



## ID 94: Zonas genéticas y áreas prioritarias para la conservación de los bosques de lenga en la Patagonia Argentina

Mattera MG<sup>1</sup>; Pastorino MJ<sup>1</sup>; Lantschner MV<sup>1</sup>; Marchelli P<sup>1</sup>; Soliani C<sup>1,\*</sup>

<sup>1</sup> Instituto de Investigaciones Forestales y Agropecuarias Bariloche (IFAB) INTA EEA Bariloche – CONICET.

\*soliani.carolina@inta.gob.ar

**Palabras Clave:** *Nothofagus pumilio*, diversidad genética, unidades de manejo operativo

**Videoposter:** <https://youtu.be/neMDTZlghTA>

### Introducción

Los cambios globales que se están suscitando, tanto climáticos como del uso de los recursos naturales, impactan en la persistencia y dinámica ecológica de los ecosistemas del mundo debido a la gran velocidad con la que ocurren. Estos cambios pueden generar modificaciones en los patrones de diversidad, y las estrategias para mitigarlos pueden no ser suficientes en algunas especies. En este contexto resulta clave conocer cómo se presenta la variación natural de una especie, para planificar estrategias sostenibles de conservación, manejo y utilización de los productos y servicios asociados. En especies forestales, el ordenamiento de sus recursos genéticos promueve la sustentabilidad del sistema asistiendo con prescripciones concretas para su manejo, garantizando la conservación de su acervo ecológico-genético. Una forma de ordenar es delimitar unidades operativas de manejo (Pastorino & Gallo 2009), las que, basadas en la variación de marcadores genéticos y/o caracteres métricos cuantitativos, hacen factible el movimiento de material de propagación sin riesgos de contaminación genética o maladaptación. Las **zonas genéticas**, en particular, están fundadas en la variación de marcadores del ADN selectivamente neutros y en la ponderación de la estructura poblacional e historia evolutiva de la especie.

En la Patagonia, los bosques templados están sufriendo las consecuencias de sequías estacionales, y en el último siglo el incremento de la temperatura media anual y la disminución de las precipitaciones, así como también la explotación forestal y los incendios frecuentes (Mundo et al. 2017), están generando pérdidas de masas boscosas (Rodríguez-Catón et al. 2016). La Lenga, *Nothofagus pumilio* (Poepp. & Endl.) Krasser, es una de las especies de más amplia distribución en estos ecosistemas, que ocurre en ambientes heterogéneos por altitud, latitud y longitud, siguiendo gradientes térmicos, de fotoperiodo y de precipitación, respectivamente. Su adaptación o plasticidad a ambientes contrastantes, le permiten prosperar desde fondos de valle hasta la línea arbórea superior y en un amplio rango pluviométrico (3000 a 300 mm anuales). Su relevancia ecológica reside en ser reguladora de los recursos hídricos y participar en la formación de los suelos, entre otros servicios ecosistémicos (Rusch & Jefferson 2014). La lenga es extraída por su madera de excelente calidad, y sus bosques generan un atractivo paisajístico de gran valor económico para el turismo. En su amplia distribución, resulta impracticable tomar decisiones sobre cada población genética a nivel individual. El objetivo de este trabajo fue delimitar áreas prioritarias para la conservación de la lenga y áreas genéticamente homogéneas que conformarán las unidades de manejo operativo, distinguiendo las poblaciones que albergan alta riqueza alélica o variantes genéticas exclusivas. Los resultados centrales del estudio de Mattera et al. (2020) se presentan para su difusión entre los tomadores de decisión.



## Materiales y Métodos

El estudio incluyó material vegetal de árboles individuales de 35 poblaciones de lenga muestreadas en toda la distribución de la especie en Argentina, tanto en sentido latitudinal ( $36^{\circ}$ - $55^{\circ}$  S) como longitudinal ( $71^{\circ}$   $56'$  -  $66^{\circ}$   $37'$  O). Se realizó la extracción de ADN de al menos 20 individuos por población, y luego se reconstruyeron los genotipos de cada árbol en base a 7 marcadores microsatélites siguiendo los protocolos publicados por Soliani et al. (2015). Para caracterizar la estructura genética de las poblaciones se estimaron parámetros de diversidad genética (riqueza alélica, heterocigosis, alelos exclusivos) y coeficientes de endogamia y de diferenciación. Se estudió si las poblaciones sufrieron recientemente una reducción en su tamaño, lo que podría impactar en sus niveles de diversidad (cuello de botella genético). Se identificaron aquellas poblaciones que presentaron moderados a altos niveles de diversidad y/o variantes alélicas restringidas geográficamente. Para inferir la existencia de un patrón de aislamiento por distancia, es decir mayores diferencias genéticas entre sitios más alejados geográficamente, se utilizaron dos aproximaciones: a- un test basado en la relación entre distancias genéticas y geográficas entre pares de sitios, b- un test de estructura genética espacial (basado en clases de distancia de igual dimensión). Por último, se definieron criterios para la delimitación de las zonas genéticas, basados en la variación en marcadores de cloroplastos (Soliani et al. 2012) y en los resultados de análisis de agrupamiento (por origen y distribución geográfica de la variación) cuyo soporte estadístico resultó significativo, en la historia evolutiva de la especie y en la posible localización de refugios glaciarios. Las zonas genéticas que quedaron conformadas se visualizaron en un mapa de la distribución de la especie mediante herramientas de procesamiento de información espacial (ARCGIS 9.3 ESRI).

## Resultados

*Diversidad genética.* La lenga presenta poblaciones más diversas hacia el norte de su distribución, y los niveles de diversidad disminuyen hacia latitudes australes y también en poblaciones marginales-esteparias. La mayoría de las poblaciones presentó moderada a alta diversidad intra-poblacional; ciertas poblaciones se destacaron por su índice de diversidad moderado- alto y/o por presentar alelos geográficamente restringidos. Se identificó un exceso significativo de heterocigosis en una población que pudo ser debido a un cuello de botella genético. Se identificó endogamia en 12 poblaciones, pero solo en una el parámetro asociado a este patrón fue significativo ( $F_{IS}'' = 0.1461$ ,  $Z > 1.96$ ). El coeficiente de diferenciación hallado ( $F_{ST} = 0.077$ ) es de magnitud similar al reportado en otras especies forestales. No se encontraron evidencias de un patrón de aislamiento por distancia en las poblaciones estudiadas.

*Agrupamiento de poblaciones.* Quedaron definidos dos grandes grupos, uno al norte y otro al sur de los  $42^{\circ}$ S, en base a un 'quebre filogeográfico' (Soliani et al. 2012) de importancia evolutiva. Dentro del grupo norte (entre los  $37^{\circ}51'S$  y  $41^{\circ}58'S$ ) se identificaron 4 subgrupos (94% de probabilidad de ajuste), y considerando la importancia de las mezclas genéticas (más de un origen) dentro de ellos, se dividió la región en 5 zonas genéticas (Figura 1a). Dentro del grupo sur (entre los  $42^{\circ}$ - $44^{\circ}$ S) la topografía e historia glaciaria (Glasser et al. 2008), así como los patrones de agrupamiento y de mezcla genética hallados, definió la división de esta área en 4 zonas genéticas (Figura 1b). Hacia el sur de los  $44^{\circ}$ S, se analizó por separado a las poblaciones continentales de las insulares (Tierra del Fuego), respetando la particular configuración climática e influencia glaciaria en estas dos áreas (Glasser et al. 2008). A partir de los análisis de agrupamiento, se definieron 6 zonas genéticas entre los  $44^{\circ}$  -  $52^{\circ}$ S y 3 zonas genéticas en Tierra del Fuego (Figura 1c). Las poblaciones genéticamente más diversas sugieren que las correspondientes zonas genéticas debieran ser áreas prioritarias para la conservación *in situ* (Figura 1), ya que podrían tratarse de refugios glaciarios (ej. ZG2, 3) o periglaciarios (ej. ZG16).

## Discusión

La caracterización de la diversidad genética intraespecífica a través de parámetros poblacionales tales como la riqueza alélica, es clave cuando se trata de proponer criterios que guíen el manejo forestal de los bosques, por considerarse un indicador del potencial adaptativo que presenta la especie (ej. Fady et al. 2016). En este trabajo delineamos zonas genéticas (ZGs) y resaltamos el hallazgo de áreas prioritarias para la conservación, a partir de estos indicadores de diversidad. Criterios adicionales como la configuración topográfica donde vegeta la especie, el avance de las últimas glaciaciones, las características ecológicas de la lenga, se han considerado en toda su distribución para definir las unidades de manejo operativo.

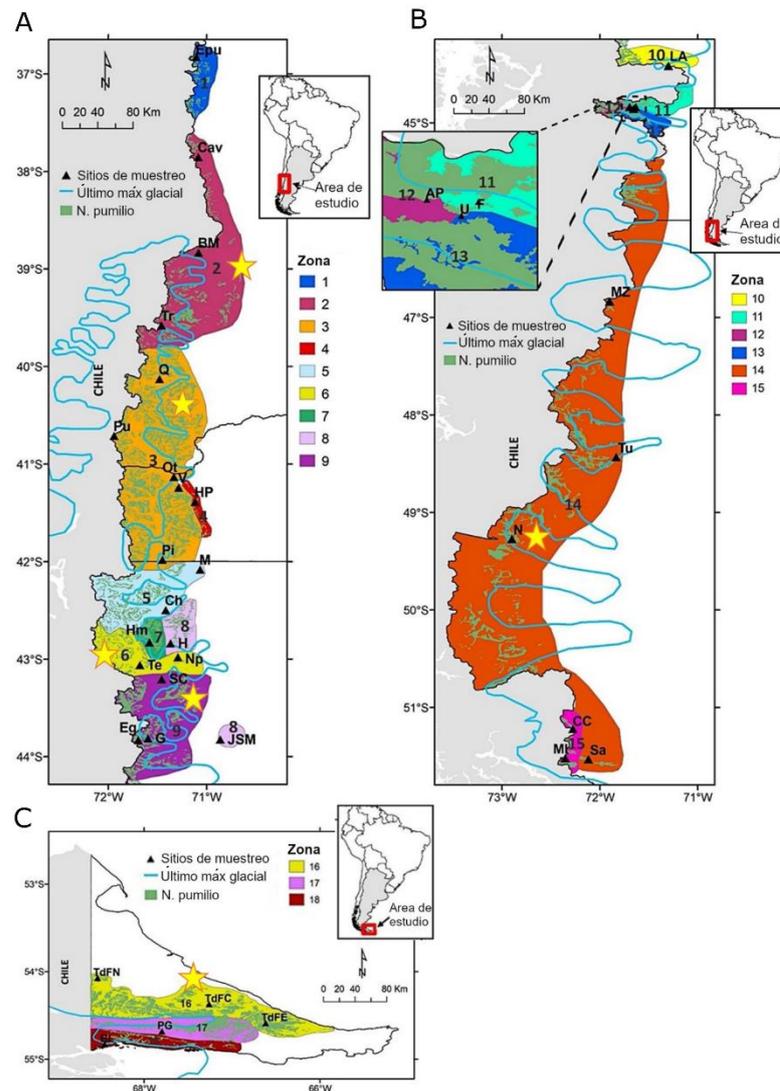


Figura 1. Zonas Genéticas (ZGs) para *Nothofagus pumilio* basadas en criterios genéticos (modificada a partir de Mattera et al (2020). A- ZGs comprendidas entre los 37°-44°S; B- ZGs comprendidas entre los 45°-51°S; C- ZGs comprendidas entre los 53°-55°S. La línea de hielo corresponde al avance del Último Máximo Glacial (de Glasser et al. 2008). Las áreas prioritarias para la conservación se destacan con una estrella amarilla.

Los bosques ubicados en áreas prioritarias para la conservación *in situ* (Figura 1), definidas por su singularidad genética, deberían estar sujetos a pautas de conservación y manejo que aseguren su perpetuidad. Una implicancia directa de establecer estas áreas es considerarlas fuentes de semillas.



En las zonas donde se identificó una mezcla de orígenes genéticos, se sugiere, en caso de ser necesaria una intervención con movimiento de material, balancear los aportes de las fuentes de modo de preservar la identidad genética (ej. ZG7, ZG13). En la zona que contiene a la población donde se halló un cuello de botella genético reciente, se sugieren medidas estrictas de conservación en vistas a preservar su tamaño e identidad genética (ZG9).

Un gran porcentaje de áreas de bosque estudiadas se encuentran protegidas por la Administración de Parques Nacionales (APN), otras están bajo el resguardo de la jurisdicción provincial correspondiente, y en algunas se realizan prácticas extractivas por la industria forestal. En menor proporción se encuentran también en propiedades privadas. Esta estructura sugiere la coexistencia de diferentes órganos de control y monitoreo de los bosques de lenga, por lo que sería deseable la unificación de criterios de las partes involucradas en vistas a la conservación y manejo sostenible de estos recursos.

### Conclusiones

En este trabajo presentamos la definición de 18 zonas genéticas para la lenga y 6 áreas prioritarias para su conservación, en base a datos de 35 poblaciones de su distribución total. Actualmente, numerosos proyectos de restauración ecológica se encuentran activos tanto en Argentina como en Chile. Creemos que este tipo de herramientas generadas sobre base científica constituyen una guía práctica de alta relevancia para el movimiento de material de propagación, sin riesgos de incurrir en procesos de contaminación genética de los rodales bajo tratamiento o maladaptación del material bajo traslado. Las recomendaciones aquí sugeridas podrán asistir a las instituciones encargadas de asegurar el cumplimiento de la ley 26.331 (Presupuestos Mínimos de Protección Ambiental de los Bosques Nativos).

### Agradecimientos

Por la asistencia en colectas a campo: V. Mondino, J. Bozzi, P. Peri, F. Mattenet, G. Martínez Pastur. Por facilitar scripts de R para análisis de datos: E. Thomas. Financió ANPCyT – FONCyT: PICT 2015-1193.

### Bibliografía

- Fady B, Cottrell J, Ackzell L, Alía R, Muys B, Prada A, González-Martínez SC. 2016. Forests and global change: what can genetics contribute to the major forest management and policy challenges of the twenty-first century? *Regional Environmental Change* 16: 927–939.
- Glasser NF, Jansson K, Harrison S, Kleman J. 2008. The glacial geomorphology and Pleistocene history of South America between 38°S and 56°S. *Quaternary Science Reviews* 27: 365–390.
- Mattera MG, Pastorino MJ, Lantschner MV, Marchelli P, Soliani C. 2020. Genetic diversity and population structure in *Nothofagus pumilio*, a foundation species of Patagonian forests: defining priority conservation areas and management. *Scientific Reports* 10: 19231.
- Mundo IA, Villalba R, Veblen TT, Kitzberger T, Holz A, Paritsis J, Ripalta A. 2017. Fire history in southern Patagonia: human and climate influences on fire activity in *Nothofagus pumilio* forests. *Ecosphere* 8(9): e01932.
- Pastorino MJ, Gallo LA. 2009. Preliminary operational genetic management units of a highly fragmented forest tree species of southern South America. *Forest Ecology and Management* 257: 2350–2358.
- Rodríguez-Catón M, Villalba R, Morales M, Srur A. 2016. Influence of droughts on *Nothofagus pumilio* forest decline across northern Patagonia, Argentina. *Ecosphere* 7: e01390.
- Rusch V, Jefferson JJ. 2014. Manejo de bosques de lenga *Nothofagus pumilio* en el noreste de la Patagonia. Edres: ME Zaccagnini, AP Goijman, MJ Conroy, JJ Thompson. Ediciones INTA, CABA. ISBN 978-987-521-580-1. 170p.
- Soliani C, Gallo L, Marchelli P. 2012. Phylogeography of two hybridizing southern beeches (*Nothofagus* spp.) with different adaptive abilities. *Tree Genetics and Genomes* 8: 659–673.
- Soliani C, Yoshiaki Y, Bagnoli F, Gallo LA, Vendramin GG, Marchelli P. 2015. Halfway encounters: meeting points of colonization routes among the southern beeches *Nothofagus pumilio* and *N. antarctica*. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 85: 197–207.