidadas	1
		Cuerpos de agua, humedales, nieves eternas y glaciares	1
		Áreas desprovistas de vegetación	1
		Formación de suculentas	1
		Matorral con suculentas	2
		Plantaciones, terrenos agrícolas, cultivos	3

Categoría	Importancia	Atributo	Valor
		Bosques, matorrales, praderas	3
Áreas protegidas	10%	SNASPE, APP, Reserva de la Biosfera, Sitios Prioritarios con presencia de la especie	3



**Figura 4.** Esquema resumen metodología para la elaboración de mapa de priorización de poblaciones a conservar.

## 2.5 Elaboración de plan de conservación *circa situm* para las poblaciones de *N. chilensis* dependiendo de su estado de amenaza

El plan de conservación *circa situm* se centró en una propuesta de acciones que tienen relación con la información bibliográfica acerca de la especie y los resultados obtenidos en los objetivos anteriores siguiendo los lineamientos principales del “Plan de Conservación y Manejo del tamarugo (*Prosopis tamarugo* Phil.)” (Cardozo y Miranda, 2006), la metodología implementada en Europa (De Vries *et al.*, 2015) y las categorías y criterios de amenaza de la UICN (2012) y MMA (2013). Por tanto, el plan de conservación está conformado por lo siguiente:

1. **Información bibliográfica de la especie:** Antecedentes generales morfológicos, fisiológicos, distribución, tamaño poblacional, dinámica natural, crecimiento,



productividad, amenazas actuales y potenciales. Métodos de plantación y manejo (recolección de semillas, plantación, riego, manejo del bosque y producción de frutos).

**2. Mapa con ubicación de sitios potenciales para forestar y reforestar con la especie:**

Siguiendo la metodología del Objetivo 3, se realizó un análisis de los sitios potenciales aptos para forestar/reforestar con la especie. Las variables utilizadas fueron la probabilidad de ocurrencia futura, de presencia/ausencia futura, las áreas protegidas (SNASPE, ASPP, Sitios Prioritarios y Reserva de la Biosfera), las áreas no protegidas del Catastro vegetal (CONAF, 2011), Landcover (Hernández *et al.*, 2016), Pisos vegetacionales (Luebert y Pliscoff, 2017) y Formaciones vegetacionales (Gajardo, 1994). Los atributos se valoraron con tres niveles: “1” Área no apta para forestar/reforestar, “2” Área medianamente apta para forestar/reforestar y “3” área apta para forestar/reforestar (ver Tabla 3). Luego, se realizó una intersección de estas áreas con las poblaciones a conservar para determinar si las áreas donde se encuentran son aptas para reforestar/forestar y así, tener superficie disponible para aumentar la densidad de la población.

**Tabla 3.** Valorización de atributos para definir las áreas aptas para reforestar/forestar.

Categoría	Importancia	Atributo	Valor
Probabilidad de ocurrencia futura	20%	Nula ocurrencia	1
		Ocurrencia	3
Probabilidad de presencia/ausencia futura	20%	Ausencia	1
		Presencia	3
Áreas no protegidas	25%	Áreas urbanas, industriales y urbanas consolidadas	1
		Cuerpos de agua, humedales, nieves eternas y glaciares	1
		Áreas desprovistas de vegetación	1
		Formación de suculentas	1
		Matorral con suculentas	2
		Plantaciones, terrenos agrícolas, cultivos	3

Categoría	Importancia	Atributo	Valor
		Bosques, matorrales, praderas	3
	20%	Formación y Piso vegetacional con presencia de la especie	3
Áreas protegidas	15%	SNASPE, ASPP, Reserva de la Biosfera, Sitios prioritarios con presencia de la especie	3

3. **Mapa de poblaciones de algarrobo seleccionadas como prioritarias a conservar y ubicación de viveros en Chile:** En QGIS, se realizó un mapa con la información de áreas aptas para reforestar/forestar, las poblaciones a conservar y los viveros forestales que producen la especie *N. chilensis* según la CONAF (2023) que se encuentran cercanos a las poblaciones. Esto con el fin de reproducir a los individuos en lugares que conozcan las técnicas y el conocimiento necesario para manejar la especie, además de desarrollarse en condiciones climáticas similares a donde habitan.
  
4. **Estimación potencial de la cantidad de individuos y la extensión necesaria para cambiar el estado de conservación de la especie en Chile:** Considerando las categorías y criterios de amenaza de la UICN (2012) y MMA (2013), este valor se estimó utilizando el supuesto de la existencia de 25 individuos/hectárea (Peralta y Serra, 1987) ya que el criterio se basa en la evidencia disponible, por tanto, para mejorar el estado actual de la especie la densidad poblacional debiese aumentar en más de un 30% según lo indicado por la UICN. De acuerdo con esto, el objetivo será aumentar en un 30% cada una de las poblaciones a conservar y, además, se debe considerar que el valor medio de supervivencia de la especie es del 40% (Barchuk *et al.*, 1998). Luego, la superficie necesaria se calculó para cada población, utilizando una proporcionalidad directa de fórmula (Buitrago *et al.*, 2022):

$$x = \frac{a \times b}{c}$$

Donde: “x” es la superficie necesaria para conservar a la población POPxx; “a” es el número de individuos de la población POPxx; “b” es la superficie que abarcan los individuos a aumentar, también se calcularon con proporcionalidad directa (ha); “c” es el número de individuos que debe tener la población.

5. **Acciones de conservación:**

- Morigerar posibles amenazas: Proposición de un programa de sensibilización de la especie en los asentamientos locales, indicando los beneficios y servicios aportados por la especie.
- Mejorar estado actual de conservación de las poblaciones: Proposición de programas de reforestación/forestación y arbolado urbano: en zonas urbanas, suburbanas y rurales.
- Plan de seguimiento y/o monitoreo de las acciones.
- Financiamiento económico para ejecutar el plan.

### 3. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

#### 3.1 Estructura y diversidad genética de *N. chilensis*

Al analizar una muestra de 201 individuos de *N. chilensis*, de los doce microsatélites utilizados se descartó sólo el GL12 ya que presentó problemas de amplificación. Se encontraron 163 alelos con tamaños de fragmentos que varían entre 148 a 341 pares de bases, por tanto, sugieren niveles moderados a altos de diversidad genética. El número de alelos generados por cada marcador SSR varió de 7 a 60 con un promedio de 25 alelos por locus. El mayor número de alelos se observó en el locus GL24 (60 alelos) y el menor número de alelos se observó en el locus Mo16 (7 alelos). La oscilación del tamaño de los fragmentos amplificados para cada microsatélite se puede visualizar en la Tabla 4.

Con respecto a la heterocigosidad esperada promedio es relativamente alta con un valor de 0,54 para todos los loci, variando entre los 0,78 en el locus GL8 y 0,22 en el locus Mo16. La heterocigosidad observada varió de 0,50 en el locus GL8 a 0,02 en el locus GL24, con un promedio de 0,21 para todos los loci.

En este estudio se encontró un mayor número de alelos en cada uno de los locus con respecto a Mottura *et al.*, (2005), Bessega *et al.*, (2013), Moncada *et al.*, (2019) y Contreras *et al.*, (2021), esto podría deberse a la diferencia del tamaño de muestras considerado, en donde en este estudio fue mayor (n=201 individuos), sin embargo, en todos, incluyendo el presente, se reportan similares niveles de diversidad genética de la especie.

**Tabla 4.** Estadísticas de diversidad y características de amplificación de once loci SSR utilizados en 201 individuos de *N. chilensis*.

Locus	Promedio Ho	Promedio He	F <sub>IS</sub>	F <sub>ST</sub>	F <sub>IT</sub>	Resultado de amplificación	Tamaño de alelo observado (bp)	N° alelos detectados
GL8	0,50	0,78	0,37 ns	0,16 ns	0,47 ns	+	162-195	28
GL15	0,15	0,51	0,71 ns	0,35 ns	0,81 ns	+	182-223	18
GL16	0,04	0,57	0,94 ns	0,38 ns	0,96 ns	+	237-338	27
GL18	0,16	0,55	0,70 ns	0,24 ns	0,77 ns	+	231-246	14
GL23	0,03	0,57	0,95 ns	0,41 ns	0,97 ns	±	295-337	38
GL24	0,02	0,61	0,97 ns	0,37 ns	0,98 ns	±	256-341	60
Mo05	0,10	0,47	0,78 ns	0,43 ns	0,87 ns	±	210-221	10
Mo07	0,40	0,53	0,24 ns	0,38 ns	0,54 ns	±	187-218	19

Locus	Promedio Ho	Promedio He	F <sub>IS</sub>	F <sub>ST</sub>	F <sub>IT</sub>	Resultado de amplificación	Tamaño de alelo observado (bp)	N° alelos detectados
Mo08	0,45	0,46	0,02 **	0,42 ns	0,44 ns	±	210-225	14
Mo13	0,34	0,67	0,49 ns	0,22 ns	0,60 ns	+	215-261	35
Mo16	0,11	0,22	0,51 ns	0,47 ns	0,74 ns	±	148-161	7
<b>Promedio</b>	<b>0,21</b>	<b>0,54</b>	<b>0,61</b> <b>(±0,09)</b>	<b>0,35</b> <b>(±0,03)</b>	<b>0,74</b> <b>(±0,06)</b>		-	<b>25</b>

Promedio Ho= Promedio Heterocigosidad observada, Promedio He= Promedio Heterocigosidad esperada, F<sub>IS</sub>= Coeficiente de endogamia dentro de las poblaciones, F<sub>ST</sub>= Coeficiente de diferenciación genética entre poblaciones, F<sub>IT</sub>= Coeficiente de endogamia total, Amplificación exitosa (+), amplificación débil (±), bp= Pares de bases. P-valor: \*P<0,10; \*\*P<0,05; \*\*\*P<0,0001; ns= no significativo.

Se determinaron 22 poblaciones de *N. chilensis* al agrupar los individuos según la cercanía entre ellos (distancia máxima 5 km), 6 poblaciones en la Región de Coquimbo, 7 poblaciones en la Región de Valparaíso y 9 poblaciones en la Región Metropolitana (ver Apéndice 3 y 4). Al analizar las poblaciones, se obtuvieron los valores de los diferentes parámetros de diversidad genética, lo cual se detalla en la Tabla 5.

Se observaron alelos privados exclusivos para las poblaciones del Tranque Las Tórtolas (POP14; Ap=3), Ruta Illapel-Monte Patria (POP2; Ap=1) y Til Til (POP21; Ap=1). El Índice de Shannon (I) tuvo un rango entre 0,11 (±0,08) y 1,94 (±0,24), con un promedio de 1,06 (±0,04). El alto valor de este índice es atribuible a una mayor diversidad dentro de las poblaciones, cuyos valores máximos corresponden a las locaciones del Tranque Las Tórtolas (POP14), Ruta Illapel-Monte Patria (POP2), Til Til (POP21) y El Colorado (POP17). Los valores más bajos son para Ruta Illapel-Monte Patria (POP4, POP5 y POP6) e Isla de Maipo-Pirque (POP22).

La heterocigosidad observada varía entre 0,05 (±0,05) y 0,36 (±0,11), con un promedio de 0,21 (±0,02), mientras que, la heterocigosidad esperada entregó valores entre los 0,08 (±0,05) y 0,76 (±0,05), con un promedio de 0,54 (±0,02), lo cual es considerado un rango moderado a alto de diversidad genética donde se destacan nuevamente las localidades del Tranque Las Tórtolas (POP14), Til Til (POP21), El Colorado (POP17) y Ruta Illapel-Monte Patria (Región de Coquimbo; POP2) con los valores más altos de diversidad. Los valores más bajos son para las localidades de Ruta Illapel-Monte Patria (Región de Coquimbo; POP4, POP5, POP6) e Isla de Maipo-Pirque (POP22). Para todas las localidades analizadas, la heterocigosidad promedio observada fue menor que la heterocigosidad esperada. El valor promedio de H<sub>e</sub> fue similar al de otros estudios con valores de H<sub>e</sub>=0,51 (Mottura *et al.*, 2005), un H<sub>e</sub>= 0,61 (Bessegga *et al.*, 2013), un H<sub>e</sub>=0,55 (Moncada *et al.*, 2019) y un H<sub>e</sub>= 0,64 (Contreras *et al.*, 2021).

**Tabla 5.** Estadísticas de diversidad genética de 22 poblaciones de *N. chilensis*.

	<b>N</b>	<b>Ap</b>	<b>N<sub>a</sub></b>	<b>N<sub>e</sub></b>	<b>I</b>	<b>H<sub>o</sub></b>	<b>H<sub>e</sub></b>	<b>uH<sub>e</sub></b>	<b>F<sub>st</sub></b>	
<b>POP1</b>	6	0,09	3,36 (±0,34)	2,89 (±0,26)	1,08 (±0,10)	0,17 (±0,07)	0,62 (±0,04)	0,71 (±0,05)	0,69 (±0,13)	ns
<b>POP2</b>	17	1,27	6,91 (±0,87)	4,83 (±0,74)	1,62 (±0,16)	0,22 (±0,06)	0,73 (±0,05)	0,76 (±0,06)	0,72 (±0,08)	ns
<b>POP3</b>	9	0,36	4,73 (±0,69)	3,98 (±0,69)	1,29 (±0,19)	0,30 (±0,09)	0,64 (±0,08)	0,71 (±0,09)	0,48 (±0,15)	ns
<b>POP4</b>	3	0,00	0,36 (±0,24)	0,33 (±0,22)	0,11 (±0,08)	0,05 (±0,05)	0,08 (±0,05)	0,11 (±0,07)	0,33 (±0,28)	ns
<b>POP5</b>	3	0,09	1,46 (±0,39)	1,34 (±0,36)	0,47 (±0,13)	0,06 (±0,04)	0,31 (±0,08)	0,40 (±0,10)	0,76 (±0,14)	ns
<b>POP6</b>	4	0,00	1,82 (±0,35)	1,73 (±0,32)	0,44 (±0,15)	0,14 (±0,09)	0,28 (±0,09)	0,38 (±0,12)	0,52 (±0,24)	ns
<b>POP7</b>	10	0,27	4,00 (±0,62)	3,26 (±0,60)	1,09 (±0,19)	0,19 (±0,07)	0,56 (±0,09)	0,60 (±0,09)	0,57 (±0,16)	ns
<b>POP8</b>	9	0,09	4,36 (±0,75)	3,58 (±0,58)	1,21 (±0,18)	0,22 (±0,07)	0,62 (±0,07)	0,70 (±0,08)	0,65 (±0,11)	ns
<b>POP9</b>	6	0,18	3,27 (±0,54)	2,91 (±0,46)	1,00 (±0,16)	0,15 (±0,06)	0,57 (±0,07)	0,69 (±0,07)	0,75 (±0,09)	ns
<b>POP10</b>	6	0,18	2,46 (±0,64)	2,04 (±0,42)	0,58 (±0,20)	0,33 (±0,13)	0,33 (±0,10)	0,45 (±0,13)	-0,11 (±0,25)	***
<b>POP11</b>	8	0,36	3,36 (±0,59)	2,70 (±0,39)	0,98 (±0,14)	0,19 (±0,07)	0,56 (±0,05)	0,67 (±0,05)	0,66 (±0,13)	ns
<b>POP12</b>	9	0,09	4,00 (±0,73)	3,37 (±0,69)	1,09 (±0,19)	0,32 (±0,10)	0,57 (±0,08)	0,68 (±0,09)	0,38 (±0,19)	ns
<b>POP13</b>	11	0,36	4,00 (±0,62)	2,80 (±0,50)	1,06 (±0,13)	0,23 (±0,09)	0,58 (±0,04)	0,65 (±0,04)	0,63 (±0,13)	ns
<b>POP14</b>	32	3,45	11,73(±2,04)	7,64 (±1,98)	1,94 (±0,24)	0,12 (±0,04)	0,76 (±0,05)	0,78 (±0,06)	0,85 (±0,04)	ns
<b>POP15</b>	4	0,18	2,82 (±0,38)	2,60 (±0,34)	0,89 (±0,16)	0,36 (±0,11)	0,52 (±0,08)	0,67 (±0,11)	0,30 (±0,19)	ns
<b>POP16</b>	10	0,09	5,36 (±0,79)	4,38 (±0,80)	1,41 (±0,20)	0,26 (±0,09)	0,66 (±0,08)	0,71 (±0,09)	0,55 (±0,15)	ns
<b>POP17</b>	10	0,55	6,00 (±0,63)	4,68 (±0,59)	1,56 (±0,13)	0,30 (±0,07)	0,74 (±0,04)	0,80 (±0,04)	0,62 (±0,08)	ns
<b>POP18</b>	7	0,18	3,09 (±0,55)	2,46 (±0,37)	0,88 (±0,15)	0,22 (±0,08)	0,50 (±0,07)	0,60 (±0,08)	0,56 (±0,15)	ns
<b>POP19</b>	12	0,55	5,73 (±0,70)	4,49 (±0,71)	1,49 (±0,15)	0,27 (±0,08)	0,71 (±0,05)	0,76 (±0,05)	0,60 (±0,11)	ns
<b>POP20</b>	10	0,09	4,00 (±0,69)	3,21 (±0,58)	1,13 (±0,17)	0,15 (±0,06)	0,60 (±0,07)	0,66 (±0,07)	0,78 (±0,07)	ns
<b>POP21</b>	12	1,00	6,46 (±0,82)	5,06 (±0,71)	1,62 (±0,16)	0,23 (±0,07)	0,75 (±0,05)	0,81 (±0,05)	0,71 (±0,09)	ns
<b>POP22</b>	3	0,00	1,46 (±0,53)	1,33 (±0,47)	0,36 (±0,19)	0,12 (±0,07)	0,19 (±0,10)	0,23 (±0,12)	0,38 (±0,06)	ns
<b>TOTAL</b>	<b>9,10</b>	<b>0,40</b>	<b>4,12 (±0,21)</b>	<b>3,26 (±0,17)</b>	<b>1,06 (±0,04)</b>	<b>0,21 (±0,02)</b>	<b>0,54 (±0,02)</b>	<b>0,62 (±0,02)</b>	<b>0,60 (±0,03)</b>	

N= Número de individuos por población, Ap= Alelos privados exclusivos, N<sub>a</sub>= Número de alelos por locus, N<sub>e</sub>= Número de alelos efectivos, I= Índice de Shannon, H<sub>o</sub>= Heterocigosidad observada, H<sub>e</sub>= Heterocigosidad esperada, uH<sub>e</sub>= Heterocigosidad insesgada de Nei, F<sub>st</sub>= coeficiente de fijación de alelos. P-valor: \*P<0,10; \*\*P<0,05; \*\*\*P<0,0001; ns= no significativo.

La diversidad genética se encuentra mayoritariamente en la Región Metropolitana, seguida por la Región de Coquimbo. Esto podría deberse a que las formaciones naturales de la especie se concentran en estas regiones en más de un 50% y 30% de la superficie, respectivamente (Barros y Wrann, 1992; INFOR, 2009).

Los rangos de diferenciación poblacional ( $F_{st}$ ) fluctuaron entre -0,11 y 0,85 con un promedio de 0,60 ( $\pm 0,03$ ), lo cual expresa una alta diferenciación genética. Esto concuerda con el análisis AMOVA, el cual reveló que la mayor variación genética se encontró entre los individuos dentro de las localidades con un 76% (P-valor= 0,001) y una muy baja variación genética entre las 22 poblaciones de *N. chilensis* con un 5% de representatividad (P-valor= 0,001), sin embargo, este valor sigue siendo significativo ( $F_{st}=0,05$ ; P-valor= 0,001) (Tabla 6). Estos resultados también fueron coincidentes con Mottura *et al.*, (2005), Bessega *et al.* (2013), Moncada *et al.*, (2019) y Contreras *et al.*, (2021). Por lo general, las especies leñosas presentan una mayor variación intrapoblacional que interpoblacional (Hamrick *et al.*, 1992; Bermejo-Velázquez, 2004), esto puede deberse al restringido movimiento de genes a través de la dispersión de semillas (Brown, 1979). El coeficiente de endogamia ( $F_{is}$ ) y el coeficiente de endogamia total ( $F_{it}$ ) fue significativo en ambos casos (P-valor= 0,001), cuyos valores fueron 0,801 y 0,810, respectivamente (Tabla 6). El flujo genético analizado a través del número efectivo de migrantes por generación ( $N_m$ ) fue de 5,43 en el programa GenAlex, mientras que en GENPOP, fue de 1,24. Ambos valores si bien son distintos entre sí, indican que se superan los efectos de la deriva génica y que al menos un individuo migra por generación entre poblaciones (Piñero *et al.*, 2008), por tanto, esto podría explicar la baja diferenciación genética interpoblacional (Tabla 7).

**Tabla 6.** Análisis de varianza molecular (AMOVA) para las 22 poblaciones de *N. chilensis*.

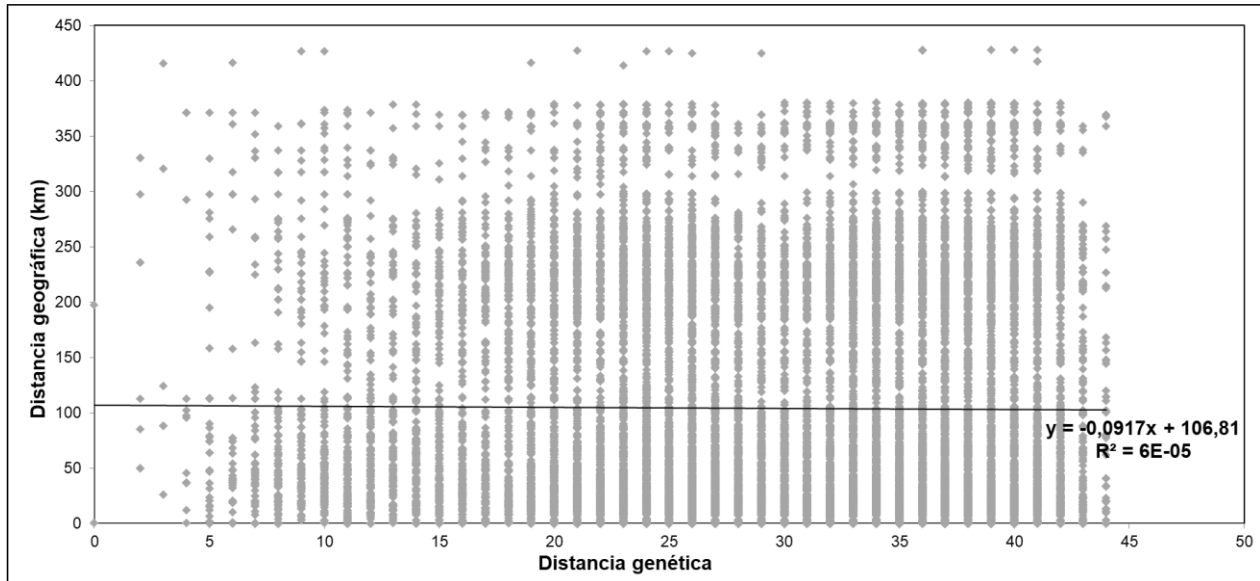
Fuente de variación	gl	Suma de cuadrados	Media cuadrática	Componentes de la varianza	Porcentaje de variación	Índices de fijación	P-valor
Entre poblaciones	21	221,43	10,5	0,2	5%	$F_{ST} = 0,05$	0,001
Entre individuos dentro de poblaciones	179	1274,35	7,1	3,2	76%	$F_{IS} = 0,8$	0,001
Entre individuos	201	158,50	0,8	0,8	19%	$F_{IT} = 0,8$	0,001
<b>Total</b>	<b>401</b>	<b>1654,28</b>	<b>18,5</b>	<b>4,2</b>	-	-	-

**Tabla 7.** Valores  $F_{ST}$  de diferenciación genética por pares entre veintidós poblaciones de *N. chilensis*.

	POP1	POP2	POP3	POP4	POP5	POP6	POP7	POP8	POP9	POP10	POP11	POP12	POP13	POP14	POP15	POP16	POP17	POP18	POP19	POP20	POP21	POP22
<b>POP1</b>	<b>0,00</b>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<b>POP2</b>	0,07	<b>0,00</b>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<b>POP3</b>	0,11	0,06	<b>0,00</b>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<b>POP4</b>	0,59	0,55	0,59	<b>0,00</b>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<b>POP5</b>	0,39	0,35	0,37	0,76	<b>0,00</b>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<b>POP6</b>	0,26	0,18	0,20	0,77	0,55	<b>0,00</b>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<b>POP7</b>	0,15	0,09	0,12	0,63	0,43	0,28	<b>0,00</b>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<b>POP8</b>	0,15	0,09	0,12	0,60	0,40	0,25	0,10	<b>0,00</b>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<b>POP9</b>	0,15	0,09	0,11	0,62	0,42	0,25	0,14	0,12	<b>0,00</b>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<b>POP10</b>	0,25	0,21	0,22	0,75	0,53	0,37	0,27	0,23	0,27	<b>0,00</b>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<b>POP11</b>	0,15	0,10	0,11	0,62	0,41	0,23	0,10	0,11	0,14	0,26	<b>0,00</b>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<b>POP12</b>	0,15	0,09	0,11	0,63	0,42	0,23	0,15	0,14	0,17	0,30	0,14	<b>0,00</b>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<b>POP13</b>	0,14	0,09	0,11	0,61	0,40	0,26	0,11	0,12	0,15	0,25	0,13	0,14	<b>0,00</b>	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<b>POP14</b>	0,09	0,06	0,10	0,54	0,34	0,23	0,09	0,07	0,09	0,19	0,10	0,14	0,12	<b>0,00</b>	-	-	-	-	-	-	-	-
<b>POP15</b>	0,23	0,18	0,21	0,63	0,47	0,36	0,26	0,23	0,25	0,32	0,25	0,26	0,24	0,19	<b>0,00</b>	-	-	-	-	-	-	-
<b>POP16</b>	0,16	0,11	0,13	0,58	0,39	0,25	0,13	0,12	0,14	0,22	0,13	0,16	0,15	0,10	0,23	<b>0,00</b>	-	-	-	-	-	-
<b>POP17</b>	0,13	0,09	0,10	0,54	0,34	0,25	0,13	0,11	0,12	0,20	0,12	0,15	0,14	0,07	0,20	0,10	<b>0,00</b>	-	-	-	-	-
<b>POP18</b>	0,15	0,11	0,10	0,66	0,41	0,28	0,12	0,14	0,16	0,26	0,12	0,14	0,13	0,13	0,27	0,14	0,13	<b>0,00</b>	-	-	-	-
<b>POP19</b>	0,11	0,06	0,09	0,56	0,36	0,22	0,08	0,08	0,11	0,21	0,09	0,12	0,09	0,07	0,17	0,10	0,08	0,12	<b>0,00</b>	-	-	-
<b>POP20</b>	0,14	0,09	0,11	0,61	0,39	0,25	0,10	0,11	0,12	0,28	0,11	0,13	0,14	0,09	0,25	0,14	0,11	0,12	0,09	<b>0,00</b>	-	-
<b>POP21</b>	0,09	0,06	0,08	0,54	0,34	0,23	0,10	0,10	0,11	0,20	0,11	0,12	0,11	0,07	0,17	0,10	0,08	0,12	0,07	0,11	<b>0,00</b>	-
<b>POP22</b>	0,41	0,35	0,40	0,85	0,67	0,56	0,45	0,44	0,45	0,61	0,42	0,45	0,40	0,37	0,50	0,41	0,38	0,48	0,38	0,42	0,35	<b>0,00</b>

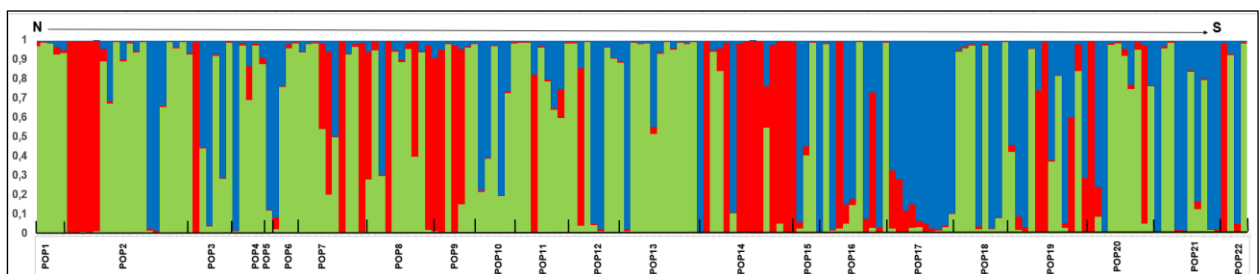


Al realizar la prueba de Mantel, el análisis arrojó que no existe correlación entre las distancias genéticas y las distancias geográficas de las localidades ( $R^2=6e^{-05}$ ; P-Valor=0,47) (Figura 5). En Moncada *et al.*, (2019), las diferencias genéticas aumentaban a medida del incremento de las distancias genéticas, pero de igual manera la correlación fue baja. Resultados similares se obtuvo en el estudio de Contreras *et al.*, (2021), donde lo anterior significa que no se revela un aislamiento por distancia.



**Figura 5.** Relación entre distancia genética y distancia geográfica de 201 individuos de *N. chilensis*.

Complementando los resultados anteriores, se analiza la estructuración genética por medio del programa STRUCTURE. Se obtuvieron tres grupos genéticos de la especie, pero los individuos de cada localidad ordenados de norte a sur no representan un gradiente geográfico (Figura 6), siendo coincidente con la prueba de Mantel.



**Figura 6.** Estructuración de los tres grupos resultantes del análisis en STRUCTURE (cada color representa un grupo genético).

### 3.2 Modelación de nicho ecológico actual y futuro de las poblaciones de *N. chilensis*

En primera instancia, la modelación se realizó con todas las variables ambientales obteniendo un valor promedio de AUC actual y futuro= 0,87. Luego, se volvió a modelar utilizando sólo las variables más significativas para la especie, éstas fueron: el rango diurno medio (B2), estacionalidad de la temperatura (B4), la temperatura del mes más cálido (B5), rango anual de temperatura (B7), precipitación anual (B12), la precipitación del mes más húmedo (B13), elevación de terreno, pendiente de terreno, red vial y la red hidrográfica. De esta segunda modelación, se obtuvo un promedio aproximado de AUC actual y futuro= 0,9 (ver Tabla 8), resultando ser un modelo perfectamente ajustado, es decir, el éxito del modelo depende de la calidad de registros de presencia, de los datos ambientales, el conocimiento biológico y geográfico que se tenga de la especie (Manzanilla-Quiñones, 2017). En este caso, la elección de las variables analizadas en este estudio parecieran ser las más influyentes.

Los valores AUC y umbrales no presentaron diferencias significativas entre sí, éstos son muy similares (Tabla 8). En relación con las superficies, el área de estudio corresponde a 7.199.402 hectáreas, en donde en todos los casos más del 87% de la superficie se encuentra con nula ocurrencia o presencia de la especie. La ocurrencia potencial actual, ocurrencia potencial futura, la presencia/ausencia potencial actual y futura ocupan una superficie de 1,4%, 2,3%, 12,6% y 10,7% del área de estudio, respectivamente.

**Tabla 8.** Valor AUC y umbrales potenciales obtenidos en la evaluación de los modelos.

Modelo	AUC actual	AUC futuro	Umbral actual	Umbral futuro
Bioclim	0,85	0,85	0,04	0,03
RandomForest	0,95	0,93	0,13	0,14
MaxEnt	0,94	0,92	0,20	0,25
GLM	0,91	0,89	0,17	0,20
SVM	0,91	0,88	0,03	0,03
<b>Promedio</b>	<b>0,91</b>	<b>0,89</b>	<b>0,11</b>	<b>0,13</b>
<b>Superficie de presencia (ha)</b>	<b>99.575</b>	<b>164.740,6</b>	<b>906.140,8</b>	<b>770.105</b>
<b>Superficie de ausencia (ha)</b>	<b>7.099.827</b>	<b>7.034.661</b>	<b>6.293.261</b>	<b>6.429.297</b>

De acuerdo con lo anterior, *N. chilensis* se vería favorecida por el escenario de cambio climático extremo RCP8.5 al año 2050 ya que aumentaría su superficie de ocurrencia en un 0,9%, sin

embargo, la presencia/ausencia de la especie disminuiría en un 1,9%, siendo afectada en su mayoría la parte norte de la distribución analizada, correspondiente a la Región de Coquimbo (Figura 7).

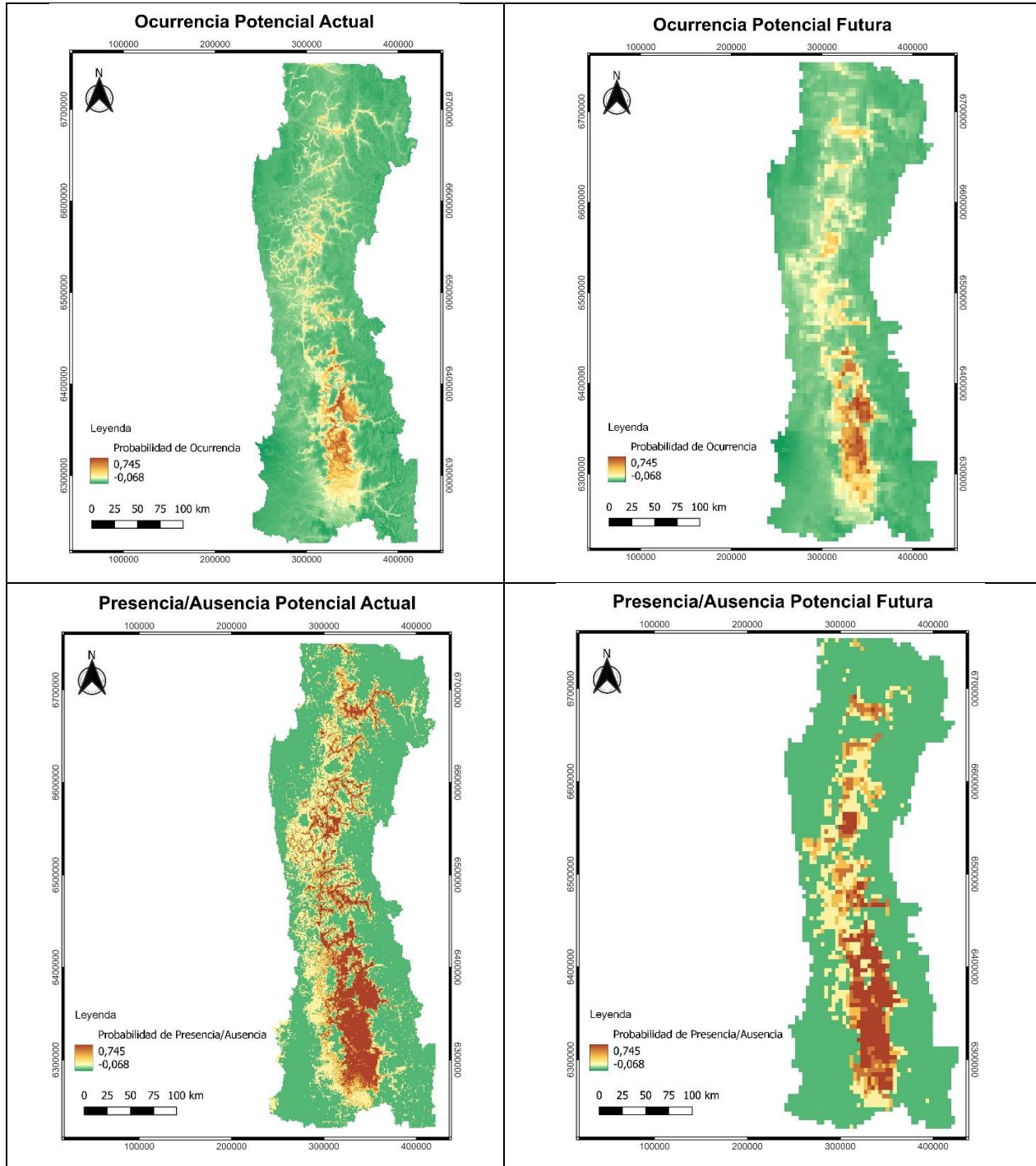


Figura 7. Mapas de ocurrencia y presencia/ausencia de la especie.

Los modelos de nicho ecológico (MNE) son una representación conceptual de factores bióticos y abióticos que controlan la distribución de especies en espacio y tiempo (Franklin, 2010; Peterson *et al.*, 2011). Se puede obtener el nicho ecológico de una especie y su distribución potencial mediante la correlación de los registros de presencia de una especie y las condiciones ambientales principalmente, utilizando algoritmos matemáticos (Pulliam, 2000). En este contexto y de acuerdo con los resultados obtenidos, esta información podría ser usada en proyectos de conservación como en la forestación o reforestación de la especie, dependiendo del caso, permitiendo aumentar la densidad poblacional de la especie en sitios donde la modelación indique que los individuos podrían prosperar, o donde la fragmentación sea más severa en el futuro. Esto permitiría canalizar los recursos económicos de manera más eficiente.

### 3.3 Estado y prioridad de conservación de poblaciones de *N. chilensis*

#### 3.3.1 Estado de conservación de *N. chilensis* en áreas protegidas

Según el Catastro Vegetacional (CONAF, 2011), *N. chilensis* posee una superficie total de 13.924,5 ha con presencia de la especie en los distintos usos de suelo desde la Región de Coquimbo hasta la Región Metropolitana. De la superficie anteriormente mencionada, sólo el 16,3% se encuentra actualmente protegida por sitios prioritarios (15,2%), áreas protegidas privadas (1,08%) y reserva de la biosfera (0,004%) (Tabla 9). En la Región de Valparaíso se conserva un 2,7% y en la Región Metropolitana un 13,6%, sin embargo, en la Región de Coquimbo no hay recursos conservados.

De los recursos genéticos de las 22 poblaciones definidas, sólo 3 se encontrarían protegidas: POP21 ( $H_e=0,75$ ) y POP19 ( $H_e=0,71$ ) protegidas en el Sitio Prioritario El Roble, y POP9 ( $H_e=0,57$ ) protegida en el Sitio Prioritario Altos de Petorca y Alicahue. Éstas resultan ser parte de las poblaciones que poseen un valor medio-alto de diversidad genética (Mottura *et al.*, 2005; Bessega *et al.*, 2013; Moncada *et al.*, 2019; Contreras *et al.*, 2021).

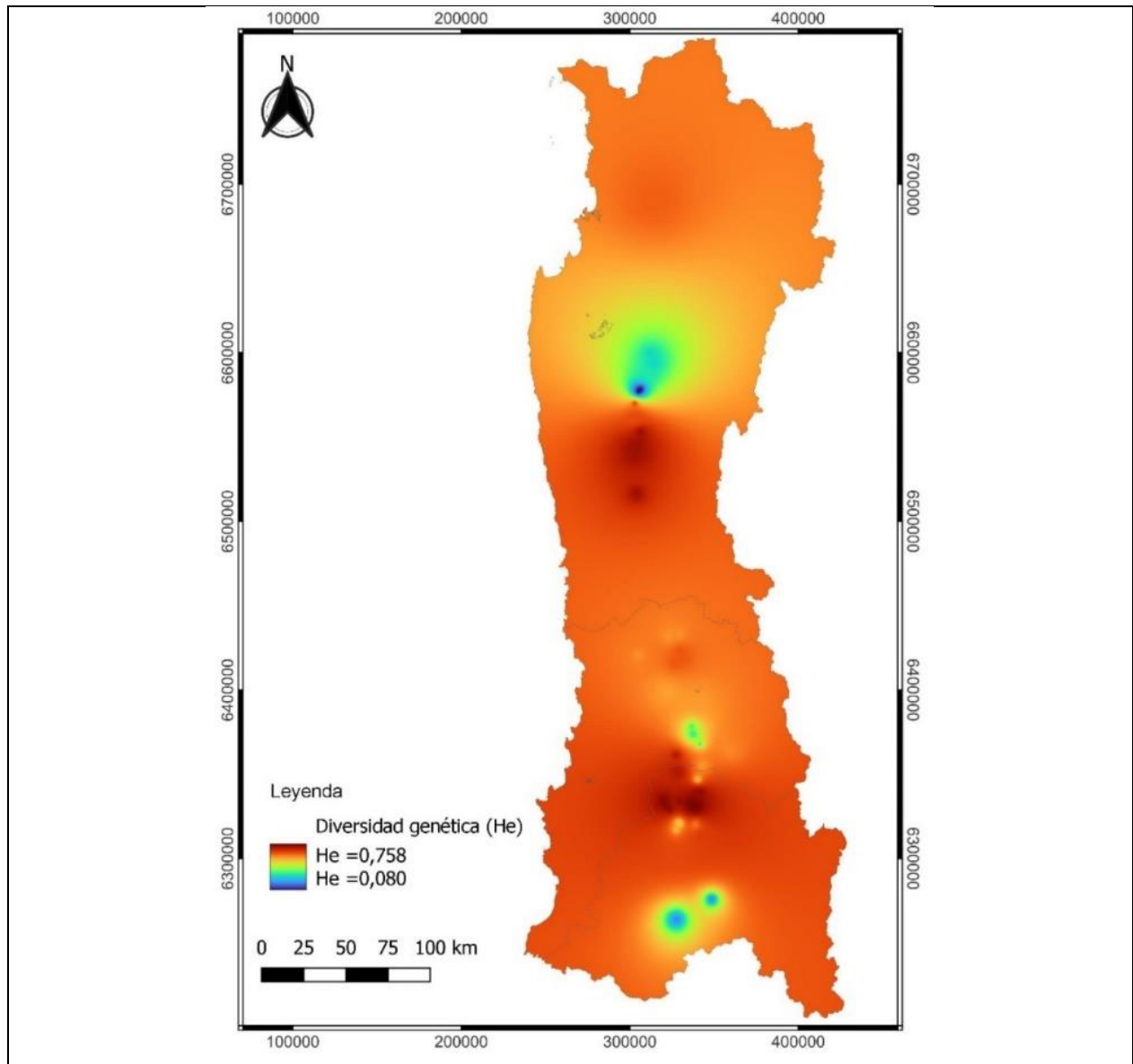
**Tabla 9.** Superficie de áreas protegidas de *N. chilensis*.

Área protegida	Tipo	Región	Superficie (ha)
La Campana-Peñuelas	Reserva de la Biosfera	V	0,5
Altos de Ahumada	Sitios Prioritarios	V	85,5
Cerro Tabaco	Sitios Prioritarios	V	277,2

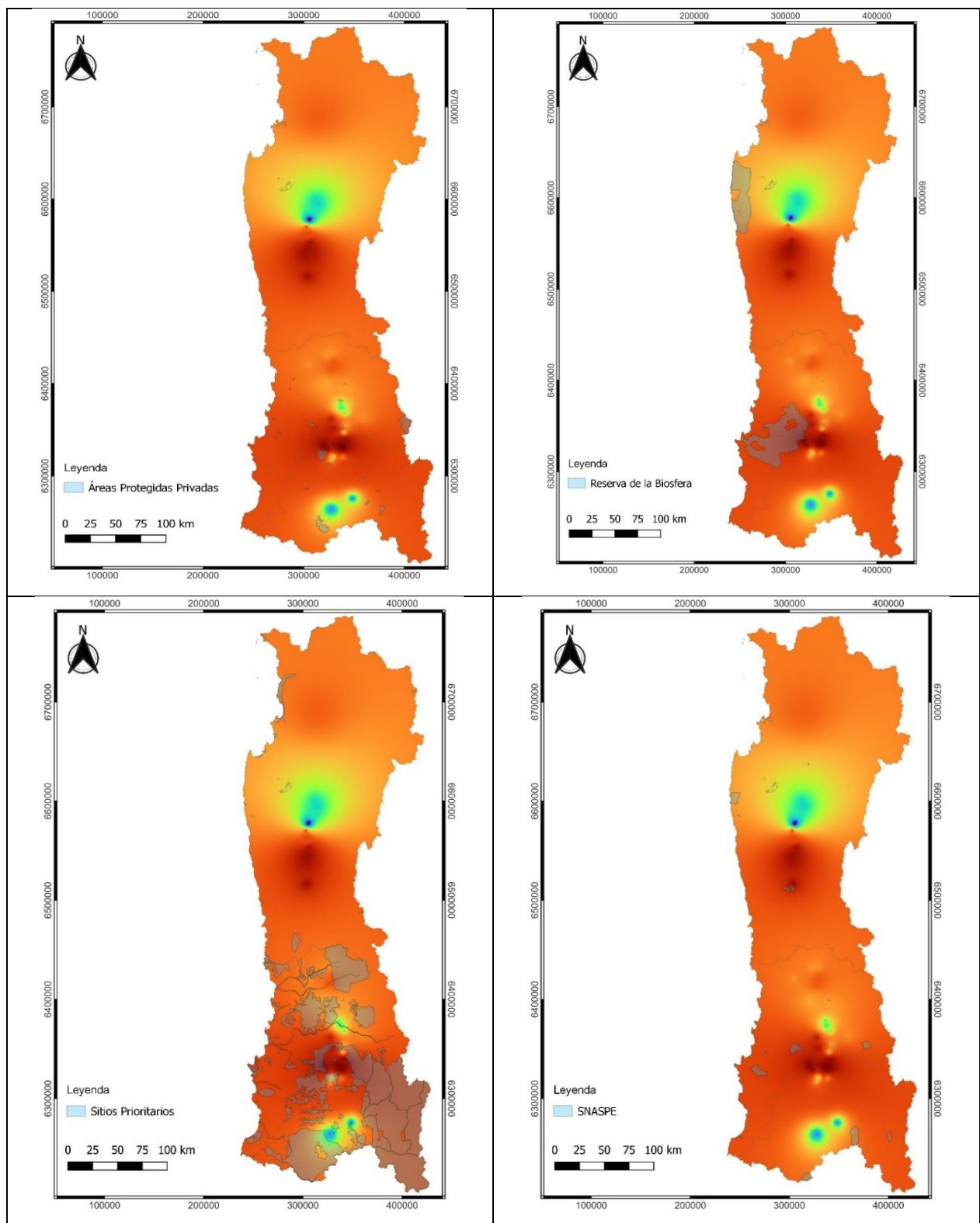
Área protegida	Tipo	Región	Superficie (ha)
Altos de Petorca y Alicahue	Sitios Prioritarios	V	0,6
Cordillera El Melón	Sitios Prioritarios	V	11,3
Propietarios Fundo Las Mercedes, Altos de Chicauma (Lampa)	Áreas protegidas privadas	RM	37,5
Hacienda Lipangue	Áreas protegidas privadas	RM	28,0
Fundo Romeral	Áreas protegidas privadas	RM	85,4
Chacabuco - Peldehue	Sitios Prioritarios	RM	712,3
El Roble	Sitios Prioritarios	RM	510,8
Fundo Huechún	Sitios Prioritarios	RM	22,7
Cerro Águilas	Sitios Prioritarios	RM	4,5
Las Lomas-Cerro Pelucón	Sitios Prioritarios	RM	133,7
Cerro Lonquén	Sitios Prioritarios	RM	13,9
Humedal de Batuco	Sitios Prioritarios	RM	119,1
Mallarauco	Sitios Prioritarios	RM	1,2
Colina-Lo Barnechea	Sitios Prioritarios	RM	31,5
Cordón de Cantillana	Sitios Prioritarios	RM	186,8
<b>Superficie total protegida (ha)</b>			<b>2.262</b>

La interpolación IDW realizada a los valores de diversidad genética ( $H_e$ ) obtenidos en el objetivo anterior, simuló de forma continua áreas bajas, medias y altas de  $H_e$ , con valores entre 0,08 y 0,76 (ver Figura 8). De acuerdo con esto, se establecieron tres rangos de diversidad: diversidad baja en las zonas de color azul-verdes ( $H_e=0-0,4$ ), diversidad media en las zonas de color amarillo-anaranjado ( $H_e=0,4-0,6$ ) y diversidad alta en las zonas de color rojo-burdeo ( $H_e=0,6-0,76$ ). Ésta última, predominó a lo largo del área de estudio, esto podría deberse a que la calidad de la interpolación depende de la distribución de la muestra y en este caso, los puntos de muestreo se realizaron preferentemente en el valle central y los valores de los puntos desconocidos se iban a ponderar a los puntos más cercanos (QGIS, 2023), los que correspondieron predominantemente a valores de alta diversidad. Esto podría influir en la confección de las siguientes cartografías.

Si los resultados de la interpolación IDW de la diversidad genética se relacionan con la totalidad de las áreas protegidas presentes en el área de estudio (SNASPE, ASPP, Reserva de la Biosfera y Sitios prioritarios), los sitios prioritarios y las áreas protegidas privadas permitirían la conservación de las zonas más altas de diversidad (ver Figura 9). Esto evidencia la importancia de la existencia de otras iniciativas de conservación distintas al SNASPE (Sierralta *et al.*, 2011).



**Figura 8.** Resultado de la modelación de la diversidad genética de la especie a través de IDW.

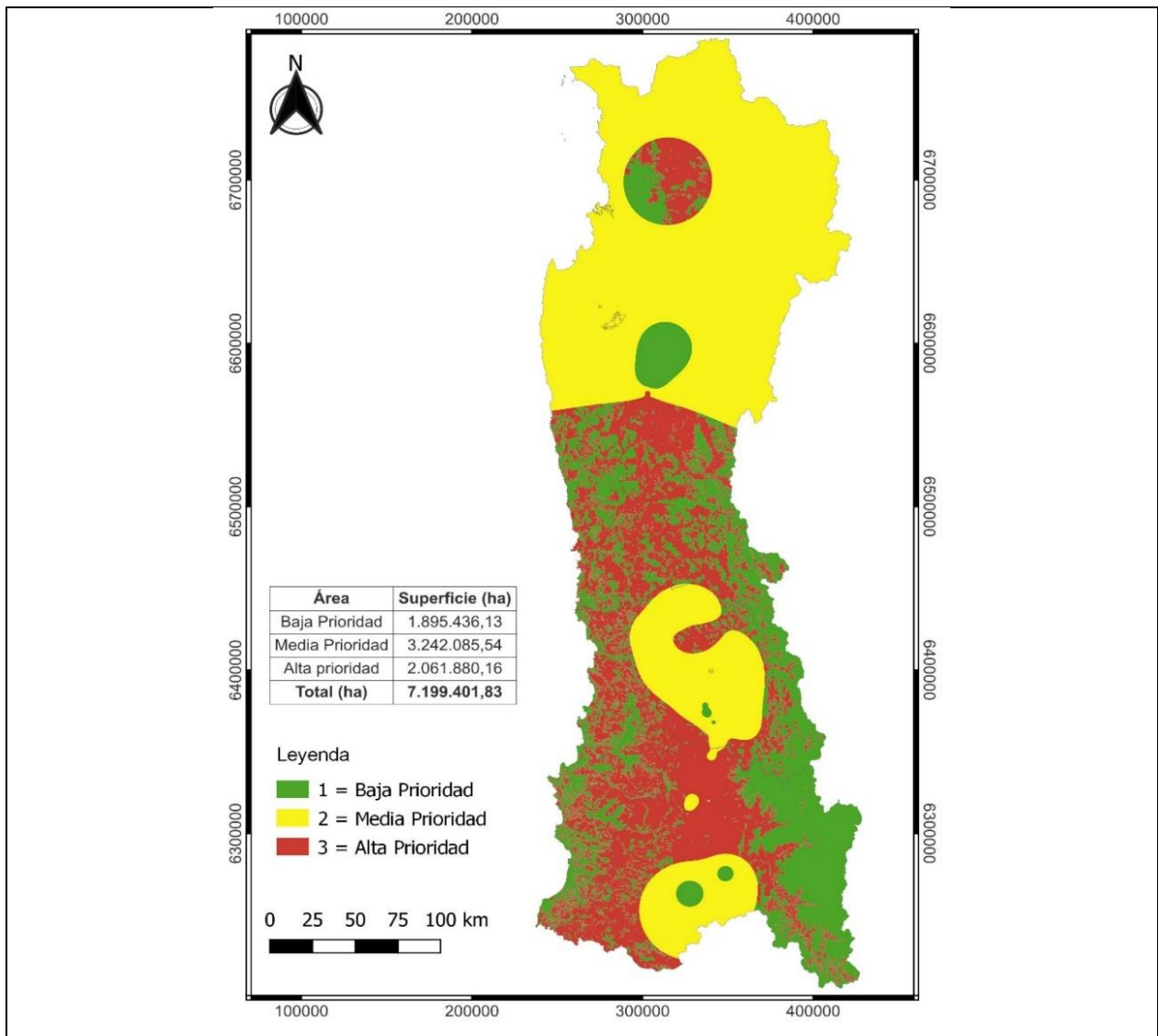


**Figura 9.** Mapas de Interpolación IDW de la diversidad genética relacionada con las áreas protegidas.



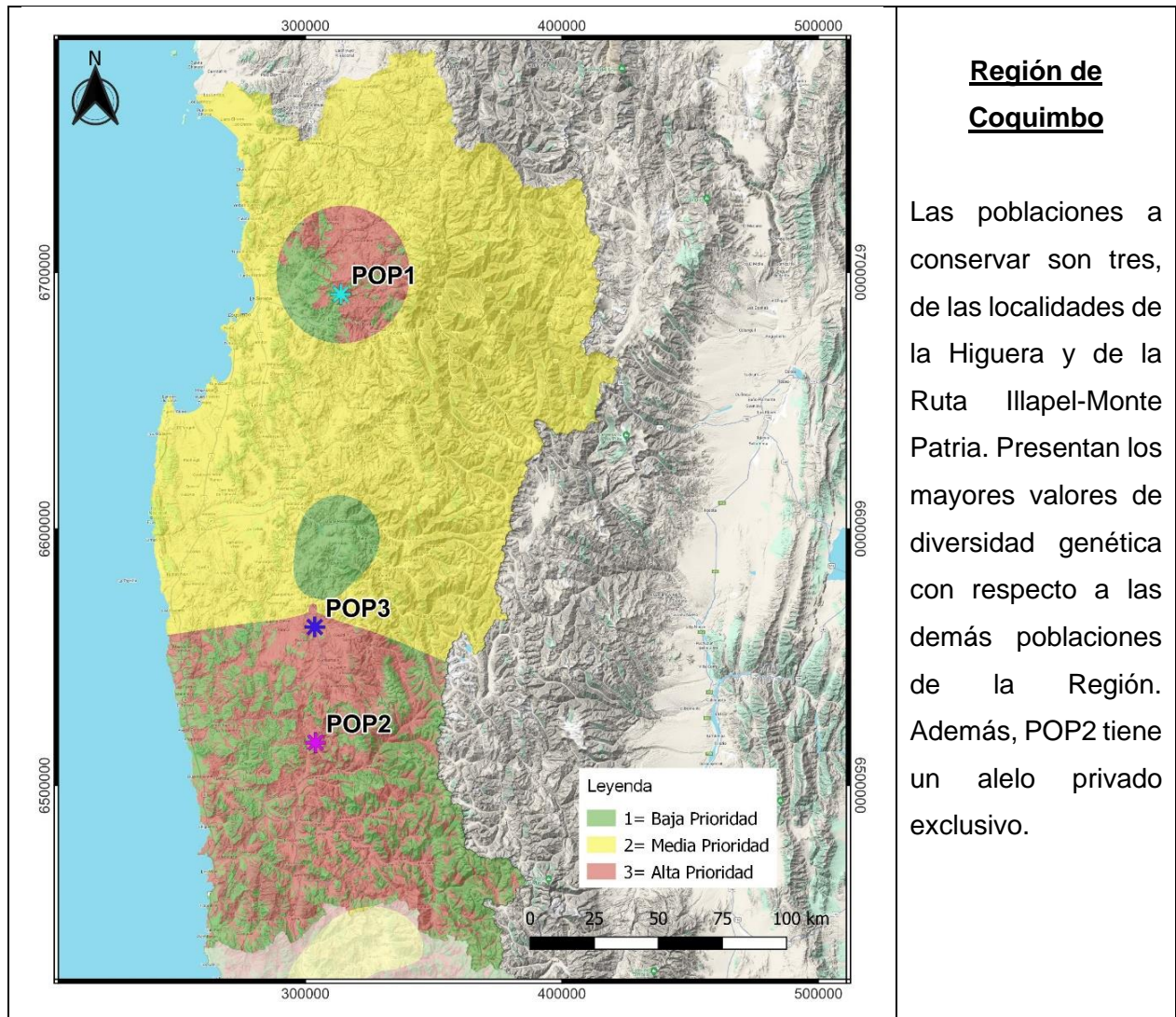
### 3.3.2 Poblaciones con prioridad de conservación

Según el análisis de priorización, el 28,6%, 45% y 26,3% de la superficie corresponden a zonas de alta, media y baja prioridad de conservación respectivamente (ver Figura 10). Considerando el área de alta prioridad y realizando la intersección con las 22 poblaciones definidas, se obtuvo que se conservarían el 45,5% de las poblaciones totales (10 poblaciones). En la Región de Coquimbo, Valparaíso y Metropolitana se conservaría un 13,6% (3), un 4,6% (1) y un 27,3% (6), respectivamente (ver Figura 11, Figura 12 y Figura 13).

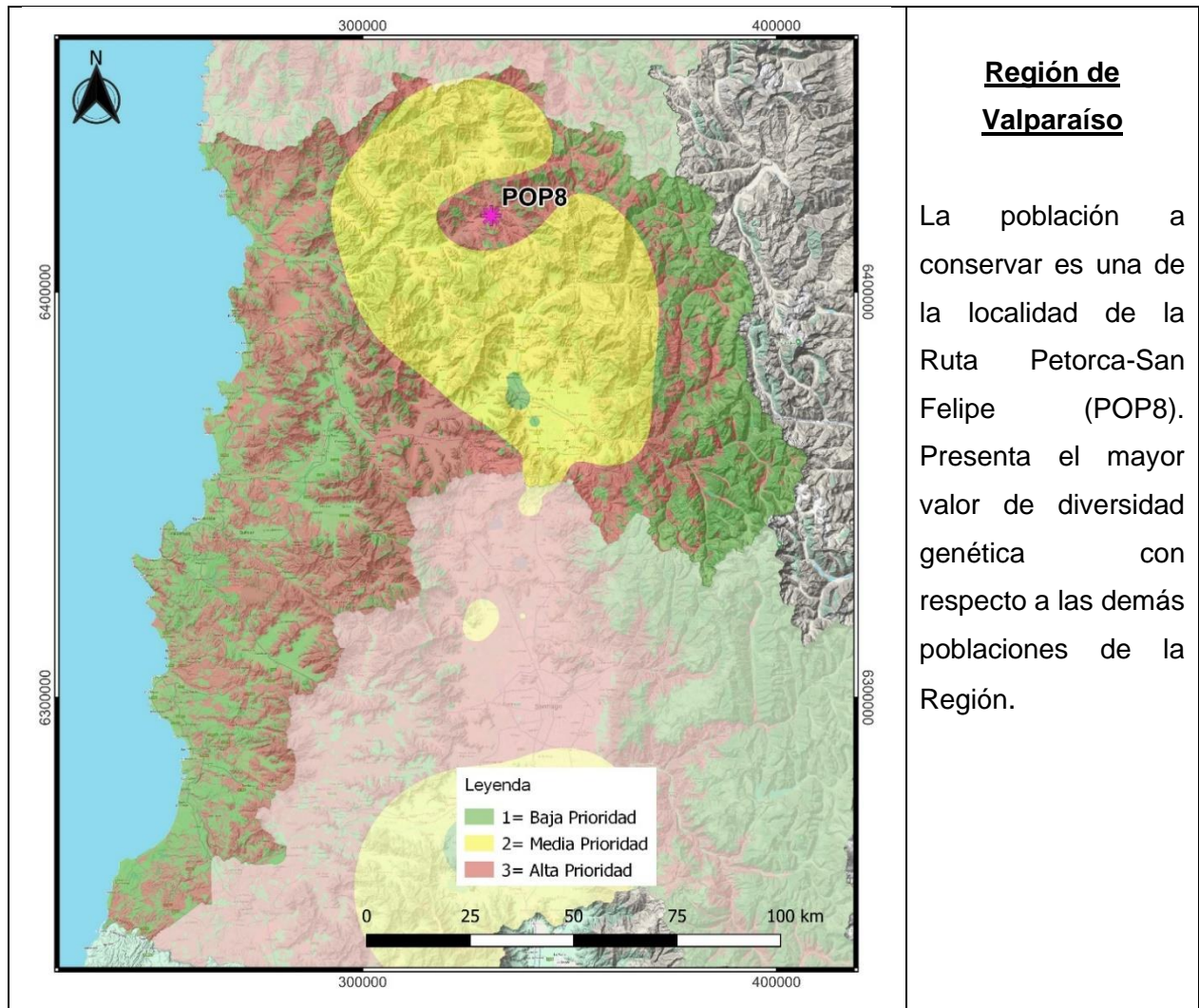


**Figura 10.** Mapa general de áreas prioritarias para la conservación de *N. chilensis* y sus respectivas superficies.



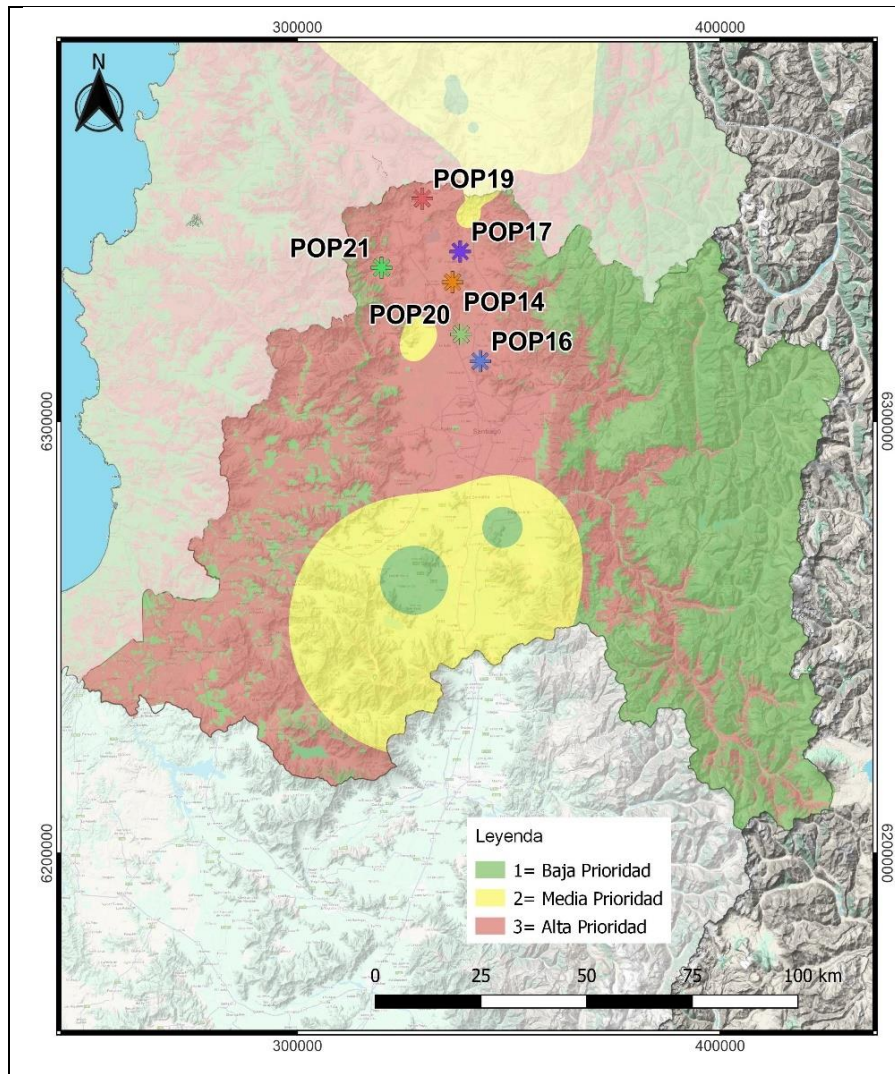


**Figura 11.** Mapa de áreas prioritarias y poblaciones a conservar de la Región de Coquimbo.



**Figura 12.** Mapa de áreas prioritarias y poblaciones a conservar de la Región de Valparaíso.





### **Región Metropolitana**

Las poblaciones a conservar son seis, de las localidades de Colina, Llay-Llay y Tiltil. Es la Región con mayor diversidad genética en sus poblaciones. Además, POP14 (3 alelos) y POP21 (1 alelos) tienen alelos privados exclusivos. POP14 del Tranque de las Tórtolas, tiene el valor más alto de diversidad genética con respecto a todas las poblaciones estudiadas.

**Figura 13.** Mapa de áreas prioritarias y poblaciones a conservar de la Región Metropolitana.

### 3.4 Propuesta de plan de conservación de *N. chilensis*

#### 3.4.1 Objetivo del plan

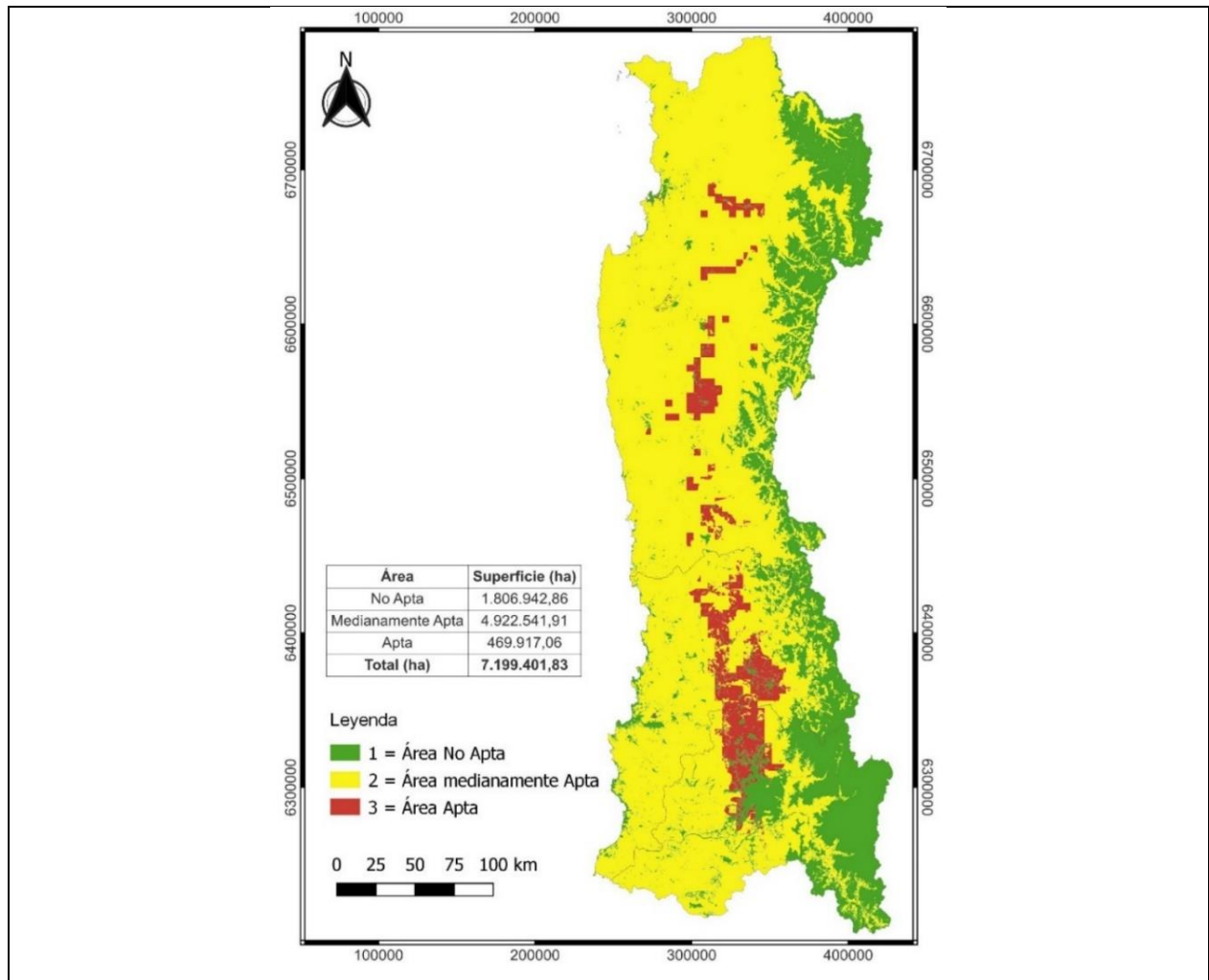
Elaborar un plan de conservación *circa situm* para las poblaciones de *Neltuma chilensis* distribuidas en la Chile como una propuesta para mejorar su estado actual de amenaza, considerando acciones de conservación, plan de seguimiento y financiamiento económico.

#### 3.4.2 Revisión de antecedentes básicos de la especie

De la investigación bibliográfica de los antecedentes de la especie, tales como, morfológicos, fisiológicos, distribución, tamaño poblacional, dinámica natural, crecimiento, productividad, amenazas actuales y potenciales, conservación, métodos de plantación y manejo (recolección de semillas, plantación, riego, manejo del bosque y producción de frutos), entre otros, fueron recopilados de diversas fuentes bibliográficas, las cuales fueron revisadas y son fuentes verídicas para consultar los antecedentes anteriormente mencionados. Las fuentes son: Burkart (1976), Rodríguez *et al.*, (1983), Peralta y Serra (1987), Barros y Wrann (1992), FAO (1997), Serra (1997), Carranza *et al.*, (2000), Escobar *et al.*, (2000), Galera (2000), Bernuy (2003), Escobar *et al.*, (2005), Mottura *et al.*, (2005), Altamirano (2006), Bendek (2007), Gutiérrez *et al.*, (2007), Escobar *et al.*, (2009), INFOR (2009), Walter (2011), Altamirano (2012), Bessega *et al.* (2013), González (2013), INFOR (2013), MMA (2013), Valdivia y Romero (2013), Sotomayor y Barros (2016), González *et al.*, (2017), Moncada *et al.*, (2019) y Contreras *et al.*, (2021).

#### 3.4.3 Sitios disponibles a reforestar con la especie

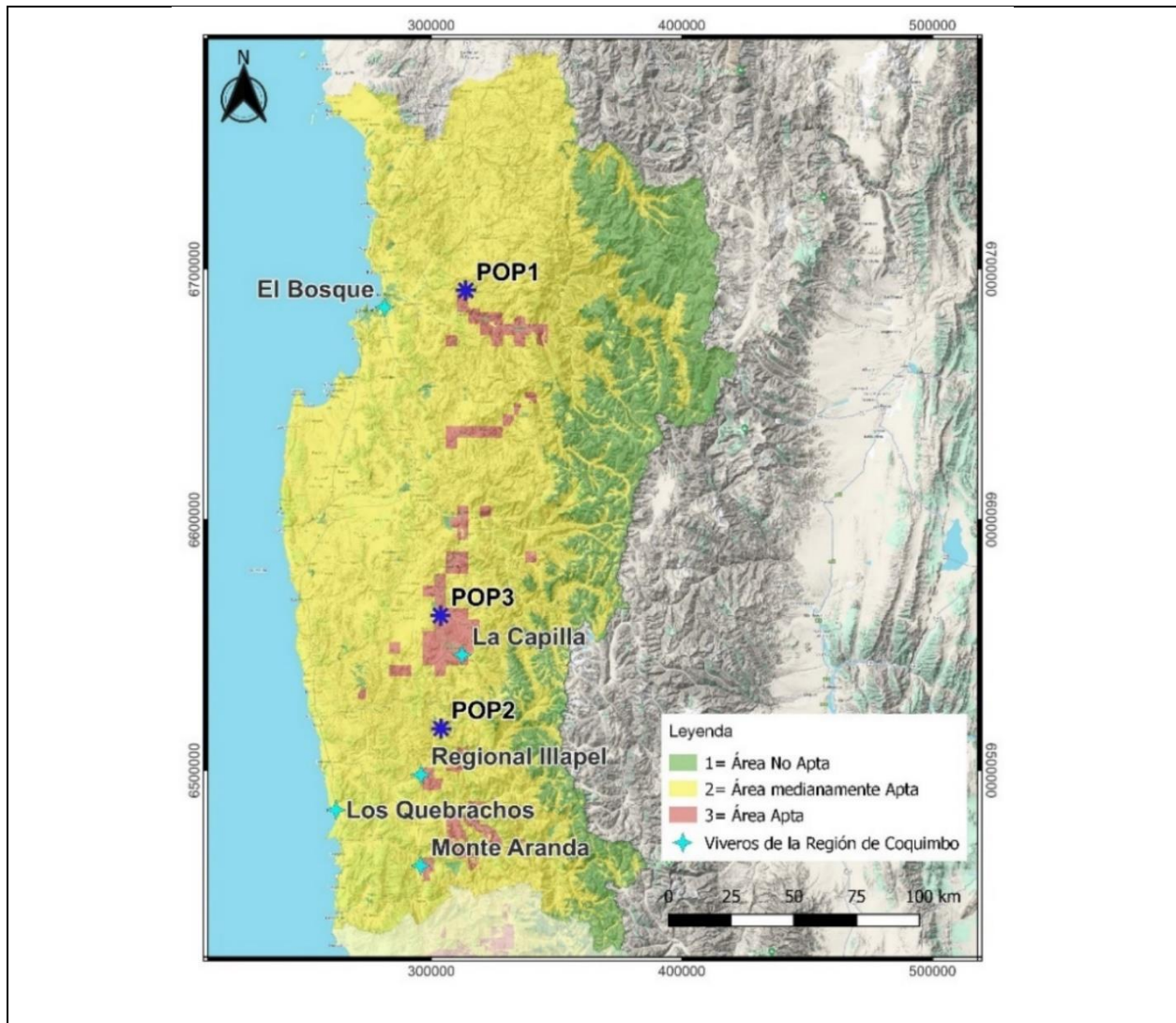
Según el análisis de áreas aptas para reforestar/forestar con la especie, se obtuvo que las áreas no aptas, medianamente aptas y aptas poseen una superficie del 25,1%, del 68,4% y del 6,5%, respectivamente (ver Figura 14). El área apta para reforestar/forestar es pequeña, sin embargo, es suficiente para la superficie de presencia de la especie encontrado en el Catastro Vegetacional, que es de 13.924,5 ha (CONAF, 2011). La Región de Coquimbo se encuentra muy fragmentada, por tanto, resulta fundamental realizar dicha actividad con el fin de conectar las poblaciones y facilitar el flujo de genes (Arnold *et al.*, 2009; Lander *et al.*, 2009).



**Figura 14.** Mapa de áreas aptas para la reforestación/forestación de *N. chilensis* y sus respectivas superficies.

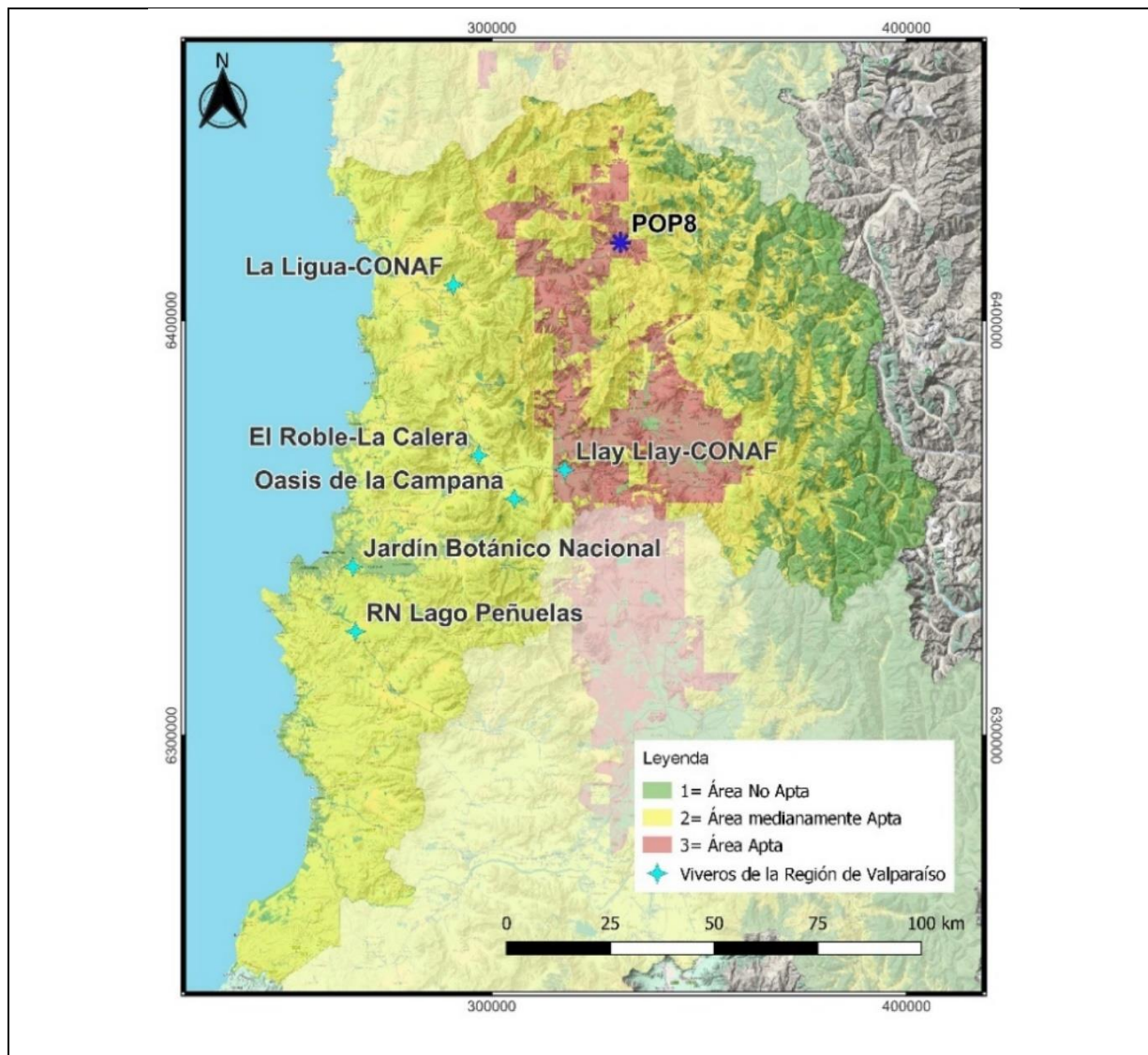
#### 3.4.4 Viveros cercanos a poblaciones prioritarias

Se encontraron 22 viveros forestales cercanos a las poblaciones de *N. chilensis* a conservar. Estos viveros fueron seleccionados por cercanía y por producir la especie con semillas locales de sus respectivas regiones. Todos los viveros utilizan como contenedor una bolsa, las alturas de la especie varían entre los 40 a 150 cm, la entrega del ejemplar se realiza en un periodo menor a un año o mayor a 4 años y el precio fluctúa desde los \$520 hasta los \$27.000. Estas características dependerán de la planta objetivo que se quiera adquirir (CONAF, 2023). En la Región de Coquimbo, de Valparaíso y Metropolitana existen cinco, seis y once viveros forestales, respectivamente (ver Figura 15, Figura 16 y Figura 17).

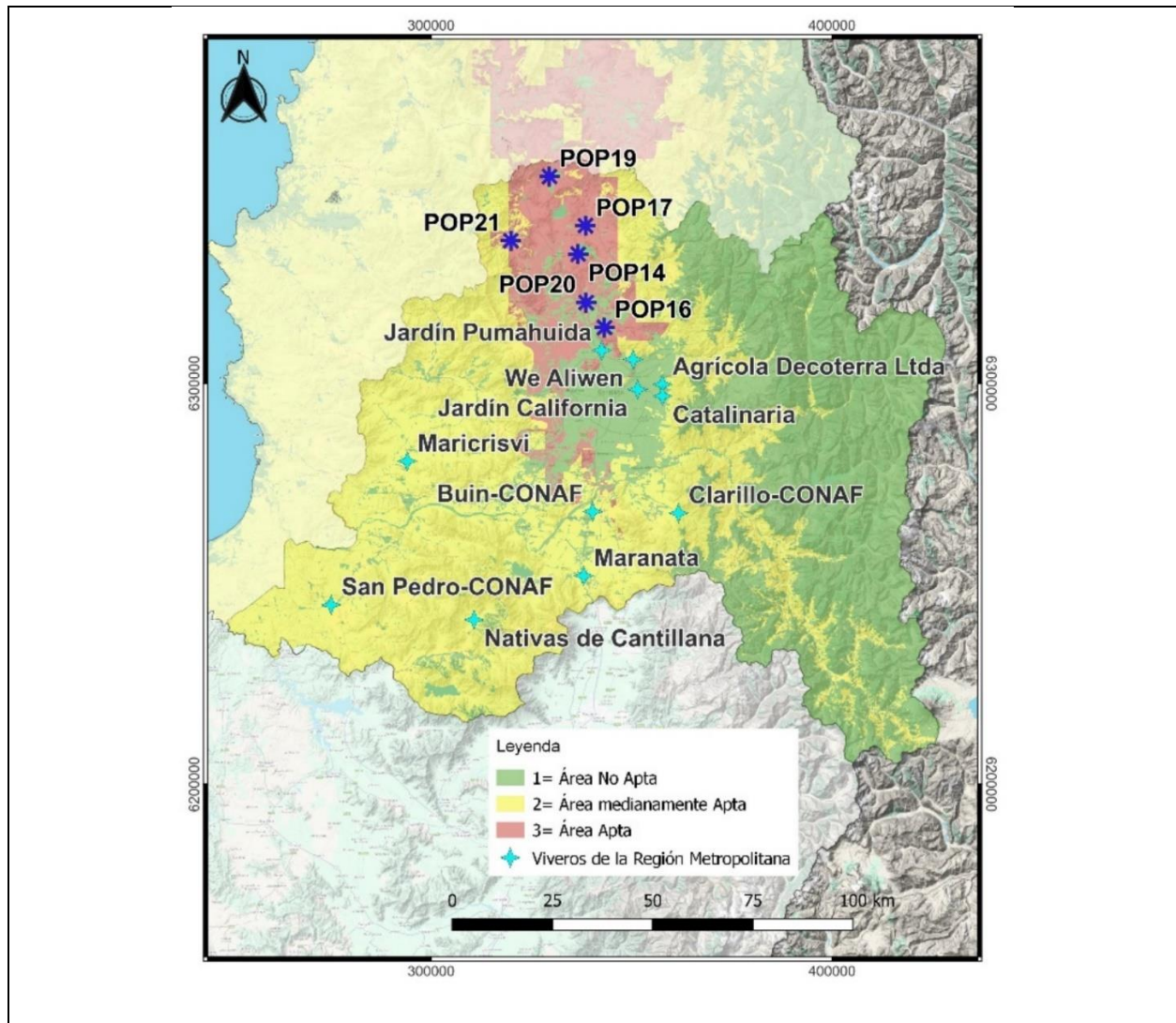


**Figura 15.** Mapa de áreas aptas para reforestar/forestar, poblaciones a conservar y ubicación de viveros en la Región de Coquimbo.





**Figura 16.** Mapa de áreas aptas para reforestar/forestar, poblaciones a conservar y ubicación de viveros en la Región de Valparaíso.



**Figura 17.** Mapa de áreas aptas para reforestar/forestar, poblaciones a conservar y ubicación de viveros en la Región Metropolitana.

### 3.4.5 Estimación de individuos y superficie a intervenir

Utilizando el supuesto de que existen 25 individuos/hectárea y que éstos deben aumentar en un 30% su población para cambiar su estado actual de amenaza y que, además, la especie tiende a un valor medio de supervivencia del 40% (Barchuk *et al.*, 1998), se obtuvo que se debe aumentar a 52 individuos cada población y deben ser emplazadas en una superficie de 2,1 hectáreas. Bajo este supuesto, se estimaron la cantidad de individuos y superficie a intervenir de cada una de las poblaciones a priorizar utilizando el método de proporcionalidad directa (ver Tabla 10). De los resultados obtenidos, para cambiar el estado actual de conservación de la especie *N. chilensis*, se recomendaría plantar un mínimo de 393 individuos en 15,8 hectáreas. En detalle, en



la Región de Coquimbo se deberían plantar 124 individuos repartidos en 5 hectáreas, en la Región de Valparaíso se deberían plantar 43 individuos repartidos en 1,7 hectáreas y en la Región Metropolitana, se deberían plantar 226 individuos repartidos en 9,1 hectáreas. Las plantas se obtendrían de los viveros anteriormente señalados, los cuales poseen la capacidad suficiente de producción para lograr el objetivo (CONAF, 2023).

**Tabla 10.** Estimación de número de individuos y superficie a intervenir para aumentar la densidad poblacional de *N. chilensis*.

Población	N° de individuos muestreados de la población	N° de individuos objetivo	N° de individuos a incrementar por población	Superficie estimada actual de la población (ha)	Superficie objetivo (ha)	Superficie a intervenir por población (ha)
POP1	6	52	46	0,2	2,1	1,9
POP2	17	52	35	0,7	2,1	1,4
POP3	9	52	43	0,4	2,1	1,7
<b>Total Región Coquimbo</b>	<b>32</b>	<b>-</b>	<b>124</b>	<b>1,3</b>	<b>-</b>	<b>5,0</b>
POP8	9	52	43	0,4	2,1	1,7
<b>Total Región Valparaíso</b>	<b>9</b>	<b>-</b>	<b>43</b>	<b>0,4</b>	<b>-</b>	<b>1,7</b>
POP14	32	52	20	1,3	2,1	0,8
POP16	10	52	42	0,4	2,1	1,7
POP17	10	52	42	0,4	2,1	1,7
POP19	12	52	40	0,5	2,1	1,6
POP20	10	52	42	0,4	2,1	1,7
POP21	12	52	40	0,5	2,1	1,6
<b>Total Región Metropolitana</b>	<b>86</b>	<b>-</b>	<b>226</b>	<b>3,5</b>	<b>-</b>	<b>9,1</b>
<b>Total Regiones</b>	<b>127</b>	<b>-</b>	<b>393</b>	<b>5,2</b>	<b>-</b>	<b>15,8</b>

### 3.4.6 Acciones de conservación

#### 3.4.6.1 Morigerar posibles amenazas

La existencia de la especie en los próximos años depende no sólo del cambio climático, sino que también, de morigerar las amenazas que presenta actualmente. Los usos históricos (combustible y material de construcción), la reducción de su hábitat (actividades mineras o cambios de uso de suelo), la ausencia de un ambiente propicio para su propagación/dispersión y/o sus problemas de regeneración y reclutamiento por herbivoría o ganadería son las principales causas de su estado actual de conservación (MMA, 2013; Sotomayor y Barros, 2016). Para disminuir estos efectos, se propone un programa de sensibilización de la especie en comunidades de zonas urbanas, periurbanas y rurales para concientizar y educar ambientalmente. Este programa contendría lo siguiente:

1. **Encuestas:** Realizar encuestas de respuesta cerrada de manera online (formularios de Google, redes sociales), por correo o persona a persona. Las preguntas deben hacer referencia al nivel de conocimiento que tengan de la especie. Por ejemplo: ¿Conoces el algarrobo chileno?, ¿Sabes qué se encuentra en categoría de conservación?, ¿Conoces sus beneficios en el ecosistema?, ¿Conoces sus beneficios a nivel social-económico?, entre otras. A modo de finalizar, se agrega un apartado de respuesta abierta para que las personas participen con sus dudas, opiniones y/o sugerencias. Esta información será útil para elaborar las jornadas de educación ambiental.
2. **Jornadas de educación ambiental:** Dar a conocer una breve descripción de la especie considerando los resultados de la encuesta anterior, enfatizando en la problemática actual de conservación e indicando los beneficios y servicios aportados por la especie (ecológicos, sociales y económicos). Realizar charlas o talleres con voluntarios en colegios, en barrios, juntas vecinales, actividades de la municipalidad y/o en días internacionales con temáticas ambientales.

El programa de sensibilización de la especie se enfocará principalmente en los sectores aptos para reforestar/forestar obtenidos anteriormente.

### 3.4.6.2 Mejorar el estado actual de conservación de las poblaciones prioritarias

Una vez realizado el programa de sensibilización, se determinará la factibilidad de proponer un programa de reforestación/forestación o un programa de arbolado urbano para aumentar la densidad poblacional de la especie y mejorar su estado actual de conservación. Es de vital importancia fomentar el uso de la especie en sistemas agrícolas (agro-bosques) ya que, según los antecedentes anteriormente descritos, históricamente la especie se desarrolló naturalmente en los sectores de valles áridos que se transformaron en zonas urbanas o en terrenos agrícolas (Barros y Wrann, 1992; INFOR, 2009; González, 2013), por tanto, este tipo de sistemas tienen la ventaja de convertirse en grandes reservas de biodiversidad vegetal al “conservar mediante el uso” (Maxted *et al.*, 1997; Dawson *et al.*, 2013) con las características ecológicas apropiadas para la especie. Los propietarios podrían realizar un uso sostenible de *N. chilensis* por medio de la aplicación de técnicas silviculturales que les permitan obtener diversos productos derivados de la especie, principalmente del fruto. Los programas contienen lo siguiente:

#### 1. Programa de reforestación/forestación:

- a. Población de *N. chilensis* a intervenir.
- b. Identificar número de individuos a plantar, superficie y ubicación a intervenir.
- c. Planificar campañas de terreno para conocer el área.
- d. Gestionar las autorizaciones y permisos correspondientes.
- e. Planificar campañas de colectas de semillas local.
- f. Contactar a viveros cercanos para conseguir las plantas o solicitar el servicio de producción de las semillas colectadas.
- g. Realizar jornadas de voluntariado para preparar el terreno (limpieza de basura, limpieza de malezas) y ejecutar la tarea de reforestación/forestación.
- h. Plan de protección de la plantación contra incendios.
- i. Seguimiento y monitoreo a los individuos plantados.
- j. Capacitación para obtención de productos.

#### 2. Programa de arbolado urbano:

- a. Población de *N. chilensis* a intervenir.
- b. Identificar número de individuos a plantar, superficie y ubicación a intervenir.
- c. Planificar campañas de terreno para conocer el área.

- d. Inscribirse en el programa de arborización de CONAF: “Un chileno, un árbol” (<https://www.conaf.cl/nuestros-bosques/arborizacion>).

### 3.4.5.3 Plan de seguimiento y/o monitoreo de las acciones

El plan de seguimiento y/o monitoreo consistirá en lo siguiente (Tabla 11):

**Tabla 11.** Seguimiento y monitoreo de las acciones de conservación.

Acción	Tipo	Monitoreo	Seguimiento	Responsable
<b>Morigerar amenazas</b>	Encuestas	Nivel de respuestas	Trimestral	Voluntarios
	Educación ambiental	Sensibilización y conciencia ambiental en las comunidades	Trimestral	
<b>Mejorar el estado actual de conservación</b>	Reforestación/forestación	Aumento de la densidad poblacional objetivo (crecimiento, reclutamiento, regeneración)	Trimestral el primer año, luego anual.	Voluntarios, comunidades, dueños de predios, municipalidad, junta de vecinos, CONAF
	Arbolado urbano	Aumento de la densidad poblacional en sectores urbanos y periurbanos		

### 3.4.5.4 Financiamiento económico

Para financiar el plan de conservación se realizará con donaciones como comida, insumos para la actividad de reforestación, entre otros. Donación de personas naturales, comunidades, ONG, fundaciones y/o de la municipalidad. También se puede postular a los siguientes fondos:

- Educación Ambiental: Prevención de Incendios Forestales y Protección de la Biodiversidad (MMA, 2023). Fondo de \$100.000.000.
- Educación ambiental: FPA 2024 – Proyectos Sustentables en Establecimientos Educativos (MMA, 2023a). Fondo de \$6.000.000.
- Reforestar/forestar: Fondo de Conservación y Manejo Sustentable del Bosque Nativo (MMA, 2023b)
- Programa para restauración en predios privados de la Fundación Reforestemos (2023)
- Capacitaciones: Fondo de Protección Ambiental 2024. Programa Modelo para la Formación de Líderes Ambientales Comunitarios (MMA, 2024). Fondo de \$55.000.000.

## 4. CONCLUSIONES

En esta investigación se elaboró una propuesta de conservación *circa situm* para mejorar el estado actual de amenaza de la especie *N. chilensis*, considerando principalmente, la información genética, el modelo de nicho ecológico y el estado actual de conservación de la especie.

La determinación de estructura genética de la especie muestra un alto rango de diversidad genética a lo largo del área de estudio, no se muestra de manera estructurada y la diferenciación genética es mayormente interpoblacional. Los niveles de diversidad genética varían de bajos a altos, en donde éstos últimos se concentran en la Región Metropolitana.

Los modelos de distribución de especie permitieron determinar con un buen ajuste la probabilidad de ocurrencia y presencia/ausencia potencial actual y futura del algarrobo chileno. La superficie de la especie aumentó en un escenario actual potencial y disminuyó de manera poco significativa en un escenario extremo de RCP8.5 al año 2050. La modelación resultó ser una herramienta útil para interpretar la relación que tiene la especie con las variables climáticas y sus requerimientos ecológicos al determinar qué lugares se verán más afectados o cuáles se encuentran aptos para establecer la especie. El éxito de su construcción y ajuste depende de las bases de datos disponibles, específicamente del número de presencias de la especie, los datos ambientales y el conocimiento biológico y geográfico que se tenga de la especie. Hoy en día, es cada vez más fácil acceder a estos datos gracias a plataformas virtuales que los comparten como WorldClim, GBIF, herbarios de universidades, entre otros, por tanto, representa una oportunidad única para el desarrollo y solución de diferentes líneas de investigación relacionadas con la ordenación territorial, impactos del cambio climático, diseño de áreas silvestres protegidas, planes de conservación de especies de flora y fauna, entre otros. Su ventaja principal es que permite resolver problemas con resultados de calidad sin la necesidad de un financiamiento previo, sino que, sólo se requiere de datos biológicos y un medio computacional.

La conservación actual de la especie en las estrategias del Estado y privadas es deficiente, sólo se conserva el 16,3% del territorio estudiado. La interpolación IDW de la diversidad genética de la especie y su relación con las áreas protegidas, demostró que se debe incentivar la protección por medio de iniciativas privadas u otros instrumentos de gestión ambiental para solventar la pérdida de biodiversidad.

Mediante la metodología de áreas de priorización, las poblaciones a conservar resultaron ser las que poseen los mayores niveles de diversidad genética en las diferentes regiones estudiadas, por tanto, resultó ser una herramienta útil y eficiente. Esto podría replicarse en otras especies y abaratar costos de investigación.

El plan de conservación tiene un 6,5% de superficie apta para reforestar/forestar, las poblaciones a conservar se encuentran dentro dicha área y existen 22 viveros cercanos que podrían producir la especie para aumentar la densidad poblacional. Esta información fue necesaria para elaborar el programa de sensibilización de la especie y el programa de reforestación/forestación y/o arbolado urbano. El financiamiento será por medio de fondos concursables del Estado y privados. Este es un plan que podría servir como base para ser replicado en otras especies de flora amenazada.

## 5. BIBLIOGRAFÍA

- ABARCA, B. 2019. Propuesta de poblaciones para conservación: Caso de *Quillaja saponaria* Mol. considerando información genética. Santiago, Chile: Tesis Ingeniería Forestal y de Magíster en Áreas Silvestres y Conservación de la Naturaleza. Facultad de Ciencias Forestales y de la Conservación de la Naturaleza, Universidad de Chile. 73p.
- ALTAMIRANO, G. 2006. *Prosopis chilensis* (Molina) Stuntz. EN: DONOSO, C. (Ed.) Las Especies Arbóreas de los Bosques Templados de Chile y Argentina. Autoecología: 528. Valdivia, Chile: Marisa Cuneo Ediciones.
- ALTAMIRANO, G. 2012. Variedad de Frutos y Semillas en las Especies del Género *Prosopis* presentes en Chile. Corporación Nacional Forestal, Chile. Documento Técnico N° 208. 12p.
- ARNOLD, F., SEPÚLVEDA, J., SAN MARTÍN, J., BOSHER, D., PENAILILLO, P., LANDER, T., GARRIDO, S., HARRIS, S. y HAWTHORNE, W. 2009. Propuesta de una estrategia de conservación para los bosques nativos de la sub región costera del Maule. Proyecto Darwin Maule. Talca, Chile.
- AZPILICUETA, A., GALLO, L., PASTORINO, M. y LOZANO, L. 2011. Aspectos genéticos de la restauración ecológica del bosque nativo: Ejemplos de aplicación en la Región Andino-Patagónica. EEA Bariloche, INTA.
- BARCHUK, A., DIAZ, M., CASANOVES, F., BALZARINI, M. y KARLIN, U. 1998. Experimental study on survival rates in two arboreal species from the Argentinian dry Chaco. *Forest Ecology and Management* 103: 203-210.
- BARRANCE, A., SCHRECKENBERG, K., GORDON, J., DE LA CADENA, A. y NEIRA, E. 2009. Conservación mediante el uso: Lecciones aprendidas en el bosque seco tropical mesoamericano. London, UK: Overseas Development Institute.
- BARROS, S. y WRANN, J. 1992. El Género *Prosopis* en Chile. *Ciencia e Investigación Forestal* 6(2): 295–334.

- BEAUMONT, L., HUGHES, L. y POULSEN, M. 2005. Predicting species distributions: use of climatic parameters in BIOCLIM and its impact on predictions of species current and future distributions. *Ecological modelling* 186(2): 251-270.
- BENDEK, R. 2007. Factibilidad técnico-económica de generar productos alimenticios a partir del fruto de Algarrobo Chileno (*Prosopis chilensis* Mol. Stuntz) para la alimentación humana o animal. Tesis para optar al grado de Licenciado en Agronomía. Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Austral de Chile. 107p.
- BENTON, T., BIEG, C., HARWATT, H., PUDASAINI, R. y WELLESLEY, L. 2021. Food system impacts on biodiversity loss. Three levers for food system transformation in support of nature. Chatham House (210203).
- BERMEJO-VELÁZQUEZ, B. 2004. Análisis de la Estructura Genética en Poblaciones de Árboles Forestales. Manejo de Recursos Genéticos Forestales, Segunda Edición.
- BERNUY, E. 2003. Incorporación de harina y de fibra purificada del fruto de algarrobo *Prosopis chilensis* (Mol) Stuntz en el desarrollo de galletas. Tesis de Magíster en Ciencias Agropecuarias, Mención Producción Agroindustrial. Facultad de Ciencias Agronómicas, Universidad de Chile. Santiago, Chile. 82p.
- BESSEGA, C., POMETTI, C., MILLER, J., WATTS, R., SAIDMAN, B. y VILARDI, J. 2013. New microsatellite loci for *Prosopis alba* and *P. chilensis* (*Fabaceae*). *Applications in Plant Sciences* 1(5): 1200324.
- BESSEGA, C., POMETTI, C., LÓPEZ, R., LARREA, D., FORTUNATO, R., SAIDMAN, B. y VILARDI, J. 2018. Genetic diversity and differentiation among *Prosopis alba* (*Leguminosae*) populations from dry valleys of Bolivia with different levels of human disturbance and altitude. *Ecology and Evolution* 8(22): 11309-11321
- BOSHIER, D., GORDON, J. y BARRANCE, A. 2004. Prospects for circa situm tree conservation in Mesoamerican dry forest agro-ecosystems. *Biodiversity Conservation in Costa Rica*,



Learning the Lessons in the Seasonal Dry Forest (GW Frankie, A. Mata and SB Vinson, eds.). University of California Press, Berkeley, USA, 210-226.

BREIMAN, L. 2001. Random forests. *Machine learning* 45(1): 5-32.

BROWN, A. 1979. Enzyme Polymorphism in Plant Populations. *Theoretical Population Biology* 15: 1-42.

BRUSH, S. 1991. A farmer-based approach to conserving crop germplasm. *Economic Botany* 45(2): 153-165.

BUITRAGO, A., MANTILLA, J., MARTÍNEZ, N. y CASTRO, P. 2022. Proporcionalidad directa. Universidad de los Andes, Facultad de Educación. 56p.

BURKART, A. 1976. A monograph of the genus *Prosopis* (*Leguminosae* subfam. *Mimosoideae*). *Journal of the Arnold Arboretum*: 450-525.

CARDOZO, C. y MIRANDA, E. 2006. Plan de Conservación y Manejo del tamarugo (*Prosopis tamarugo* Phil.). [en línea]<<http://intra.conaf.cl/descarga/planes-nacionales-de-conservacion-de-especies-flora/?wpdmdl=9557&ind=10>>[consulta: 05 enero 2021].

CARRANZA, C., VERZINO, G., DI RIENZO, J., LEDESMA, M. y JOSEAU, J. 2000. Componentes de la variación adaptativa en *Prosopis chilensis*: el índice de brotación. *Muldequina* (9): 55-64.

CONAF. 2011. Catastro de los Recursos Vegetacionales Nativos de Chile, Monitoreo de Cambios y Actualizaciones, Período 1997-2011. Santiago, Chile.

CONAF. 2023. Viveros. [en línea]<<https://www.conaf.cl/nuestros-bosques/bosques-en-chile/viveros/>>[consulta: 01 enero 2023].

CONTRERAS, R., GONZÁLEZ, M., CRUCES, F., GACITÚA, S. y PORCILE, V. 2021. Análisis de diversidad y estructura genética de poblaciones de *Prosopis chilensis* entre las provincias

- de Chacabuco y San Felipe de Aconcagua, usando marcadores moleculares microsatélites. *Bosque (Valdivia)* 42(3): 371-382.
- CORNEJO, R., SERRATO, D., RENDÓN, A. y ROCHA, M. 2014. Herramientas moleculares aplicadas en ecología: Aspectos teóricos y prácticos. México, D.F. Inecc-Semarnat. 274p.
- CRESSIE, N. 1990. The origins of kriging. *Mathematical geology* 22(3): 239-252.
- DAWSON, I., GUARIGUATA, M., LOO, J., Weber, J., LENGKEEK, A., BUSH, D. y JAMNADASS, R. 2013. What is the relevance of smallholders agroforestry systems for conserving tropical tree species and genetic diversity in *circa situm*, *in situ* and *ex situ* settings? A review. *Biodiversity and Conservation* 22(2): 301-324.
- DE VRIES, S., ALAN, M., BOZZANO, M., BURIANEK, V., COLLIN, E., COTTRELL, J., IVANKOVIC, M., KELLEHER, C., KOSKELA, J., ROTACH, P., VIETTO, L. y YRJÄNÄ, L. 2015. Pan-European strategy for genetic conservation of forest trees and establishment of a core network of dynamic conservation units. European Forest Genetic Resources Programme (EUFORGEN). Bioversity International, Rome, Italy. xii + 40p.
- DINIZ-FILHO, J., SOARES, T., LIMA, J., DOBROVOLSKI, R., LANDEIRO, V., TELLES, M., RANGEL, T. y BINI, L. 2013. Mantel test in population genetics. *Genetics and Molecular Biology* 36(4): 475-485.
- DOMÍNGUEZ, O., GONZÁLEZ, A., GARCÍA DE LEÓN, F. y CASAS, A. 2019. Diversidad genética. En: La biodiversidad en Michoacán. Estudio de Estado 2, Vol. III. CONABIO, México. 19-29pp.
- EL MOUSADIK, A. y PETIT, R. 2010. High level of genetic differentiation for allelic richness among populations of the argan tree [*Argania spinosa* (L.) Skeels] endemic to Morocco. *Theoretical and Applied Genetics* 92: 832-839.
- ELLSTRAND, N. y ELAM, D. 1993. Population genetic consequences of small population size: implications for plant conservation. *Annual review of Ecology and Systematics* 24(1): 217-242.

- ESCOBAR, B., ESTÉVEZ, A. y GUIÑEZ, M. 2000. Almacenamiento de barras de cereales elaboradas con cotiledones de algarrobo (*Prosopis chilensis* (Mol) Stuntz). Archivos Latinoamericanos de Nutrición 50(2): 152-156.
- ESCOBAR, B., ESTÉVEZ, A., LIRA, M. y SÁENZ, C. 2005. El Algarrobo chileno: una especie productora de gomas naturales. La Alimentación Latinoamericana 255: 52-57.
- ESCOBAR, B., ESTÉVEZ, A., FUENTES, C. y VENEGAS, D. 2009. Uso de harina de cotiledón de algarrobo (*Prosopis chilensis* (Mol) Stuntz) como fuente de proteína y fibra dietética en la elaboración de galletas y hojuelas fritas. Archivos Latinoamericanos de Nutrición 59(2): 191.
- FAO. 1997. *Prosopis chilensis*. Especies Arbóreas y Arbustivas para las Zonas Áridas y Semiáridas de América Latina. FAO-PNUMA.
- FAO. 2014. Genetic considerations in ecosystem restoration using native tree species. State of the World's Forest Genetic Resources—Thematic Study. FAO/Biodiversity International. 281p.
- FLANAGAN, N. y MOSQUERA-ESPINOSA, A. 2016. An integrated strategy for the conservation and sustainable use of native *Vanilla* species in Colombia. Lankesteriana 16(2): 201-218.
- FLANAGAN, N., OSPINA-CALDERÓN, N., GARCÍA, L., MENDOZA, M. y MATEUS, H. 2018. A new species of *Vanilla* (*Orchidaceae*) from the North West Amazon in Colombia. Phytotaxa 364(3): 250-258.
- FRANKHAM, R., BALLOU, J. y BRISCOE, D. 2004. A primer of conservation genetics. Nueva York, United States of America: Cambridge University Press. 236p.
- FRANKIE, G., MATA, A. y VINSON, S. 2004. Biodiversity conservation in Costa Rica: Learning the lessons in a seasonal dry forest. California: University of California Press.

- FRANKLIN, J. 2010. Mapping Species Distributions: Spatial Inference and Prediction. Ecology, Biodiversity and Conservation. Cambridge University Press. 319p.
- FUNDACIÓN REFORESTEMOS. 2023. Programa para restauración en predios privados. [en línea]<<https://www.reforestemos.org/nuestras-actividades/programa-postulacion-terrenos-privados-y-pequenos-propietarios/>>[consulta: 9 enero 2024].
- FUTUYMA, D. 2005. Evolution. Sinauer Associates, Massachusetts. 608p.
- GALERA, F. 2000. Las especies del género *Prosopis* (algarrobos) de América Latina con especial énfasis en aquellas de interés económico. [en línea]<<https://www.fao.org/3/ad314s/AD314S04.htm#ch1.12>>[consulta: 15 diciembre 2023].
- GAUTSCHI, B., WIDMER, A., JOSHI, J. y KOELLA, J. 2002. Increased frequency of scale anomalies and loss of genetic variation in serially bottlenecked populations of the dice snake, *Natrix tessellate*. Conservation Genetics 3(3): 235-245.
- GRAUDAL, L., ARAVANOPOULOS, F., BENNADJI, Z., CHANGTRAGOON, S., FADY, B., KJAER, E., LOO, J., RAMAMONJISOA, L. y VENDRAMIN, G. 2014. Global to local genetic diversity indicators of evolutionary potential in tree species within and outside forests. Forest Ecology and Management 333: 35-51.
- GONZÁLEZ, M. 2013. Algarrobo. Rescatando una Especie de Alto Valor Histórico. Una Contribución a una Alimentación Sana y al Combate contra la Desertificación. Informe Técnico N° 195, Instituto Forestal, Santiago, Chile. 128p.
- GONZÁLEZ, M., HORMAZABAL, M. y SALINAS, A. 2017. Efecto de técnicas de establecimiento sobre el desarrollo inicial de plantaciones de algarrobo (*Prosopis chilensis* (Mol.) Stuntz) en la zona central de Chile. Ciencia & Investigación Forestal 23(3): 43-56.
- GUTIÉRREZ, J., HOLMGREN, M., MANRIQUE, R., SQUEO, F. 2007. Reduced herbivore pressure under rainy ENSO conditions could facilitate dryland reforestation. Journal of Arid Environment 8: 322-330.

- HAMRICK, L., GODT, M. y SHERMAN-BROYLES, A. 1992. Factors influencing levels of genetic diversity in woody plant species. *Populations Genetics of Forest Trees* 42: 95-124.
- HERNÁNDEZ, H., GALLEGUILLOS, M. y ESTADES, C. 2016. Mapa de Cobertura de Suelos de Chile 2014: Descripción del Producto. Laboratorio GEP, Facultad de Ciencias Forestales y de la Conservación de la Naturaleza, Universidad de Chile.
- HERRERA-CABRERA, B., SALAZAR-ROJAS, V. y DELGADO-ALVARADO, A., CAMPOS-CONTRERAS, J. y CERVANTES-VARGAS, J. 2012. Use and conservation of *Vanilla planifolia* J. in the Totonacapan Region, México. *European Journal of Environmental Sciences* 2(1): 43-50.
- HERRERA-CABRERA, B., CONTRERAS, J., MACÍAS, H., DELGADO, A., y SALAZAR, V. M. 2018. Beyond the traditional home garden: a circa situm conservation experience of *Laelia anceps subsp. dawsonii f. chilapensis* Soto-Arenas (*Orchidaceae*). *Environment, Development and Sustainability* 22(3): 1913-1927.
- HEYWOOD, V. 2014. An overview of in situ conservation of plant species in the Mediterranean. *Flora Mediterranea* 24: 5-24.
- HEYWOOD, V. y DULLOO, M. 2005. *In situ* conservation of wild plant species: a critical global review of good practices. Roma, Italia.: IPGRI Technical Bulletin 11.
- HOOPER, D., ADAIR, E., CARDINALE, B., BYRNES, J., HUNGATE, B., MATULICH, K., GONZALEZ, A., DUFFY, E., GAMFELDT, M. y O'CONNOR, M. 2012. A global synthesis reveals biodiversity loss as a major driver of ecosystem change. *Nature* 486(7401): 105-108.
- HUGHES, A., INOUE, B., JOHNSON, M., UNDERWOOD, N., y VELLEND, M. 2008. Ecological consequences of genetic diversity. *Ecology letters* 11(6): 609-623.
- HUGHES, C. 1998. *Leucaena: A genetic resources handbook* (No. 37). Oxford Forestry Institute, University of Oxford.

INSTITUTO FORESTAL (INFOR). 2009. Anuario Forestal 2008. 161p.

INSTITUTO FORESTAL (INFOR). 2013. Algarrobo. Rescatando una especie de alto valor histórico. Una contribución a la alimentación sana y al combate contra la desertificación. Santiago, Chile. 128p.

IPINZA, R., BARROS, S., GUTIÉRREZ, B., MAGNI, C. y TORRES, J. 2012. Recursos Genéticos Forestales de Chile. Catastro 2012. Santiago, Chile. 274p.

LANDER, T., HARRIS, S. y BOSHIER, D. 2009. Flower and fruit production and insect pollination of the endangered Chilean tree, *Gomortega keule* in native forest, exotic pine plantation and agricultural environments. *Revista Chilena de Historia Natural* 82(3): 403-412.

LÓPEZ, E. y RUIZ, M. 2011. Análisis de datos con el Modelo Lineal Generalizado. Una aplicación con R. *Revista española de pedagogía*: 59-80.

LUEBERT, F. y PLISCOFF, P. 2017. Sinopsis bioclimática y vegetacional de Chile. Segunda Edición, Editorial Universitaria. Santiago, Chile. 384p.

MACHEREY-NAGEL. 2014. Genomic DNA from Plant. User Manual NucleoSpin® Plant II. 33p.

MALHI, Y., ARAGO, L., GALBRAITH, D., HUNTINGFORD, C., FISHER, R., ZELAZOWSKI, P., SITCH, S., MCSWEENEY, C. y MEIR, P. 2009. Exploring the likelihood and mechanism of a climate-change-induced dieback of the Amazon rainforest. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 106(49): 20610-20615.

MANZANILLA-QUIÑONES, ULISES. 2017. Como sabemos que una especie se encuentra aquí y no allá. *Herbario CICY* 9: 138-141.

MARTÍNEZ, P. 2007. Comparación de pruebas diagnósticas desde la curva ROC. *Revista Colombiana de Estadística* 30(2): 163-176.

MAXTED, N., FORD-LLOYD, B. y HAWKES, J. 1997. Plant Genetic Conservation: The *In Situ* Approach. The University of Birmingham, UK. 1ª ed. Kluwer Academic Publishers.

MINISTERIO DEL MEDIO AMBIENTE (MMA). 2013. *Prosopis chilensis* (Molina) Stuntz emend. Burkart var. *chilensis*. [en línea]<[http://www.mma.gob.cl/clasificacionespecies/fichas9proceso/FICHAS\\_INICIO\\_9o\\_PROCESO\\_PDF/Prosopis\\_chilensis\\_2711.pdf](http://www.mma.gob.cl/clasificacionespecies/fichas9proceso/FICHAS_INICIO_9o_PROCESO_PDF/Prosopis_chilensis_2711.pdf)>[Consulta: 17 diciembre 2020].

MINISTERIO DEL MEDIO AMBIENTE (MMA). 2021. Sitios Prioritarios. [en línea]<[https://ide.mma.gob.cl/download/capa?name=Sitios%20Prioritarios&service=Areas\\_Marinas\\_Costeras\\_Protegidas&layer=1](https://ide.mma.gob.cl/download/capa?name=Sitios%20Prioritarios&service=Areas_Marinas_Costeras_Protegidas&layer=1)>[consulta: 07 mayo 2021].

MINISTERIO DEL MEDIO AMBIENTE (MMA). 2023. Educación Ambiental para la Prevención de Incendios Forestales y Protección de la Biodiversidad. [en línea]<<https://fondos.mma.gob.cl/fpa-2024-prevencion-incendios-forestales/>>[consulta: 9 enero 2024].

MINISTERIO DEL MEDIO AMBIENTE (MMA). 2023a. FPA 2024 – Proyectos Sustentables en Establecimientos Educativos. [en línea]<<https://fondos.mma.gob.cl/fpa-2024-proyectos-sustentables-en-establecimientos-educativos/>>[consulta: 9 enero 2024].

MINISTERIO DEL MEDIO AMBIENTE (MMA). 2023b. Fondo de Conservación y Manejo Sustentable del Bosque Nativo. [en línea]<<https://www.conaf.cl/nuestros-bosques/bosque-nativo/fondo-de-conservacion-y-manejo-sustentable-del-bosque-nativo/>>[consulta: 9 enero 2024].

MINISTERIO DEL MEDIO AMBIENTE (MMA). 2024. Fondo de Protección Ambiental 2024 Concurso: Programa Modelo para la Formación de Líderes Ambientales Comunitarios. [en línea]<<https://fondos.gob.cl/ficha/mma/fpa-cpmflac/>>[consulta: 9 enero 2024].

MONCADA, X., PLAZA, D., STOLL, A., PAYACAN, C., SEELNFREUND, D., MARTÍNEZ, E., BERTIN, A. y SQUEO, F. 2019. Genetic Diversity and Structure of the Vulnerable Species *Prosopis Chilensis* (Molina) Stuntz in the Coquimbo Region, Chile. *Gayana Botánica* 76: 91-104.

- MOTTURA, M., FINKELDEY, R., VERGA, A. y GAILING, O. 2005. Development and characterization of microsatellite markers for *Prosopis chilensis* and *Prosopis flexuosa* and cross-species amplification. *Molecular Ecology Notes* 5(3): 487-489.
- NENZÉN, H. y ARAÚJO, M. 2011. Choice of threshold alters projections of species range shifts under climate change. *Ecological Modelling* 222(18): 3346-3354.
- NEWBOLD, T., HUDSON, L., HILL, S., CONTU, S., LYSENKO, I., SENIOR, R., BÖRGER, L., BENNET, D., CHOIMES, A., COLLEN, B., DAY, J., PALMA, A., DÍAZ, S., ECHEVERRÍA-LONDOÑO, S., EDGAR, M., FELDMAN, A., GARON, M., HARRISON, M., ALHUSSEINI, T. *et al.* 2015. Global effects of land use on local terrestrial biodiversity. *Nature* 520(7545): 45-50.
- NOBLE, W. 2006. What is a support vector machine?. *Nature biotechnology* 24(12): 1565-1567.
- OTTEWELL, K., BICKERTON, D., BYRNE, M., y LOWE, A. 2015. Bridging the gap: A genetic assessment framework for population-level threatened plant conservation prioritization and decision-making. *Diversity and Distributions* 22(2): 174-188.
- PEAKALL, R. y SMOUSE, P. 2012. GenAIEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research-an update. *Bioinformatics* 28: 2537-2539.
- PERALTA, M. y SERRA, M. 1987. Caracterización del hábitat natural de las especies del género *Prosopis* en las Provincias de Huasco y Copiapó, III Región, Chile. CONAF-PNUD-FAO. 121p.
- PETERSON, A., SOBERÓN, J., PEARSON, R., ANDERSON, R., MARTÍNEZ-MEYER, E., NAKAMURA, M. y ARAÚJO, M. 2011. Ecological niches and geographic distributions (MPB-49). Princeton: Princeton University Press. 314p.
- PIÑERO, D., BARAHONA, A., EGUIARTE, L., ROCHA, A. y SALAS, R. 2008. La variabilidad genética de las especies: aspectos conceptuales y sus aplicaciones y perspectivas en México. Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad: 415- 435.



- PITCHARD, J., STEPHENS, M. y DONNELLY, P. 2000. Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics* 155(2): 945-59.
- POTTER, K., JETTON, R., BOWER, A., JACOBS, D., MAN, G., HIPKINS, V. y WESTWOOD, M. 2017. Banking on the future: progress, challenges and opportunities for the genetic conservation of forest trees. *New Forests* 48: 153-180.
- PULLIAM, H. 2000. On the relationship between niche and distribution. *Ecology letters* 3(4): 349-361.
- QGIS DEVELOPMENT TEAM (QGIS). 2020. QGIS Geographic Information System. Open Source Geospatial Foundation Project. [en línea]<<https://qgis.org/es/site/>>[consulta: 20 diciembre 2020].
- QGIS DEVELOPMENT TEAM (QGIS). 2023. Spatial Analysis (Interpolation). [en línea]<[https://docs.qgis.org/3.28/en/docs/gentle\\_gis\\_introduction/spatial\\_analysis\\_interpolation.html](https://docs.qgis.org/3.28/en/docs/gentle_gis_introduction/spatial_analysis_interpolation.html)>[consulta: 10 diciembre 2023].
- R DEVELOPMENT CORE TEAM. 2008. R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. ISBN 3-900051-07-0. [en línea]<<http://www.R-project.org>>[consulta: 20 diciembre 2020].
- RAYMOND, M. y ROUSSET, F. 1995. GENEPOP, version 1.2: population genetics software for exact tests and ecumenicism. *Journal of Heredity* 86: 248–249.
- REED, D. y FRANKHAM, R. 2003. Correlation between fitness and genetic diversity. *Conservation biology* 17(1): 230-237.
- ROCHA, M. y GASCA, J. 2007. Ecología molecular de la conservación. *Ecología molecular*: 251-272.
- RODRÍGUEZ, R. MATTHEI, O. y QUEZADA, M. 1983. Flora arbórea de Chile. Editorial de la Universidad de Concepción. 408p.

- SANTOS, T. y TELLERÍA, J. 2006. Pérdida y fragmentación del hábitat: efecto sobre la conservación de las especies. *Ecosistemas* 15(2).
- SEPÚLVEDA, C., PEÑAILILLO, P., y BOSHIER, D. 2019. Flora asociada y perspectivas de conservación para una población de *Beilschmiedia berteriana* (Gay) Kosterm (*Lauraceae*) en un sistema agrícola de Chile central. *Gayana Botánica* 76(1): 1-11.
- SERRA, M. 1997. *Prosopis chilensis*. En: FAO, Especies arbóreas y arbustivas para las zonas áridas y semiáridas de América Latina. Santiago, Chile.
- SIERRALTA, L., SERRANO, R., ROVIRA, J. y CORTÉZ, C. 2011. Las áreas protegidas de Chile, Ministerio del Medio Ambiente. 35 pp.
- SOTOMAYOR, A. y BARROS, S. 2016. Los Sistemas Agroforestales en Chile. Instituto Forestal, Chile. 458p.
- SQUEO, F., ARANCIO, G. y GUTIÉRREZ, J. 2008. Libro rojo de la flora nativa y de los sitios prioritarios para su conservación: Región de Atacama. Editorial Universidad de La Serena. 451p.
- STEVEN, J. y PHILLIPS, S. 2009. A Brief Tutorial on Maxent. Network of Conservation Educators and Practitioners, Center for Biodiversity and Conservation, American Museum of Natural History. *Lessons in Conservation* 3: 108-135.
- TELLERÍA, J. 2013. Pérdida de biodiversidad. Causas y consecuencias de la desaparición de las especies. *Memorias de la Real Sociedad Española de Historia Natural* 10: 13-25.
- THERMO FISHER. 2018. Peak Scanner™ Software v1.0. [en línea]<<https://www.thermofisher.com/order/catalog/product/cl/es/4381867>>[consulta: 20 diciembre 2021].

- THOMAS, E., JALONEN, R., LOO, J., BOSHIER, D., GALLO, L., CAVERS, S., BORDÁCS, S., SMITH, P. y BOZZANO, M. 2014. Genetic considerations in ecosystem restoration using native tree species. *Forest Ecology and Management* 333: 66-75.
- UNIÓN INTERNACIONAL PARA LA CONSERVACIÓN DE LA NATURALEZA (UICN). 2012. Categorías y Criterios de la Lista Roja de la UICN: Versión 3.1. Segunda edición. Gland, Suiza y Cambridge, Reino Unido: UICN. 34pp.
- VALDIVIA, C. y ROMERO, C. 2013. En la senda de la extinción: el caso del algarrobo *Prosopis chilensis* (*Fabaceae*) y el bosque espinoso en la Región Metropolitana de Chile central. *Gayana Botánica* 70(1): 57-65.
- VILLATORO, M., HENRÍQUEZ, C. y SANCHO, F. 2008. Comparación de los interpoladores IDW y Kriging en la variación espacial de pH, Ca, CICE y P del suelo. *Agronomía Costarricense* 32(1).
- WALCK, J., HIDAYATI, S., DIXON, K., THOMPSON, K. y POSCHLOD, P. 2011. Climate change and plant regeneration from seed. *Global Change Biology* 17(6): 2145-2161.
- WALTER, K. 2011. *Prosopis*, an alien among the sacred trees of South India. University of Helsinki. *Tropical Forestry Reports* 38. 205p.
- WRIGHT, S. 1965. The interpretation of population structure by F-statistics with special regard to systems of mating. *Evolution* 19: 395-420.
- YOUNG, A., BOSHIER, D. y BOYLE, T. 2000. *Forest conservation genetics: principles and practice*. CSIRO publishing. 352p.

## 6. APÉNDICES

**Apéndice 1.** Detalle de localidades y número de individuos colectados por sector.

N°	Código localidad	Sector	Comuna	Región	N° Individuos
1	R4LH	La Higuera	La Higuera	IV	6
2	R4	Ruta Illapel – Monte Patria	-	IV	38
3	ALG (519, 520, 522)	Combarbalá	Combarbalá	IV	3
4	ALG526	Illapel	Illapel	IV	1
5	R5	Ruta Petorca - San Felipe	-	V	44
6	R5CI	Ruta 60-Camino internacional	Los Andes	V	10
7	RMSE	San Esteban	San Esteban	V	1
8	RMLC	Las Chilcas	Llay-lay	V	2
9	R5RC	Rio Colorado	San Esteban	V	10
10	RMMN	Montenegro	Tiltitil	RM	10
11	RMCC	Cuesta Chacabuco	Colina	RM	5
12	RMEC	El Colorado	Colina	RM	10
13	RMTT	Tiltitil	Tiltitil	RM	10
14	ALG536	Huertos familiares	Huertos familiares	RM	1
15	RMLT	Tranque Las Tórtolas	Colina	RM	32
16	RMLM	Batuco	Lampa	RM	9
17	RMSM	Santa Matilda	Colina	RM	10
18	RMCN	Las Canteras	Colina	RM	10
19	RMPI	Pirque, G-405	Pirque	RM	1
20	RMIM	Isla de Maipo	Isla de Maipo	RM	2

**Apéndice 2.** Características de los modelos.

<b>Modelo</b>	<b>Descripción</b>	<b>Construcción de modelo</b>	<b>Fuente</b>
RandomForest (Machine learning)	Construye un conjunto de árboles de decisión combinados con <i>bagging</i> que disminuyen el error para generar las predicciones de ocurrencia	Variable respuesta binaria de presencia y variables ambientales como predictoras.	Breiman, 2001
MaxEnt (Machine learning)	Modelo de distribución con valores de probabilidad que van desde 0 (nula presencia) hasta 1 (máxima probabilidad de presencia).	Comando <code>maxent()</code> , información de los vectores “predictors” y datos de entrenamiento de presencias.	Steven y Phillips, 2009
Support Vector Machine (SVM, Machine learning)	Método utilizado para la resolución de problemas basado en la clasificación y regresión.	Variable respuesta binaria de presencia y variables ambientales como predictoras.	Noble, 2006
Bioclim (Climático)	Sistema de predicción bioclimática que utiliza como base de datos estimaciones climáticas mensuales promedios.	Sólo requiere datos de presencia.	Beaumont <i>et al.</i> , 2005
Modelo General Lineal (GLM, Regresión)	Prueba estadística que relaciona los componentes aleatorios (valor esperado) y sistemáticos (valor predicho).	Probabilidad de que ocurra un evento. Estructura que posee la variable respuesta y sus elementos explicativos.	López y Ruiz, 2011

**Apéndice 3.** Poblaciones definidas.

<b>Población</b>	<b>Código</b>	<b>Este</b>	<b>Norte</b>	<b>Región</b>	<b>Comuna</b>	<b>Localidad</b>
POP1	R4LH	313053	6690225	Coquimbo	La Higuera	La Higuera
POP2	R4	305994	6546943	Coquimbo	-	Ruta Illapel – Monte Patria
	ALG526	303985	6516692	Coquimbo	-	Ruta Illapel – Monte Patria
	ALG519	303179	6538602	Coquimbo	-	Ruta Illapel – Monte Patria
	ALG520	303207	6538821	Coquimbo	-	Ruta Illapel – Monte Patria
	ALG522	304850	6542381	Coquimbo	-	Ruta Illapel – Monte Patria
POP3	R4	303935	6560878	Coquimbo	-	Ruta Illapel – Monte Patria
POP4	R4	305336	6577152	Coquimbo	-	Ruta Illapel – Monte Patria
POP5	R4	311267	6587503	Coquimbo	-	Ruta Illapel – Monte Patria
POP6	R4	313873	6594239	Coquimbo	-	Ruta Illapel – Monte Patria
POP7	R5	323996	6397801	Coquimbo	-	Ruta Petorca - San Felipe
POP8	R5	326244	6415574	Coquimbo	-	Ruta Petorca - San Felipe
POP9	R5	329478	6432464	Coquimbo	-	Ruta Petorca - San Felipe
POP10	R5	337326	6374147	Coquimbo	-	Ruta Petorca - San Felipe
POP11	R5	339906	6394316	Coquimbo	-	Ruta Petorca - San Felipe
POP12	R5RC	342735	6354586	Coquimbo	San Esteban	Rio Colorado
POP13	RMSE	355325	6370357	Valparaíso	San Esteban	San Esteban

<b>Población</b>	<b>Código</b>	<b>Este</b>	<b>Norte</b>	<b>Región</b>	<b>Comuna</b>	<b>Localidad</b>
	R5CI	359718	6363520	Valparaíso	Los Andes	Ruta 60-Camino internacional
POP14	RMLT	336684	6332227	Metropolitana	Colina	Tranque Las Tórtolas
POP15	RMCC	340189	6347196	Metropolitana	Colina	Cuesta Chacabuco
POP16	RMCN	343590	6313471	Metropolitana	Colina	Las Canteras
POP17	RMEC	341783	6338936	Metropolitana	Colina	El Colorado
POP18	RMLM	327564	6317086	Metropolitana	Lampa	Batuco
POP19	RMLC	327720	6361109	Valparaíso	Llay-llay	Las Chilcas
	RMMN	328805	6351303	Metropolitana	Tiltil	Montenegro
POP20	RMSM	338694	6320130	Metropolitana	Colina	Santa Matilda
POP21	RMTT	319909	6335560	Metropolitana	Tiltil	Tiltil
	RMLM	324155	6329439	Metropolitana	Tiltil	Tiltil
	ALG536	329545	6334213	Metropolitana	Tiltil	Tiltil
POP22	RMIM	327570	6264090	Metropolitana	Isla de Maipo	Isla de Maipo
	RMPI	348485	6275914	Metropolitana	Pirque	Pirque, G-405

**Apéndice 4.** Mapa de poblaciones definidas de *N. chilensis* en el área de estudio.

