

# Zonas genéticas de Lengua y Ñire en Argentina

y su aplicación en la conservación y manejo de los recursos forestales

Carolina Soliani y Paula Marchelli



# ZONAS GENÉTICAS DE LENGA Y ÑIRE EN ARGENTINA

Y SU APLICACIÓN EN LA CONSERVACIÓN Y MANEJO  
DE LOS RECURSOS FORESTALES

Autores

Carolina Soliani<sup>1,2</sup>

Fernando Umaña<sup>1</sup>

Victor Mondino<sup>3</sup>

Evert Thomas<sup>4</sup>

Mario Pastorino<sup>1,2</sup>

Leonardo Gallo<sup>1</sup>

Paula Marchelli<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup> Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, EEA Bariloche, Argentina.

<sup>2</sup> Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas, Argentina.

<sup>3</sup> Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, EEA Esquel, Argentina.

<sup>4</sup> Bioversity International, Lima, Perú.

---

Zonas genéticas de lenga y ñire en Argentina : y su aplicación en la conservación y manejo de los recursos forestales / Carolina Soliani ... [et al.]; coordinación general de Carolina Soliani ; editado por Carolina Soliani; editor literario Paula Lagorio ; fotografías de Carolina Soliani ... [et al.]; ilustrado por Carolina Soliani ; prólogo de Florencia Urretavizcaya. - 1a ed. - Bariloche, Río Negro : Ediciones INTA, 2017. Libro digital, PDF

Archivo Digital: descarga y online

SBN 978-987-521-870-3

1. Biodiversidad. 2. Conservación de Bosques. 3. Manejo Forestal. I. Soliani, Carolina II. Soliani, Carolina, coord. III. Soliani, Carolina, ed. IV. Lagorio, Paula, ed. Lit. V. Soliani, Carolina, fot. VI. Soliani, Carolina, ilus. VII. Urretavizcaya, Florencia, prolog. CDD 333.9516

Este manual es una síntesis de los resultados obtenidos de proyectos de investigación científica desarrollados en el INTA y en instituciones asociadas, y que involucran, algunos de ellos, la formación de recursos humanos. Mencionamos los principales subsidios que apoyaron esta iniciativa a través de recursos financieros:

Proyectos **“Domesticación de especies forestales nativas patagónicas”** (PNFOR4232), **“Mejoramiento Genético de Especies Forestales Nativas de Alto Valor”** (PNFOR1104063), **“Aplicación de Herramientas Moleculares para el Uso y la Conservación de la Diversidad Genética Forestal”** (PNFOR1104064), **Proyectos Regionales con Enfoque Territorial “Cordillera y Precordillera”** (PRET1281101) y **“ANDES”** (PATSU-129205) del Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria.

Proyecto **“Historia evolutiva de dos especies forestales nativas de la Patagonia Argentina** (*Nothofagus pumilio* y *N. antarctica*) y su relación con la conservación y manejo de sus recursos genéticos” (PIP 2008 -11220080101657) del CONICET.

Beca Estadía en Centro I+D **“Desarrollo y aplicación de marcadores moleculares en especies forestales”** del Gobierno Italiano - Ministero Degli Affari Esteri.

Agradecemos la colaboración de las personas involucradas en:

la recolección del material vegetal utilizado en estos estudios:

**Marcos Menguer, Mercedes Sá, Liliana Lozano, Abel Martínez, Alejandro Aparicio, Pablo Peri, María Marta Azpilicueta, Mario Huentú, Fernanda Izquierdo, Alejandro Martinez Meier, Jorge Bozzi;**

el aporte de información sobre la distribución de las especies para la confección de los mapas:

**Horacio Claverie** de la Subsecretaría de Bosques de Chubut y **Sebastián Di Martino** (ex miembro de Áreas Naturales Protegidas del Neuquén);

al **Dr. Giovanni G. Vendramin** y su equipo de trabajo, por la disponibilidad de uso del laboratorio de Genética en el Istituto de Genetica Vegetale - CNR (Italia)

Agradezco personalmente al CONICET por la asignación de las Becas Doctorales de Tipo I y II y al INTA EEA Bariloche que me permitieron desarrollar gran parte del trabajo presentado en este manual.

Carolina Soliani

Fotos: Carolina Soliani, Victor Mondino, Verónica Rusch

Edición: Carolina Soliani y Paula Marchelli

Diseño y diagramación: Paula Lagorio

Imprenta: Centro del Copiado

# ÍNDICE

<b>PRÓLOGO</b>	<b>5</b>
<b>CAPÍTULO 1</b>	
<i>INTRODUCCIÓN</i>	7
¿QUÉ SE ENTIENDE POR ZONA GENÉTICA?	8
¿QUÉ ES LA DIVERSIDAD GENÉTICA?	8
¿POR QUÉ ES IMPORTANTE DEFINIR ZONAS GENÉTICAS?	10
<b>CAPÍTULO 2</b>	
<i>LAS ESPECIES</i>	13
CARACTERÍSTICAS ECOLÓGICAS	13
MAPAS DE DISTRIBUCIÓN	15
LOCALIZACIÓN GEOGRÁFICA DE LAS POBLACIONES OBJETO DE ESTUDIO	20
<b>CAPÍTULO 3</b>	
<i>ZONAS GENÉTICAS; HERRAMIENTAS METODOLÓGICAS Y DEFINICIÓN</i>	23
ASPECTOS METODOLÓGICOS	23
MARCADORES MOLECULARES EMPLEADOS	23
ELABORACIÓN DE LOS MAPAS DE ZONAS GENÉTICAS	26
DEFINICIÓN DE ZONAS GENÉTICAS: <i>NOTHOFAGUS PUMILIO</i>	26
<i>NOTHOFAGUS ANTARCTICA</i>	35
<b>CAPÍTULO 4</b>	
<i>VARIACIÓN GEOGRÁFICA Y GENÉTICA EN LENGA</i>	47
<b>CAPÍTULO 5</b>	
<i>MODELADO DE DISTRIBUCIONES FUTURAS DE LA VEGETACIÓN</i>	49
<b>CAPÍTULO 6</b>	
<i>CONSIDERACIONES FINALES</i>	53
LITERATURA CITADA	54

---



# PRÓLOGO

*Nothofagus pumilio*, lenga, y *Nothofagus antartica*, ñire, son dos especies relevantes para Argentina y la Región Andino Patagónica. Son las únicas especies arbóreas que se encuentran en toda la región, creciendo en ambientes heterogéneos a lo largo de más de 2000 km. Por la ubicación de sus bosques sostienen servicios ecosistémicos estratégicos de regulación y de provisión. El primero principalmente de regulación hídrica y protección de suelos, y el segundo asociado al uso humano que se hace de estos bosques desde hace más de un siglo. Como resultado de la intervención antrópica, así como del efecto de disturbios de escala, como son los incendios forestales, en la actualidad se encuentran bosques de lenga y ñire que presentan altos niveles de degradación, aunque también hay bosques bien preservados. Un aspecto básico para aportar al manejo sustentable y a la conservación de estos bosques es incorporar el conocimiento sobre la estructura y la variabilidad genética de sus poblaciones.

El grupo de genética forestal de INTA Bariloche estudia, desde hace más de 20 años, la variabilidad genética de los bosques nativos de la Patagonia. En su materia han logrado que los resultados de investigaciones básicas se trasladen a recomendaciones prácticas en la toma de decisiones relacionadas con los recursos genéticos forestales nativos. Este Manual de Zonas Genéticas de lenga y ñire en Argentina, su aplicación en la conservación y manejo de los recursos forestales, nos introduce de manera comprensible a la definición de zonas genéticas y al porqué de la importancia de determinarlas. Posteriormente a la descripción de las características ecológicas y la distribución actual de estas especies, se detallan las herramientas metodológicas utilizadas para definir siete zonas genéticas para lenga y nueve para ñire, donde se integra información proveniente de estudios a distintas escalas. Se abordan también la variación geográfica y genética en lenga con el fin de inferir procesos de adaptación local a tener en cuenta al momento de seleccionar material de reproducción. Por último, se realiza un análisis del posible efecto del cambio climático sobre ambas especies, en escenarios predichos, y se determinan cuáles serían las áreas vulnerables que podrían perder idoneidad para sostener sus bosques.

Para quienes trabajamos en manejo de bosques nativos con intervenciones que implican el uso de material de reproducción, como plantines y semillas, tanto con objetivos de producción como de conservación, el conocimiento difundido en este manual es esencial. Por un lado, nos permite entender el comportamiento de estas especies en experiencias ya realizadas; por otro, y quizás más importante aún, entender la necesidad de considerar los aspectos genéticos desde la etapa de la planificación de las actividades a realizar. En este último caso, y teniendo en cuenta la identificación de áreas vulnerables, las condiciones ambientales esperadas según los distintos escenarios predichos así como los cambios ya observados, los resultados presentados tienen una importancia sustancial para diseñar estrategias de adaptación al cambio climático con base en la variabilidad genética de las poblaciones de lenga y ñire.

Ma. Florencia Urretavizcaya  
CIEFAP-CONICET



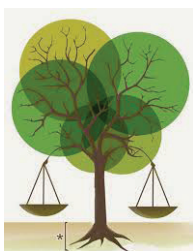
## INTRODUCCIÓN

Carolina Soliani, Paula Marchelli

Los **bosques Andino Patagónicos** se componen de especies forestales nativas consideradas de alto valor maderable y con un excelente potencial productivo que aún se encuentra en vías de desarrollo. Los programas de **Domesticación** en curso de muchas de estas especies promueven la caracterización ecológica y genética de sus bosques (INTA PNFOR N°1104063) y entre sus objetivos contemplan la identificación de material base, de referencia para su utilización en diversas acciones de conservación y manejo sustentable. La concreción de actividades de restauración, asistencia a la regeneración natural, definición de áreas de plantación, entre otras, demanda de un conocimiento acabado de las poblaciones naturales de procedencia. En su implementación práctica, y aún más en especies forestales de extensa distribución, resulta indispensable la divisibilidad de las masas continuas de bosque y la definición de **unidades operativas de manejo** (Pastorino & Gallo, 2009). Aunque escasamente utilizados como criterios de delimitación, los patrones de variabilidad genética natural constituyen una herramienta muy valiosa para definir estas unidades. A lo largo de la historia evolutiva de una especie su acervo genético cambia, y esa variación se estudia a nivel de sus poblaciones interpretando información proveniente de diferentes regiones de su ADN.

Así, es posible dar cuenta de los procesos demográficos y adaptativos por los que transitaban sus individuos ante las diversas presiones selectivas ejercidas por el ambiente. Al considerar estos procesos en la división de un área, estamos resguardando el potencial evolutivo de la especie y manteniendo el grado de conectividad actual entre sus poblaciones. Por otra parte, al incorporar criterios genéticos aportamos cierta previsibilidad en la respuesta de las plantas a su ambiente, ya que la base genética que subyace estaría adaptada a una condición local.

En Argentina, los Recursos Genéticos Forestales, entendidos como la variación genética presente en un rodal con beneficio actual o potencial para los humanos (Geburek & Turok, 2005), son patrimonio de los Estados provinciales. El Estado Nacional legisla los recursos forestales nativos a través de la ley de **Presupuestos Mínimos de Protección Ambiental de los Bosques Nativos** (N°26331) y la ley de **Inversiones para Bosques Cultivados** (N°25080). Cada provincia puede adherir a estas leyes, adecuándolas a su situación en particular. Para llevar adelante los proyectos que las leyes financian, es deseable contar con el material apropiado para plantar, y en esa adecuación debemos considerar su origen y transferibilidad.



## LEYES DE PROMOCIÓN FORESTAL

*Principales Objetivos*

- Ordenamiento territorial de los bosques nativos
- Regulación del uso de suelos y expansión de la frontera agropecuaria
- Enriquecimiento, conservación, restauración, mejoramiento y manejo sostenible
- Inversiones en plantación productiva



En el grupo de Genética Forestal del INTA Bariloche investigamos desde hace más de 20 años las características genéticas de las poblaciones de especies forestales nativas de Patagonia, y algunas exóticas, empleando marcadores del ADN. Además, desarrollamos protocolos optimizados para el almacenamiento de semillas y la producción de plantines en vivero, con el fin de evaluar sus propiedades por medio de caracteres cuantitativos. En este manual informamos cómo estos resultados de investigación se traducen en recomendaciones prácticas que pueden asistir a gestores, técnicos, productores, entre otros actores, para la toma de decisiones en acciones a desarrollar dentro del bosque nativo, de utilidad en el marco de la legislación vigente. Nos centraremos en la divisibilidad genética, definiendo **zonas genéticas**, de un continuo de bosque cuyo fin último es el de proveer semilla segura para la plantación. Fuentes de información adicional serán contempladas (topografía, presencia de rutas o caminos, otras) para lograr que el producto final, los **mapas de zonas genéticas**, resulten accesibles al lector.

## ¿QUÉ SE ENTIENDE POR ZONA GENÉTICA?

La representatividad del acervo genético de una especie a lo largo de su distribución se logra por medio del muestreo de áreas cuya extensión mínima se corresponde con una “población genética”. Sin embargo, para el caso de los árboles por la imposibilidad práctica de atender la situación particular de cada rodal, no se toman decisiones de manejo sobre cada población. Es entonces cuando cobra relevancia la definición de unidades operativas donde se superen estas limitaciones. Una posibilidad son las **zonas genéticas (ZG)**, reconocidas como **regiones geográficas genéticamente homogéneas** (Bucci & Vendramin, 2000) dentro de las cuales la transferencia de semillas mantendrá la constitución genética de los rodales (Cuadro 1). Es decir que no existiría riesgo, o este sería mínimo, de contaminación genética (McKay *et al.*, 2005) del stock local, o en su defecto de la masa boscosa colindante a la implantada, con el movimiento de material. Para delimitar las ZG es necesario en primer término contar con un inventario de la distribución natural de la especie, base

sobre la cual se delinearán las divisiones. La caracterización de la constitución genética de las poblaciones a través de parámetros de diversidad y diferenciación, es lo que permite luego agrupar o separar los bosques analizados en la misma o en diferentes zonas genéticas, respectivamente. Al mismo tiempo dentro de las zonas están representados reservorios genéticos mínimos para la especie, a considerar en el marco de una estrategia de conservación de estos recursos. Sin embargo, es importante tener en cuenta que, ante el desconocimiento acabado sobre la variación genética adaptativa, la decisión más conservadora sería utilizar semillas de procedencia local, ya que *a priori* podría suponerse mayor capacidad de adaptación al sitio.

En este manual incorporamos la definición de **sub-zona genética**, entendida como un área geográfica incluida dentro de una zona, pero que presenta alguna singularidad genética. Esa cualidad, que fue identificada en el muestreo de una población, destaca a ese sitio respecto de la zona que lo contiene y podría tener un significado histórico-evolutivo que sería deseable resguardar. Por este motivo, consideramos que en estas subunidades es recomendable utilizar material de procedencia local para llevar adelante acciones de restauración.

## ¿QUÉ ES LA DIVERSIDAD GENÉTICA?

La **diversidad genética** es la variación en caracteres heredables a nivel poblacional, y se calcula en función del número de variantes alélicas (atributos) de un conjunto de regiones del ADN, y sus distribuciones de frecuencias. El **material hereditario** (ADN) de un organismo cambia (mutaciones) a través del tiempo. Asociados a dichos cambios, es posible inferir procesos incidentes sobre las poblaciones (bosques) en relación a una escala de tiempo (ej. reducción numérica de la población durante períodos climáticos adversos). Así, en términos evolutivos, la diversidad genética de las poblaciones de una especie se va modelando. Una población con diversidad genética elevada es un sitio a priorizar para su conservación, ya que *a priori* se podría esperar una mejor respuesta de sus individuos ante cambios externos (por ejemplo: eventos climáticos

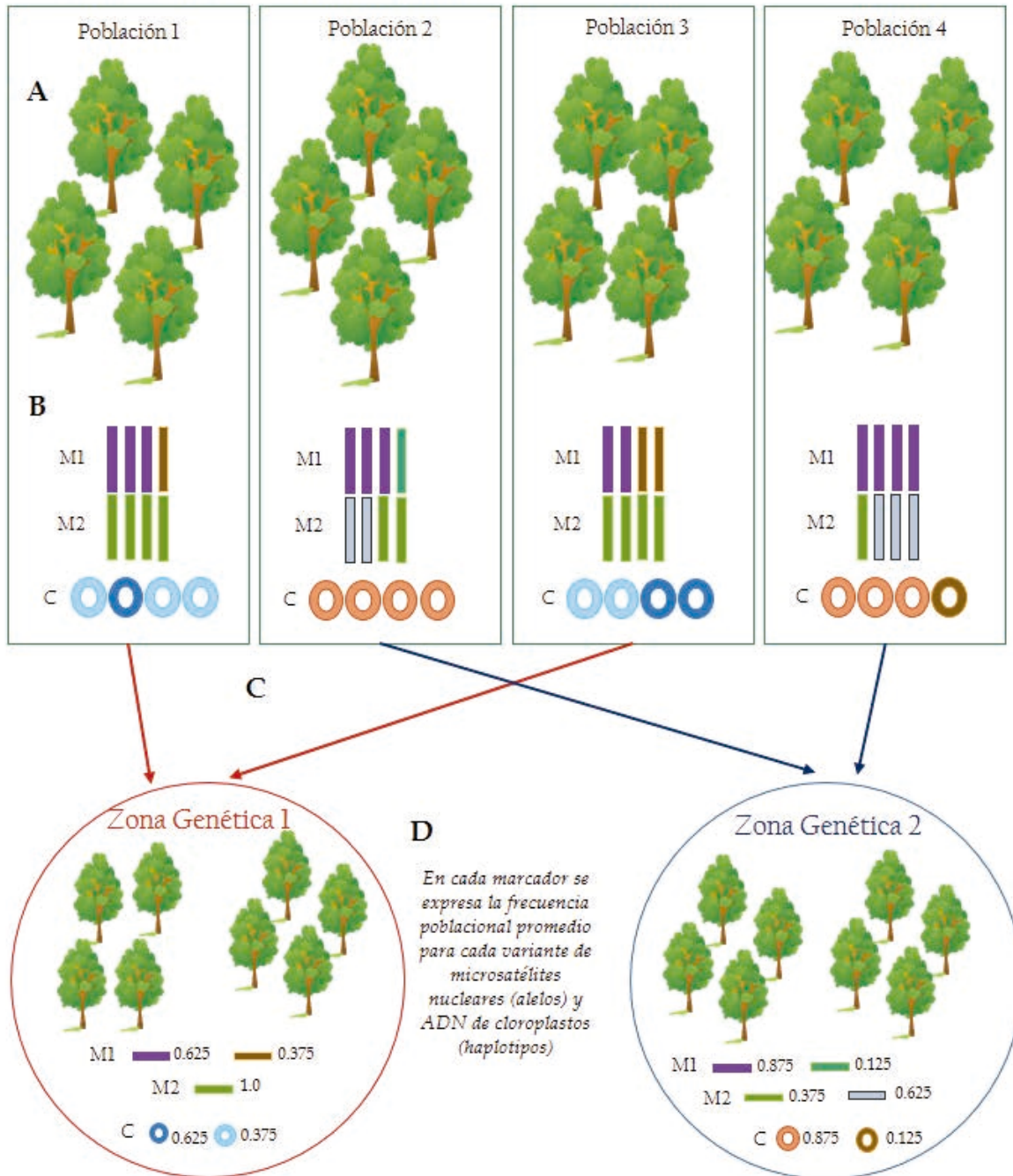
## Esquema conceptual de la definición de Zonas Genéticas

A- Muestreo de poblaciones: recolección de material vegetal de poblaciones naturales (se las indica con la misma cantidad de individuos para mostrar que se logra la representatividad de cada bosque con el muestreo)

B- Procesamiento en Laboratorio: Identificación de variantes genéticas en marcadores moleculares nucleares (M) y del cloroplasto (C).

C- Análisis de datos genéticos: interpretación de las variantes encontradas y frecuencia de aparición en cada población. Agrupamiento estadístico.

D- Definición de Zonas Genéticas: principalmente asistida por marcadores moleculares, resguardando la correspondencia geográfica de los patrones genéticos revelados.



extremos, invasiones biológicas) que pongan en riesgo su constitución.

De esta manera las variantes de ADN que estudiamos se denominan **marcadores genéticos**, y representan a nivel poblacional características de sus individuos. Los marcadores poseen diversas propiedades, entre ellas la posibilidad de estar afectados por la acción de la selección natural. La acción directa de la selección sobre una región específica del ADN, incide sobre la performance individual (por ejemplo, éxito reproductivo) ya que determina el nivel de adaptación del individuo en su ambiente. Contrariamente, existen otras regiones del ADN que no se ven afectadas por la selección, pero que brindan información sobre la historia demográfica de la población. En este caso se habla de **marcadores neutros**, utilizados frecuentemente para identificar tipo y número de variantes genéticas con una correspondencia geográfica. La disposición de esa variabilidad intrínseca en el conjunto de poblaciones de una especie es lo que se conoce como estructura genética. La definición de ZG está basada en la diversidad y estructura genética en marcadores neutros definidos para la especie.

### ¿POR QUÉ ES IMPORTANTE DEFINIR ZONAS GENÉTICAS?

El comportamiento individual ante estímulos externos puede condicionar la permanencia y supervivencia de una planta. En ocasiones estas respuestas surgen como una adecuación a un determinado factor que cambia en el tiempo o el espacio (por ejemplo, estableciendo un gradiente), y es lo que denominamos **plasticidad fenotípica**. Es decir existe naturalmente cierto grado de ajuste del fenotipo de los individuos en relación a las condiciones ambientales donde están vegetando.

Alternativamente, esa respuesta puede tener una base genética producto de una interacción histórica de los organismos con su ambiente, y es lo que llamamos **adaptación**. Es deseable respetar estos procesos cuando se proponen unidades genéticas y evitar consecuencias desfavorables. Por ejemplo,

se ha observado una amplia variación en la apertura de yemas de poblaciones de lenga procedentes de su rango actual de distribución, sugiriendo una base genética para esta respuesta (Torres *et al.*, 2017). Si la brotación está determinada genéticamente, introducir individuos procedentes de sitios de brotación temprana (por ejemplo, procedencia norte) en sitios donde ocurren heladas tardías de primavera (por ejemplo, ubicados en latitudes australes), expondría las yemas al riesgo de muerte apical y condicionaría la supervivencia de la plantación. Las decisiones de manejo fundadas en unidades genéticas definidas para una especie, conllevan ventajas prácticas y operativas a considerar, que aseguren el éxito de la inversión realizada.

Las zonas genéticas constituyen un primer paso hacia la definición de **Unidades de Manejo (UM)**, que además de conservar variantes de significancia evolutiva (ESU por su sigla en inglés, Crandall *et al.*, 2000; de Guia & Saitoh, 2007) y por ende relativos a la historia de vida de una especie, aseguran la viabilidad ecológica de las poblaciones y la adaptabilidad a nivel local. El objetivo final de las **UM** es el de conservar entidades ecológicas lo suficientemente importantes como para representar los procesos genéticos ocurridos en el corto y largo plazo (Fraser & Bernatchez, 2001). Es necesario entonces sumar a los marcadores genéticos neutros la evaluación de caracteres adaptativos para que dicha zonificación de los recursos genéticos conduzca a las **Regiones de Procedencia (RP)**. Definidas las RPs es posible certificar el origen del material, conforme se establece que dentro de una RP es segura la transferencia de semillas y además no existirían riesgos de **mala adaptación**.

En la actualidad contamos con una clasificación en unidades operativas de manejo basada en criterios genéticos, en tres especies forestales nativas en Argentina: *Austrocedrus chilensis* (ciprés de la Cordillera) (Pastorino *et al.*, 2015), *Nothofagus nervosa* (raulí) y *Nothofagus obliqua* (roble pellín) (Azpilicueta *et al.*, 2016). Por medio de este manual sumamos a estos antecedentes la definición de zonas genéticas en *Nothofagus pumilio* (lenga) y *Nothofagus antarctica* (ñire) para su distribución

en Argentina (36°-55° S). Destacamos la relevancia de estos aportes al conocimiento científico-técnico, con una definición de unidades superadora, no estrictamente basada en características ambientales (condiciones climáticas, edáficas, topográficas) que limitarían a una transferencia de material entre sitios con condiciones similares (de modo análogo al método divisivo en Regiones de Procedencia; ver como ejemplo Johnson *et al.*, 2004; McKenney *et al.*, 2009). Bajo este “modelo ambiental” de divisibilidad se corre el riesgo de subestimar la impronta genética de los individuos en cada sitio y, por consiguiente, la historia de vida de las poblaciones.

En *Nothofagus pumilio* avanzaremos en el mediano plazo hacia la definición de Regiones de Procedencia, ya que contamos con un muestreo adicional de poblaciones nativas y una incipiente evaluación en caracteres cuantitativos relevantes (fenología, crecimiento).



## LAS ESPECIES

Carolina Soliani, Fernando Umaña, Paula Marchelli

## CARACTERÍSTICAS ECOLÓGICAS

*Nothofagus pumilio* (lenga) (Poepp. & Endl.) Krasser y *Nothofagus antarctica* (ñire) (G. Forster) Oerster son **especies endémicas** de los **Bosques Templados** de América del Sur (Figura 1). Su distribución natural en Argentina y Chile corresponde mayoritariamente a la Cordillera de los Andes, desde los 36° S hasta los 55° S. Además están presentes en la Cordillera de la Costa (Nahuelbuta) y la Depresión Central en Chile (Veblen *et al.*, 1996). Son los *Nothofagus* sudamericanos de mayor distribución geográfica, y sus bosques más extensos se encuentran en Chubut y Tierra del Fuego. Paradójicamente en estas provincias un bajo porcentaje de superficie boscosa está incluida dentro de algún sistema de protección nacional o provincial (Chauchard *et al.*, 2012). En Neuquén y Río Negro el porcentaje de bosques protegidos en Parques Nacionales o Reservas es superior. No obstante, han sido históricamente aprovechadas, **lenga** es la segunda especie maderable más explotada en el país, y **ñire** la más utilizada como leña en la región patagónica.

En Patagonia, los bosques de lenga y ñire están asociados a clinas ambientales. Las variables climáticas claves que determinan estos gradientes a lo largo de la latitud, la longitud y la altitud, son la temperatura, las precipitaciones y la radiación (fotoperíodo). Estas especies son tolerantes al frío y soportan amplias condiciones de pluviometría, distribuyéndose incluso en zonas xéricas extremas como la estepa patagónica. Ñire muestra la mayor plasticidad fenotípica dentro del género *Nothofagus* (Ramírez *et al.*, 1997). En relación a la altitud ambas especies desarrollan diferentes morfotipos, condicionados a restricciones climáticas. A menor altitud

## BOSQUES NATIVOS

1.595.661 ha

Bosques de Lenga en Argentina\*

864.148ha

Bosques de Ñire en Argentina\*

28.000 M3/AÑO MADERA ASERRADA  
DE LENGA (TIERRA DEL FUEGO-2013)†Superficies incluidas en PN y  
Reservas (Neuquén y Río  
Negro)2.200km  
extensión  
latitudinal

45%

Fuente: \*CIEFAP, MAyDS (2016); †Secretaría de Desarrollo Local y PyMEs, Pcia. de Tierra del Fuego (2013)

crecen como árboles, superando los 35 m de altura en los buenos sitios (Tortorelli, 1956) en el caso de lenga, mientras que a mayor altitud, donde la temperatura es menor, la irradiación más alta y la persistencia de hielo y nieve más prolongada, vegetan como arbustos (achaparrado y *krummholz*). Asimismo, un morfotipo camefítico (*ñadi*) se ha descrito en ñire para individuos que habitan zonas de turberas o mallines inundables.

Lenga y ñire se reproducen sexualmente a través de fecundación cruzada. Sin embargo, ambas especies también tienen la capacidad de reproducirse vegetativamente a partir de rebrote de cepa (Ramírez *et al.*, 1997; Premoli & Steinke, 2008). Esta capacidad es particularmente extendida en ñire, sugiriéndose como una pre-adaptación a regímenes recurrentes de disturbios, como fuegos. La dispersión del polen y de las

semillas es a través del viento y en distancias cortas (Rusch, 1993), con eventuales eventos de dispersión a larga distancia. Los híbridos entre ambas especies que naturalmente se producen por cruzamiento inter-específico, poseen características intermedias.

La producción de semillas es muy irregular de una temporada a la siguiente, siendo los años donde mayor producción se registra (*masting*) aquellos en donde el porcentaje de germinación y viabilidad también son superiores (Donoso, 1993). Las semillas de estos *Nothofagus* tienen una etapa

de viabilidad reducida, no forman bancos de semillas persistentes (Cuevas & Arroyo, 1999) y el reclutamiento y sobrevivencia de las plántulas suele ser escaso en el bosque natural (ej. Cuevas, 2000). La dinámica de la regeneración de sus bosques responde a dos tipos de procesos: los disturbios a gran escala, que resultan en el reemplazo de rodales completos (ej. remoción en masa en laderas abruptas), y la dinámica de claros, que ocurre con la caída de árboles sobremaduros y supone un reclutamiento masivo de plántulas con la apertura del dosel (Veblen *et al.*, 1996; Donoso, 2006).

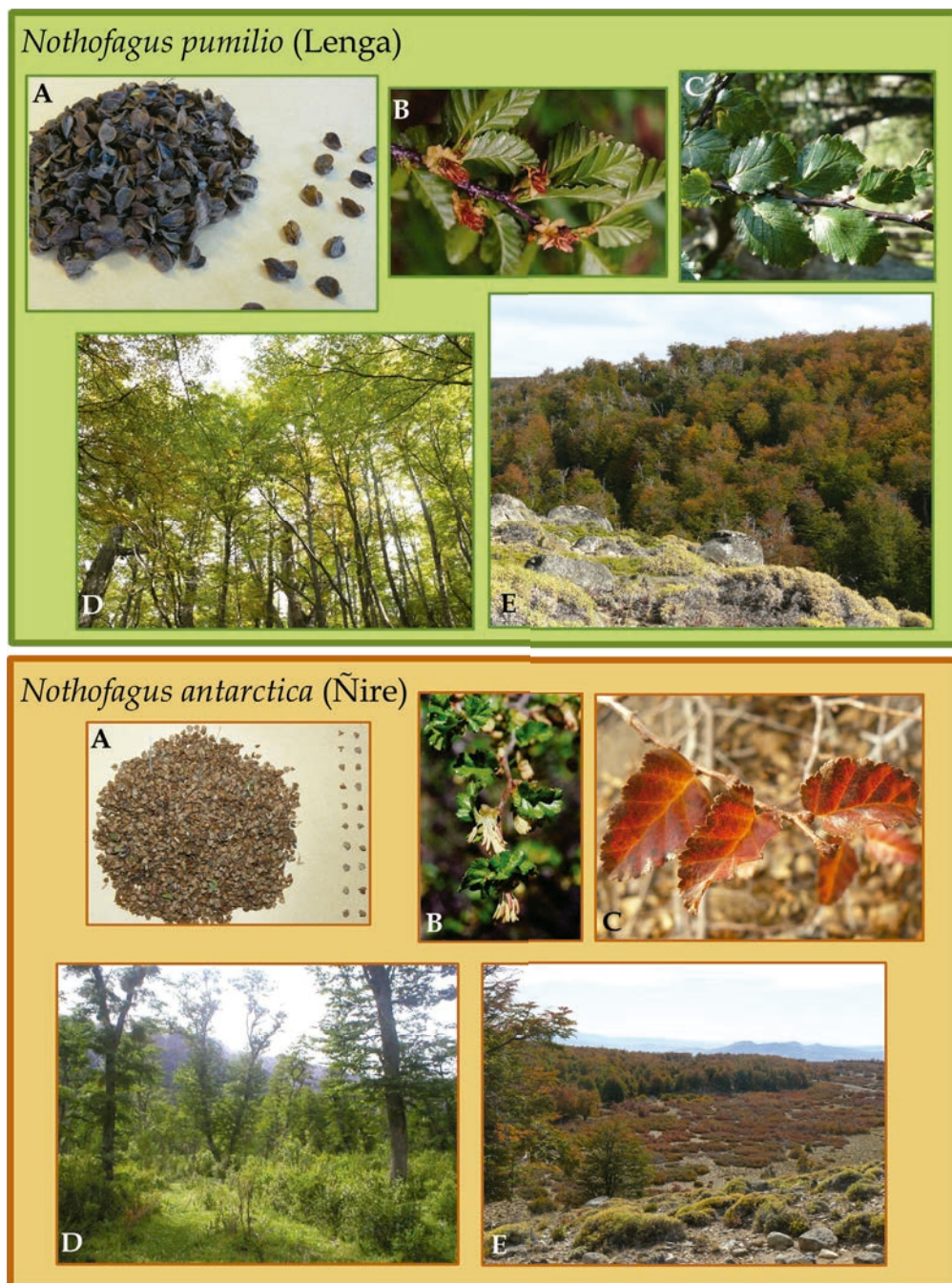
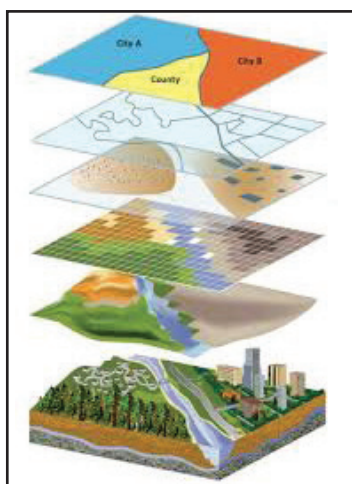


FIGURA 1. Fotografías de las especies ilustrando sus semillas (A), flores masculinas (B), hojas (C), porte arbóreo (D), bosque en paisaje (E). (B) Obtenidas de Giménez Gowland (2002). (D) en ñire, cedida por V. Rusch.

## MAPAS DE DISTRIBUCIÓN<sup>1</sup>

### INTERPRETACIÓN DE INFORMACIÓN

Este trabajo se desarrolló en el Laboratorio de Teledetección y SIG de la Estación Experimental Agropecuaria de INTA, en San Carlos de Bariloche. Se utilizaron una serie de recursos para **mapear la cobertura de vegetación** sobre la cual se definirían las zonas genéticas. El primer paso consistió en la elaboración de un mapa topográfico de base, a partir del modelo digital de terreno provisto por el Instituto Geográfico Nacional (IGN). En este mapa se incorporaron capas de información hidrográfica (ríos y lagos), de caminos (rutas nacionales y provinciales), de áreas protegidas nacionales y provinciales y de curvas de nivel (100m de equidistancia).



Los mapas resultantes se verificaron utilizando imágenes *landsat*, *spot* en distintos momentos del año, de tipo Bing de alta resolución (desde el complemento Web de Quantum gis) y a partir de fotografías tomadas a campo en los sitios de muestreo. De esta manera fue posible constatar presencia/ausencia en la distribución de las especies y en los casos necesarios re-definir los límites de los polígonos.

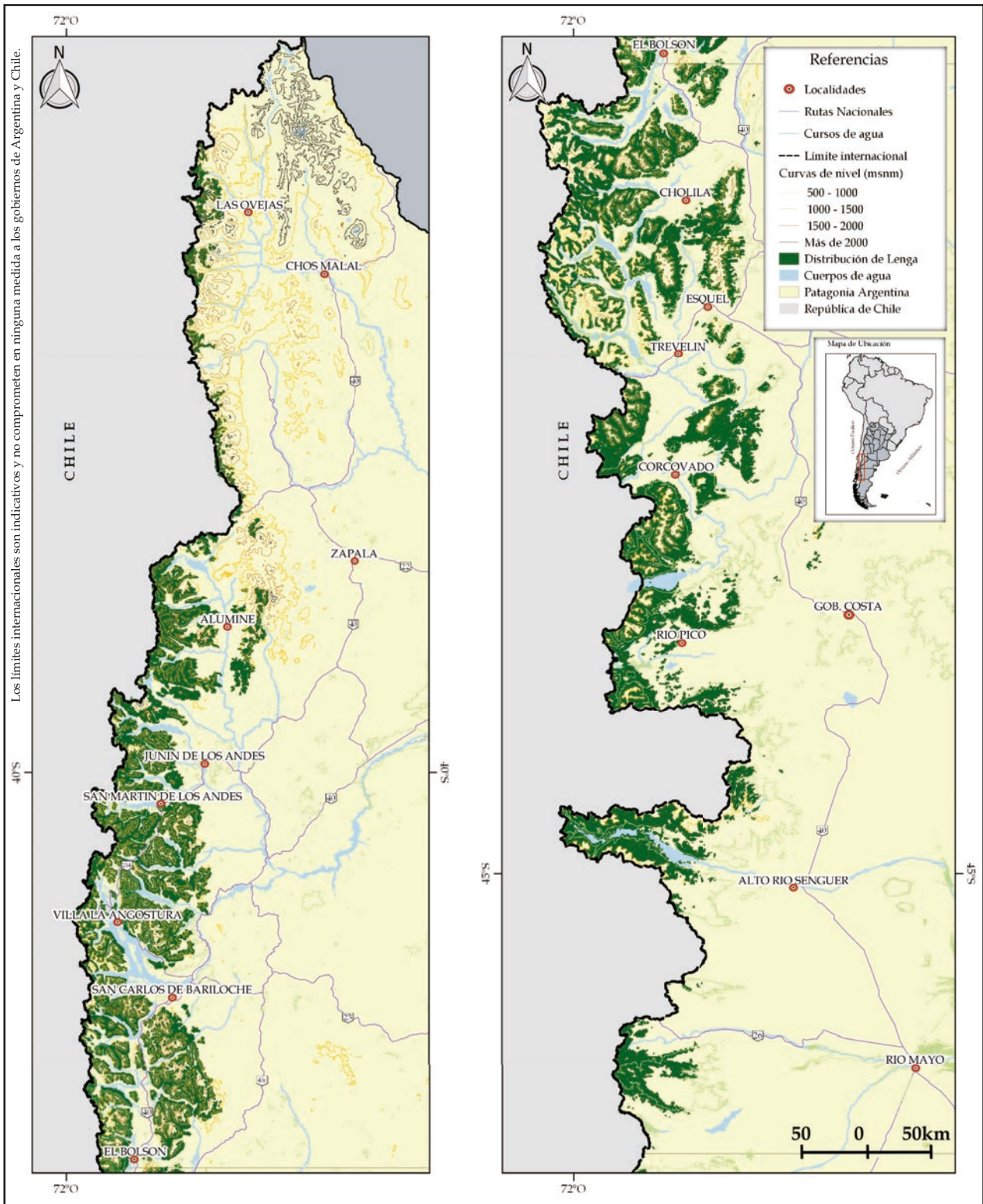
A continuación se muestran los mapas de cobertura de vegetación de lenga (Mapa A1, A2) y de ñire (Mapa B1, B2) para su distribución argentina.

Posteriormente, para cada especie se elaboraron las **capas de cobertura de vegetación** considerando el Inventario Nacional de Bosques Nativos en su Informe Regional Bosque Andino Patagónico (SAyDS, 2002), el Mapa de la Eco-Región Valdiviana (INTA, APN, Uach, FVSA, WWF 2000), y la información aportada por técnicos de organismos de conservación y gestión de bosques (desde puntos GPS de árboles individuales hasta capas/polígonos de vegetación), como la Subsecretaría de Bosques de la Provincia de Chubut.

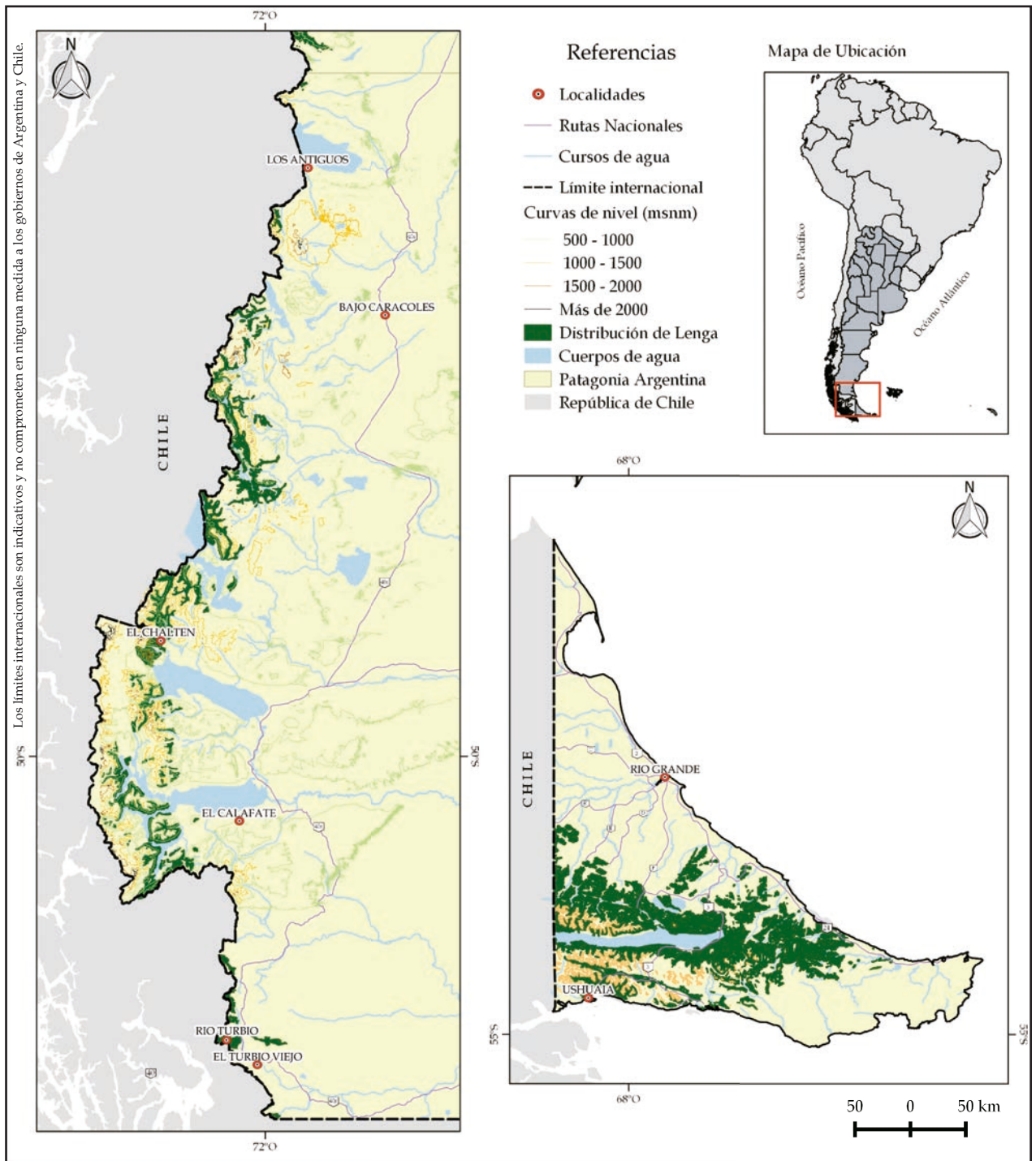


<sup>1</sup> Esta sección contiene imágenes obtenidas de internet: <http://norbertomollo.blogspot.com.ar/2011/>; <http://www.di-geo.com/>; <https://www.dreamstime.com>.

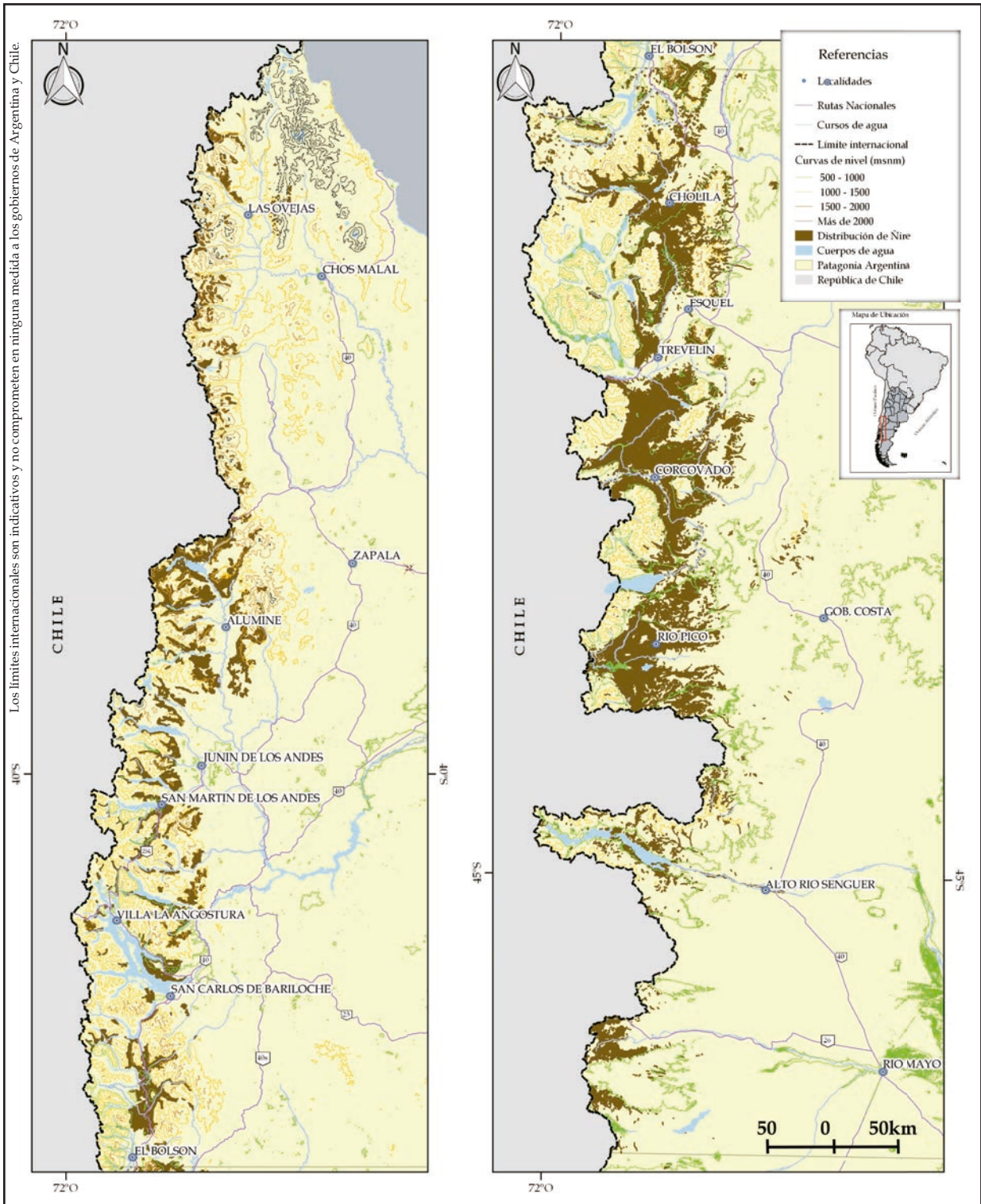




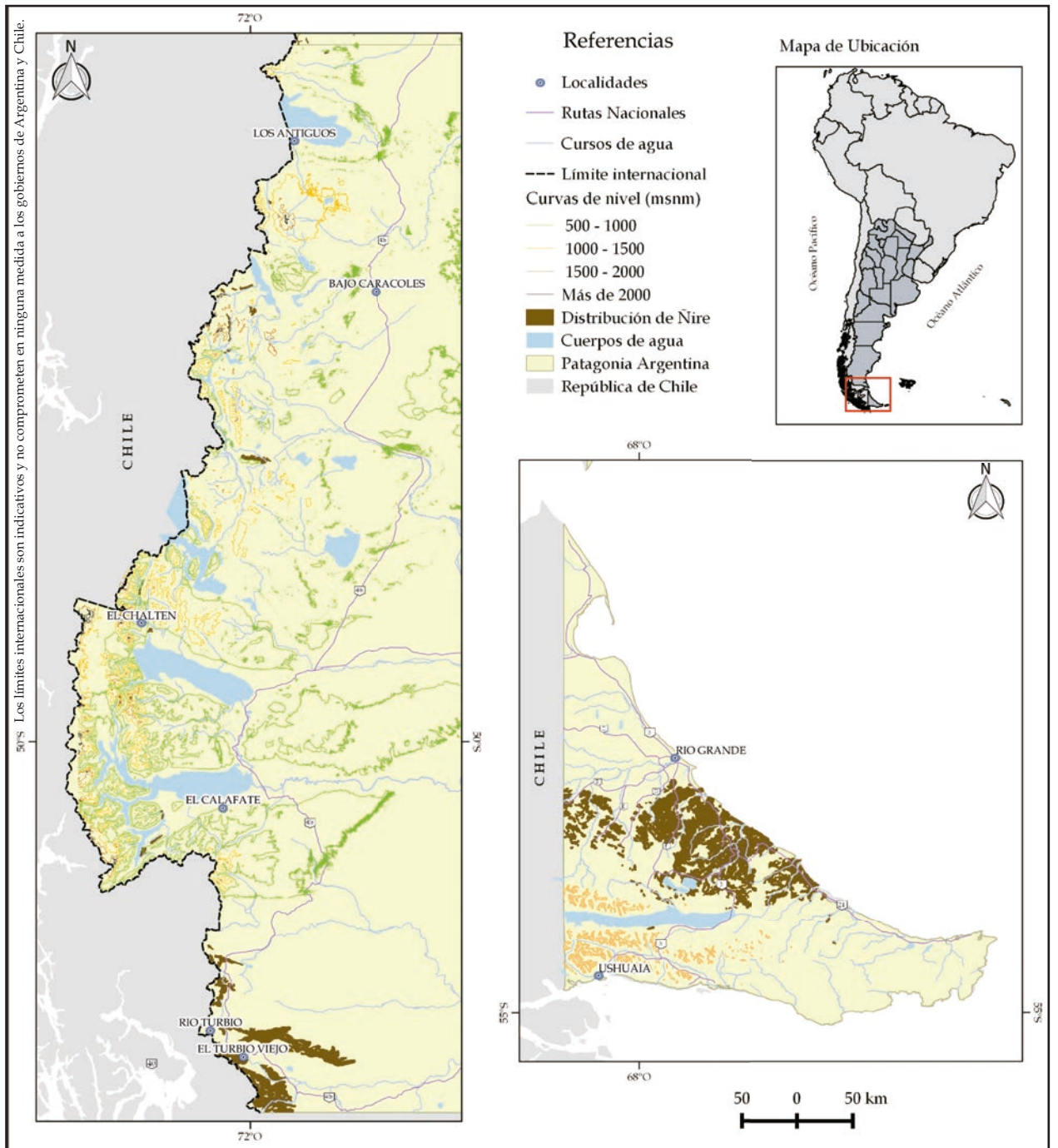
Mapa A1: Distribución natural de la especie *Nothofagus pumilio* (lenga) entre las latitudes 36° S - 46° S.



Mapa A2: Distribución natural de la especie *Nothofagus pumilio* (lenga) entre las latitudes 46° S - 55° S.



Mapa B1: Distribución natural de la especie *Nothofagus antarctica* (ñire) entre las latitudes 36° S - 46° S.



Mapa B2: Distribución natural de la especie *Nothofagus antarctica* (ñire) entre las latitudes 46° S - 55° S.

## LOCALIZACIÓN GEOGRÁFICA DE LAS POBLACIONES OBJETO DE ESTUDIO

Se muestrearon poblaciones en todo el rango de distribución natural de las especies, entre los 36° S y 55° S. En la Provincia de Santa Cruz las poblaciones cosechadas subrepresentan la distribución total de sus bosques, por lo que en relación a estos sitios se definió una única zona genética de manera preliminar.

En cada población se colectó material vegetal para el análisis de laboratorio, de al menos 30 árboles y distanciados como mínimo a 50 metros. De esta manera se logra una buena

representatividad de la variabilidad genética de la población. En la Tabla 1 reportamos la identificación y localización de las poblaciones (latitud, longitud y altitud) muestreadas en cada provincia, desde Neuquén a Tierra del Fuego. Los puntos que representan la localización geográfica de las poblaciones consideradas en el estudio se grafican en los mapas de zonas.

TABLA 1. Localización geográfica de poblaciones de *Nothofagus pumilio* y *Nothofagus antarctica* consideradas en este manual.

Especie	Población	N°	ID	Provincia	Latitud (S)	Longitud (O)	Altitud (m s.n.m)
<i>Nothofagus pumilio</i> (lenga)	Lagunas de Epulauquen	1	E	Neuquén	36°50'	71°06'	1528
	Caviahue	2	Cav	Neuquén	37°51'	71°05'	1500
	Tromen	3	Tr	Neuquén	39°35'	71°28'	1750
	Quilanlahue	4	Q	Neuquén	40°08'	71°29'	1722
	Valle del Challhuaco	5	V	Rio Negro	41°15'	71°17'	1180
	Lago Villarino	6	LV	Chubut	42°40'	71°37'	1000
	Huemules	7	Hm	Chubut	42°50'	71°29'	1200
	La Hoya	8	H	Chubut	42°50'	71°16'	1400
	Arroyo Guanacos	9	AG	Chubut	42°50'	71°16'	1100
	Laguna La Zeta	10	LZ	Chubut	42°50'	71°18'	1000
	C° Nahuelpan	11	Np	Chubut	42°59'	71°11'	1050
	Trevelin	12	Te	Chubut	43°04'	71°35'	1200
	Sierra Colorada	13	SC	Chubut	43°12'	71°20'	1050
	Lago Baguilt	14	Ba	Chubut	43°16'	71°35'	1100
	Lago Engaño	15	Eg	Chubut	43°50'	71°35'	970
	Lago Guacho	16	G	Chubut	43°49'	71°30'	1200
	José San Martín	17	JSM	Chubut	43°50'	70°45'	1356
	Río Pico	18	RP	Chubut	44°02'	71°26'	1000
	Las Mulas este	19	Me	Chubut	44°20'	71°09'	1050
	Las Mulas oeste	20	Mo	Chubut	44°20'	71°12'	1100
	Lago Fontana este	21	Fe	Chubut	44°51'	71°21'	1000
	Lago Fontana	22	F	Chubut	44°50'	71°38'	974
	Río Unión	23	U	Chubut	44°51'	71°39'	954
	Arroyo Perdido	24	AP	Chubut	44°50'	71°42'	950
	Cancha Carrera	25	CC	Santa Cruz	51°13'	72°16'	557
	Mina I	26	MI	Santa Cruz	51°31'	72°21'	557
	Tierra del Fuego Norte	27	TF1	Tierra del Fuego	54°05'	68°32'	196
	Tierra del Fuego Centro	28	TF2	Tierra del Fuego	54°22'	67°16'	173
	Tierra del Fuego Este	29	TF3	Tierra del Fuego	54°35'	66°37'	113

Especie	Población	N°	ID	Provincia	Latitud (S)	Longitud (O)	Altitud (m s.n.m)
<i>Nothofagus antarctica</i> (ñire)	Roblecillos	30	R	Neuquén	36°40'	70°48'	1400
	Lagunas de Epulauquen	31	E	Neuquén	36°49'	71°06'	1500
	Caviahue	32	CAV	Neuquén	37°50'	71°01'	1750
	Tromen	33	Tr	Neuquén	39°36'	71°27'	1722
	Quilanlahue	34	Q	Neuquén	40°08'	71°28'	1180
	Lago Correntoso	35	Co	Neuquén	40°38'	71°39'	850
	Paso Córdoba	36	C	Neuquén	40°39'	71°09'	850
	Valle del Challhuaco	37	V	Río Negro	41°14'	71°17'	1084
	Lago Guillermo	38	Gu	Río Negro	41°25'	71°29'	850
	El Foyel	39	Fo	Río Negro	41°40'	71°29'	750
	Cuesta del Ternero	40	CT	Río Negro	41°57'	71°22'	800
	Cholila	41	Ch	Chubut	42°32'	71°32'	560
	Huemules	42	Hm	Chubut	42°49'	71°28'	1000
	La Hoya	43	H	Chubut	42°51'	71°16'	1200
	Futalaufquen	44	Fu	Chubut	42°56'	71°35'	850
	C° Nahuelpan	45	Np	Chubut	42°59'	71°11'	950
	Trevelin	46	Te	Chubut	43°04'	71°34'	900
	Lago Engaño	47	Eg	Chubut	43°51'	71°33'	937
	Lago Guacho	48	G	Chubut	43°50'	71°27'	1180
	José San Martín	49	JSM	Chubut	43°50'	70°45'	1267
	Lago Fontana	50	F	Chubut	44°51'	71°38'	955
	Río Unión	51	U	Chubut	44°51'	71°39'	930
	Arroyo Perdido	52	AP	Chubut	44°50'	71°42'	950
	Cancha Carrera	53	CC	Santa Cruz	51°13'	72°16'	557
	Mina I	54	MI	Santa Cruz	51°31'	72°21'	557
	Tierra del Fuego Norte	55	TF1	Tierra del Fuego	54°04'	68°32'	196
	Tierra del Fuego Centro	56	TF2	Tierra del Fuego	54°22'	67°16'	173
	Tierra del Fuego Este	57	TF3	Tierra del Fuego	54°35'	66°37'	113



## ZONAS GENÉTICAS: HERRAMIENTAS METODOLÓGICAS Y DEFINICIÓN

Carolina Soliani, Fernando Umaña, Leonardo Gallo, Paula Marchelli

### ASPECTOS METODOLÓGICOS

La propuesta de zonificación genética presentada en este manual surge de integrar la información proveniente de diversos marcadores del ADN, en cada población. Cada tipo de marcador aporta evidencias para responder a interrogantes asociados a procesos ocurridos en una determinada escala espacial y temporal. Esto resulta particularmente relevante en organismos longevos como los árboles, ya que no sólo nos remitimos a lo ocurrido durante las últimas generaciones, sino que además en las variantes de su ADN hay registros de eventos muy antiguos, por ejemplo relativos a las últimas eras glaciares.

Establecimos como primer nivel de análisis la variabilidad encontrada con **microsatélites** nucleares, por ser marcadores muy polimórficos y que aportan información sobre los eventos demo-estocásticos ocurridos recientemente. Al ser de herencia biparental reflejan el intercambio genético mediado tanto por el polen como por las semillas. En segundo lugar, ponderamos resguardar en cada zona definida, la variación en el **ADN de cloroplastos**, es decir las variantes de orden ancestral registradas en las especies. Por último, sólo en el caso de ñire, se consideró la variación de marcadores iso-enzimáticos como una fuente adicional de información. Los **patrones genéticos emergentes** de este análisis se consolidaron en un agrupamiento ajustado a minimizar las diferencias entre las poblaciones asignadas a una zona. Finalmente, fue preciso tomar decisiones adicionales de divisibilidad, acordes a la distribución real de los bosques en el terreno. En orden de prioridad, de más importante a menos importante, consideramos: *a*) la discontinuidad natural en la distribución de la especie; *b*) la presencia de barreras

topográficas como un cordón montañoso (crítico en la conectividad de dos poblaciones de ñire aisladas por este accidente geográfico), un extenso valle (crítico en la conectividad de dos poblaciones de lenga aisladas por este accidente geográfico), o un lago; *c*) una región no muestreada en este estudio. Estos criterios de divisibilidad son acordes a la presencia (putativa) de una barrera al flujo de genes de una zona a otra y, por lo tanto, es adecuado establecer el límite en ese punto.

### MARCADORES MOLECULARES EMPLEADOS

#### MARCADORES DEL ADN NUCLEAR

Los **microsatélites** son repeticiones continuas de un motivo o arreglo particular del ADN, que ocurren en alta frecuencia en el genoma de todos los seres vivos. Se localizan especialmente en regiones no codificantes (aquellas que no se traducen a una proteína) y se consideran selectivamente **neutros**, es decir que no ofrecen información sobre el grado de adaptación de un individuo a su ambiente. Por su conformación, son secuencias inestables con una tasa de cambios alta. Esta rápida evolución a nivel molecular resulta en un **elevado polimorfismo**.

En el laboratorio, analizamos las variantes (en número de repeticiones) de microsatélites en los árboles de cada población. Sobre el total de marcadores estudiados se estiman medidas de diversidad genética intra-poblacional y divergencia (o disimilitud) inter-poblacional. El grado de aislamiento o conectividad puede estar influenciado por barreras topográficas (por ejemplo un río, una montaña), o biológicas (por ejemplo, desfase en la floración), que impiden o favorecen el



movimiento efectivo de polen y semillas, o sea los vectores de la dispersión de los genes en estas especies. Resulta apropiado, por este motivo, analizar la disposición geográfica de la variación genética encontrada, es decir determinar la estructura genética que revelan los marcadores. Utilizando algoritmos de tipo Bayesiano traducimos esta información en la conformación de grupos (*clustering*) (Figura 2).

## MARCADORES DE ADN DE CLOROPLASTOS

Localizados en regiones variables y no-codificantes del **cloroplasto**, estos marcadores se consideran selectivamente **neutros**. Dada su evolución lenta se utilizan para inferir el efecto de factores modeladores históricos de la estructura genética, como por ejemplo las glaciaciones pleistocénicas. Por ser generalmente de herencia uniparental en plantas, particularmente materna en angiospermas como los *Nothofagus*, su estudio permite el “**rastreo genético**” del movimiento de las semillas, constituyendo un indicio de la ruta de colonización efectiva de un sitio por parte de una especie.

En Patagonia, el **Último Máximo Glaciar** (UMG) se registró alrededor de 18,000-20,000 años AP; a partir de relevamientos estratigráficos fue posible reconstruir el avance de los hielos sobre el continente (Glasser *et al.*, 2008). Los lugares que permanecieron en ese entonces libres de hielo, y donde actualmente existen bosques, constituyeron refugios para la vegetación convirtiéndose, algunos de ellos, en los centros de expansión luego del retraimiento de los glaciares. Dadas estas características, en estos sitios es probable el hallazgo de una alta diversidad genética. Estudiando las variantes de regiones específicas del ADN de cloroplastos, es posible definir lo que se conoce como **haplotipo**: una combinación particular de los cambios registrados en una cantidad definida de posiciones del ADN. La identificación de haplotipos y el registro de sus frecuencias resultan del número de individuos analizados en cierta cantidad de poblaciones. Al igual que con microsatélites, se obtiene un valor de diversidad genética para cada una.

Identificamos un total de 9 haplotipos en lenga y 13 en ñire, con una clara

correspondencia geográfica asociada a la distribución en la latitud (Soliani *et al.*, 2012). Identificamos poblaciones con alta diversidad genética, a las que referimos como potenciales **refugios glaciarios** para las especies.

## MARCADORES BIOQUÍMICOS MOLECULARES

Las **isoenzimas** son variantes funcionalmente similares de una misma enzima, con un sustrato en común, pero que difieren en su movilidad electroforética (cuando se les aplica un campo eléctrico y son atraídas por uno de sus polos). Esto permite la detección de **alelos**, es decir diferentes formas moleculares de la misma proteína, que se presentan en los individuos de una misma población (Azofeifa-Delgado, 2006). Son marcadores de tipo codominante, es decir que en organismos diploides típicos, como la mayoría de los árboles, estamos considerando la contribución materna y paterna al genotipo en cuestión. Los genotipos de dos sistemas isoenzimáticos en 12 poblaciones de ñire (Pastorino *et al.*, 2009), permitieron identificar una discontinuidad genética en sentido latitudinal (norte-sur), y definir el límite entre dos zonas.



FIGURA 2. Obtención de datos genéticos desde el muestreo de material vegetal (A), su procesamiento en el laboratorio (B) y la detección de variantes genéticas (C), al análisis y la caracterización de patrones emergentes (D).

## ELABORACIÓN DE LOS MAPAS DE ZONAS GENÉTICAS

Se elaboraron mapas individuales por zona y por especie. La interpretación y procesamiento de imágenes satelitales se desarrolló con los programas Quantum Gis (métodos vectoriales y *raster*) y Erdas Imagine 9.2 (*layer stack, subset image*). Se generaron archivos con capas vectoriales (herramienta *polyline - Qgis*), donde se reconocieron los polígonos correspondientes a la distribución de la vegetación de cada zona, que se corrigieron con un comprobador de topología, con el complemento Open Layer Plugins de Qgis. Se logró una escala de digitalización entre 1:10.000 y 1:5.000. En cada mapa se interpuso la digitalización del avance del último máximo glaciario y se identificaron las poblaciones de muestreo.

## DEFINICIÓN DE ZONAS GENÉTICAS

### NOTHOFAGUS PUMILIO

**ZG Norte** Comprende las masas boscosas ubicadas entre los 36,49° S, coincidente con el límite norte en la distribución de la especie, hasta los 38,88° S donde el Lago Aluminé produce una importante discontinuidad en la presencia de la especie. Hacia el Oeste el límite de la zona coincide con el límite Internacional Argentina-Chile, y hacia el este está dado por la distribución natural de la especie (Mapa I). Es característico en estas latitudes la fragmentación y distribución discontinua de la especie. Incluye los bosques localizados en las Áreas Naturales Protegidas Lagunas de Epulauquen y Caviahue, cuyas poblaciones (Tabla 2) se destacan por presentar haplotipos únicos de ADN de cloroplastos (uno de ellos exclusivo de la especie), interpretados como un indicio de refugio glaciario.

**ZG Central** Se trata de la ZG más extensa. En sentido latitudinal comprende los bosques localizados en varias cuencas lacustres desde el centro de Neuquén hasta el norte de Chubut, incluyendo los lagos Aluminé, Quillén, Huechulafquen, Lácar, Trafal, Nahuel Huapi, Mascardi, Puelo y Cholila, entre los más importantes. El límite sur de esta zona es coincidente con la divisoria de Regiones de Procedencia del Ciprés (Pastorino *et al.*, 2015) y

con una ingresión glaciaria, por lo que podría tener implicancias históricas (Mapa II). Hacia el Oeste el límite de la zona coincide con el límite Internacional Argentina-Chile, hacia el este está dado por la distribución natural de la especie. En la Cuenca Lácar (población Quilanlahue) se registró a nivel de ADN de cloroplastos la presencia de 3 haplotipos diferentes y alta diversidad genética. Este resultado constituye un indicio de la permanencia de la especie en un refugio o, alternativamente, la recolonización del sitio desde varias fuentes y/o rutas migratorias. Independientemente de la verdadera razón de la alta diversidad registrada, este es un sitio prioritario para la conservación de los recursos genéticos de la especie.



Las zonas Norte y Central representan al linaje materno Norte por su variación en marcadores del cloroplasto.

**ZG Esquel** Está circunscripta a la provincia de Chubut, comprendiendo los bosques situados en los cordones montañosos Leleque, Esquel, Rivadavia, Situación y de las Pirámides, así como los parches de bosques sobre el Cerro Nahuelpan. El límite Norte es el Valle del Río Cholila y el Lago homónimo. El límite Este corresponde a la distribución natural de la especie, mientras que el Sur es el Valle del Río Futaleufú o Grande (Mapa III). En esta zona encontramos una particular variación en marcadores microsatélites en la población Huemules, ubicada sobre el cordón Rivadavia, sugiriendo la necesidad de definirla como una sub-zona (ver Mapa III). De requerir una intervención, este sitio debería ser idealmente restaurado o enriquecido con semilla de procedencia local.

**ZG del Vintter** Esta zona incluye las cuencas lacustres de los lagos Guacho, del Engaño y Vintter, de la Provincia de Chubut (Mapa IV). En esta zona se encuentra la población con distribución más xérica registrada para la especie, José de San Martín (longitud 70° O). El límite Norte corresponde al valle del Río Corcovado y el límite sur está marcado por el Valle del Río Pico, que se ubica en el centro de una lengua glaciaria que durante el UMG

se extendía en sentido oeste – este. El límite oeste coincide con la frontera internacional Argentina-Chile y el este con la distribución natural de la especie.

#### DATO PRELIMINAR

La evaluación de caracteres cuantitativos (crecimiento inicial) en plántulas de Lengua (Mondino, 2014) reveló diferencias significativas entre las poblaciones de las zonas Esquel y Vintter.

La incidencia de la selección natural en este patrón de variación, sugiere el reconocimiento de al menos dos Regiones de Procedencia para la especie.

A nivel genético, la población localizada sobre la margen sur del Lago Guacho presentó niveles de diversidad genética altos para los marcadores microsatélites.

La procedencia J. S. Martín es un bosque marginal y aislado del resto del continuo boscoso de la Cordillera. Se registraron diferencias en caracteres adaptativos en individuos de esta procedencia (Mondino, 2014). Es recomendable considerar a J. S. Martín como una sub-zona (ver Mapa IV) dentro de la ZG del Vintter, hasta tanto se complete la definición de RPs para la especie.

**ZG Alto Rio Senguer** Incluye a los bosques ubicados al sur del valle del Río Pico y hasta el límite provincial con Santa Cruz, donde se da una importante discontinuidad en la masa boscosa. Comprende la cuenca lacustre Fontana-La Plata (Mapa V). Hacia el este sus bosques se caracterizan por la fragmentación y discontinuidad, mientras que hacia el oeste las masas boscosas están consideradas dentro de las más prístinas, con alto valor paisajístico y de interés turístico.

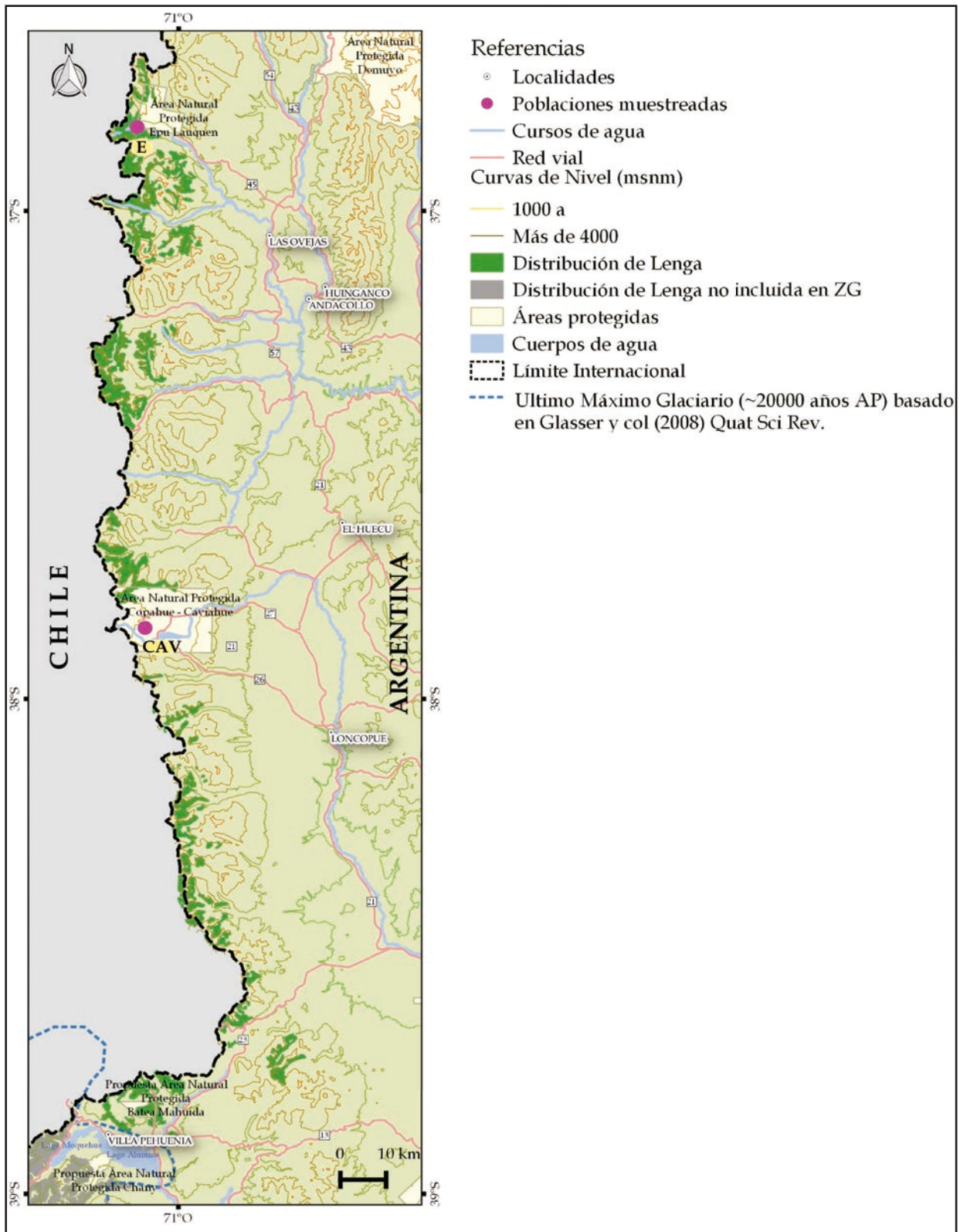
**ZG Sur** Comprende los fragmentos de bosques localizados al sur-oeste de la provincia de Santa Cruz, incluyendo los sitios Cancha Carrera y Mina I (Mapa VI). Los marcadores microsatélites revelaron que existen diferencias genéticas respecto del resto de las poblaciones analizadas, lo que sumado al aislamiento geográfico, sustenta la definición de la zona.

**ZG Tierra del Fuego** Comprende a las tres poblaciones muestreadas en la Isla de Tierra del Fuego (Mapa VII), ya que el análisis de agrupamiento para marcadores microsatélites las ubica en un mismo grupo. La población TF2 presentó una alta diversidad genética, con la presencia de 3 haplotipos diferentes, en marcadores del cloroplasto. Sus características genéticas y el aislamiento geográfico respecto de otros sitios, justifican circunscribir acciones de manejo dentro de la procedencia y considerarla como una sub-zona.

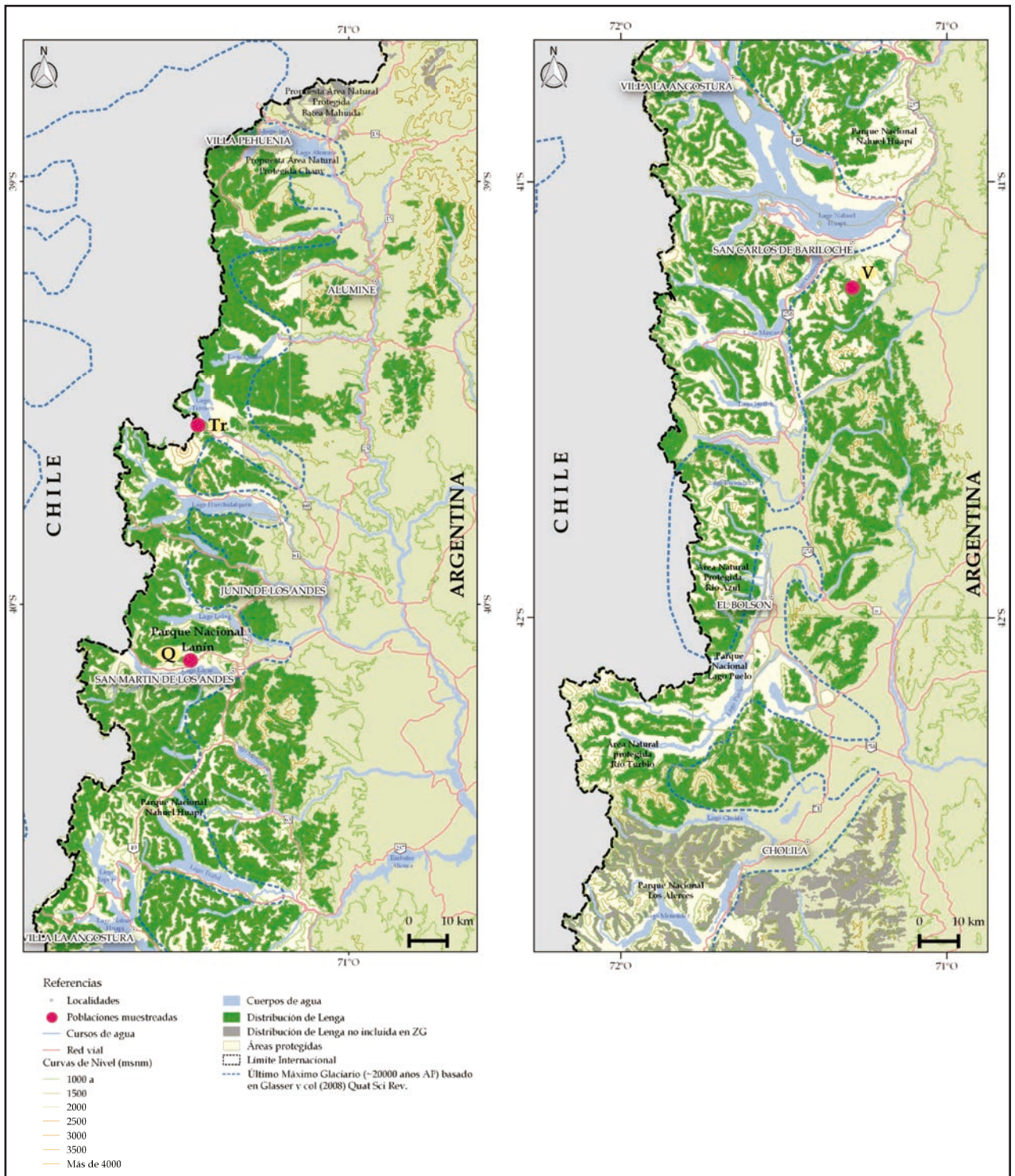


—  
*La presencia de variantes del ADN de cloroplastos correspondientes al linaje materno sur, caracterizan a las ZG ubicadas entre los 42° 50' y 55° S.*

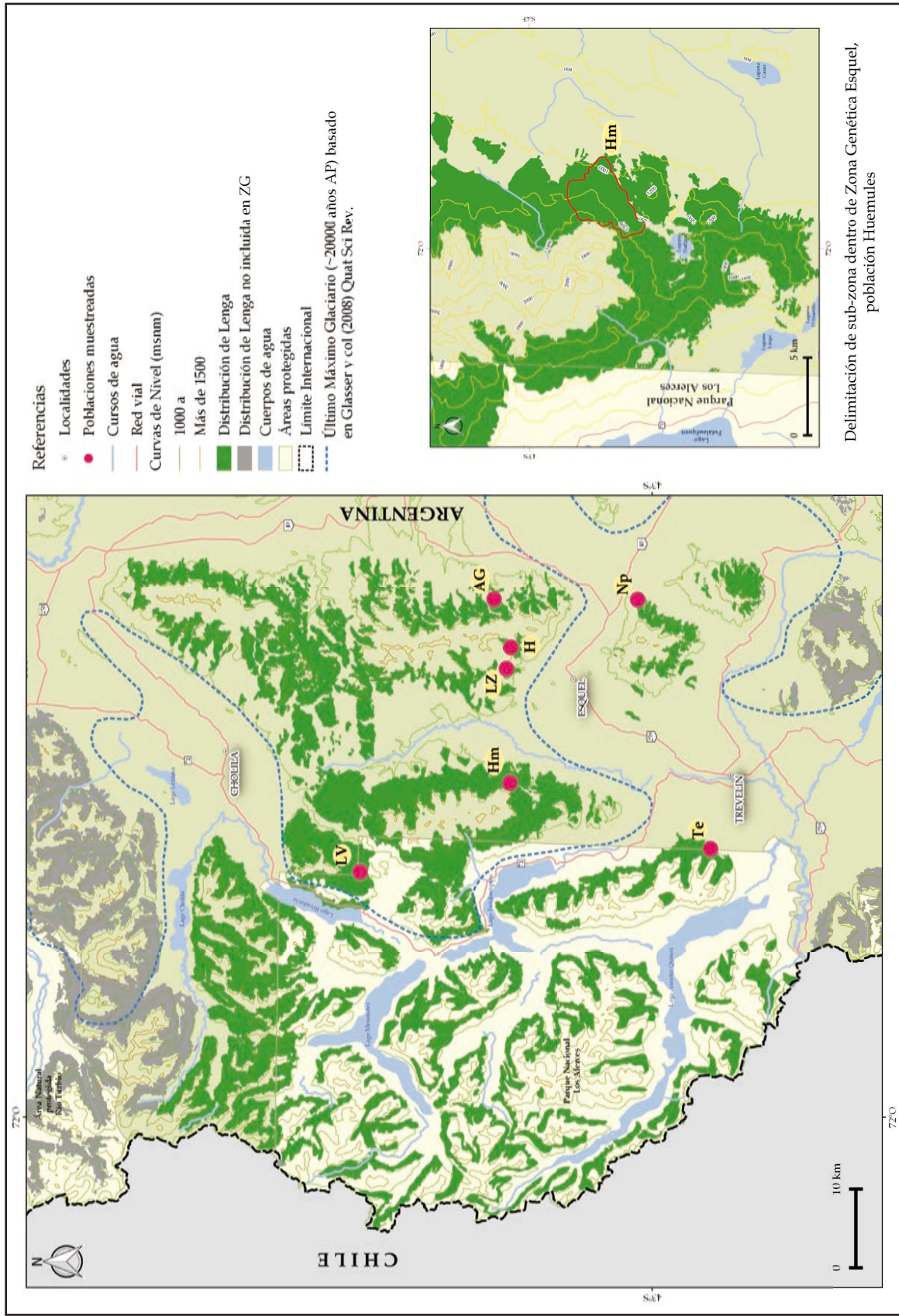
*Se definen de esta manera dos **Unidades Evolutivas Significativas** diferentes, una de linaje materno norte y otra sur.*  
—



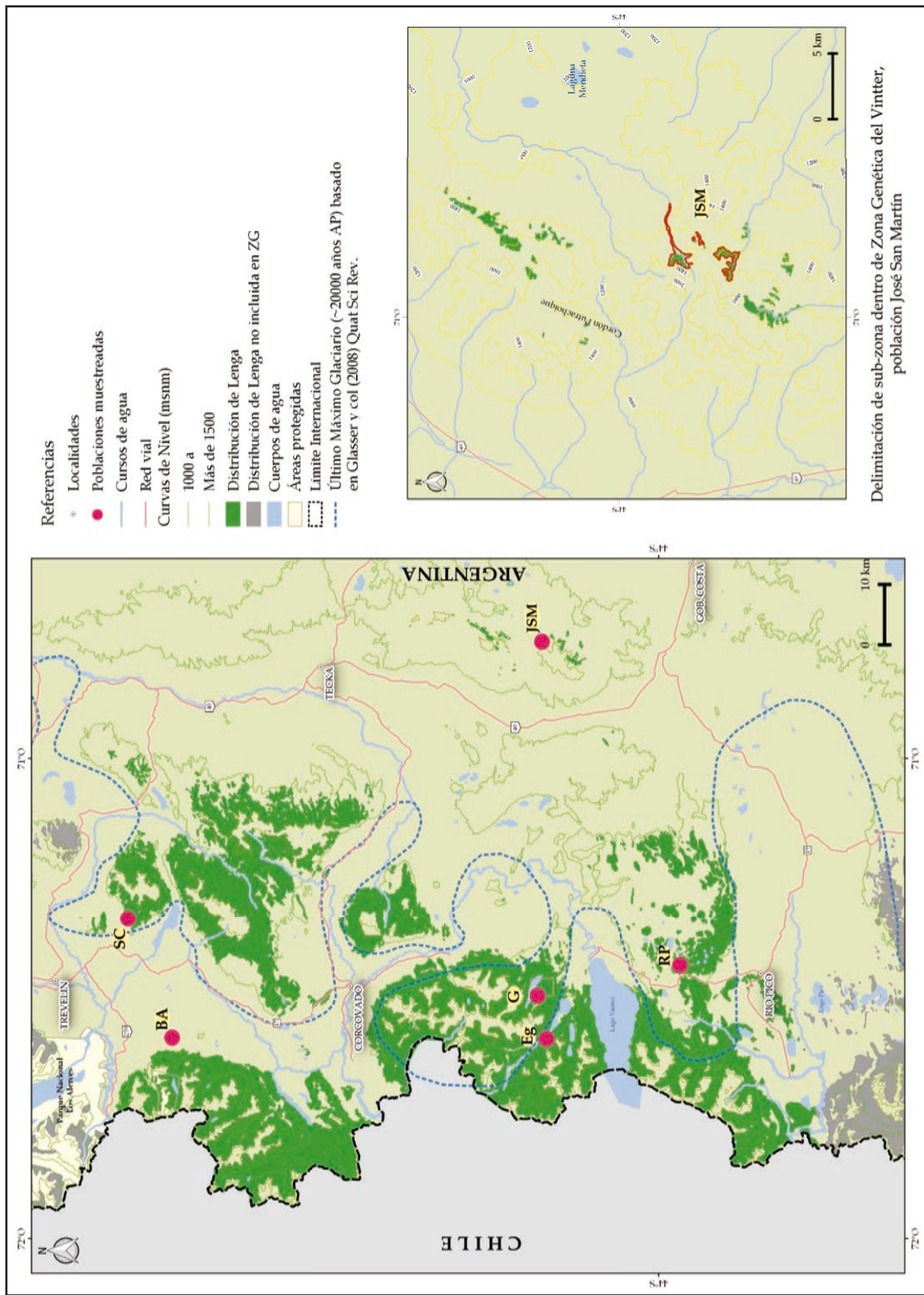
Mapa I: Distribución de la especie *Nothofagus pumilio* (lenga) comprendida en la Zona Genética Norte.



Mapa II: Distribución de la especie *Nothofagus pumilio* (lenga) comprendida en la Zona Genética Central.

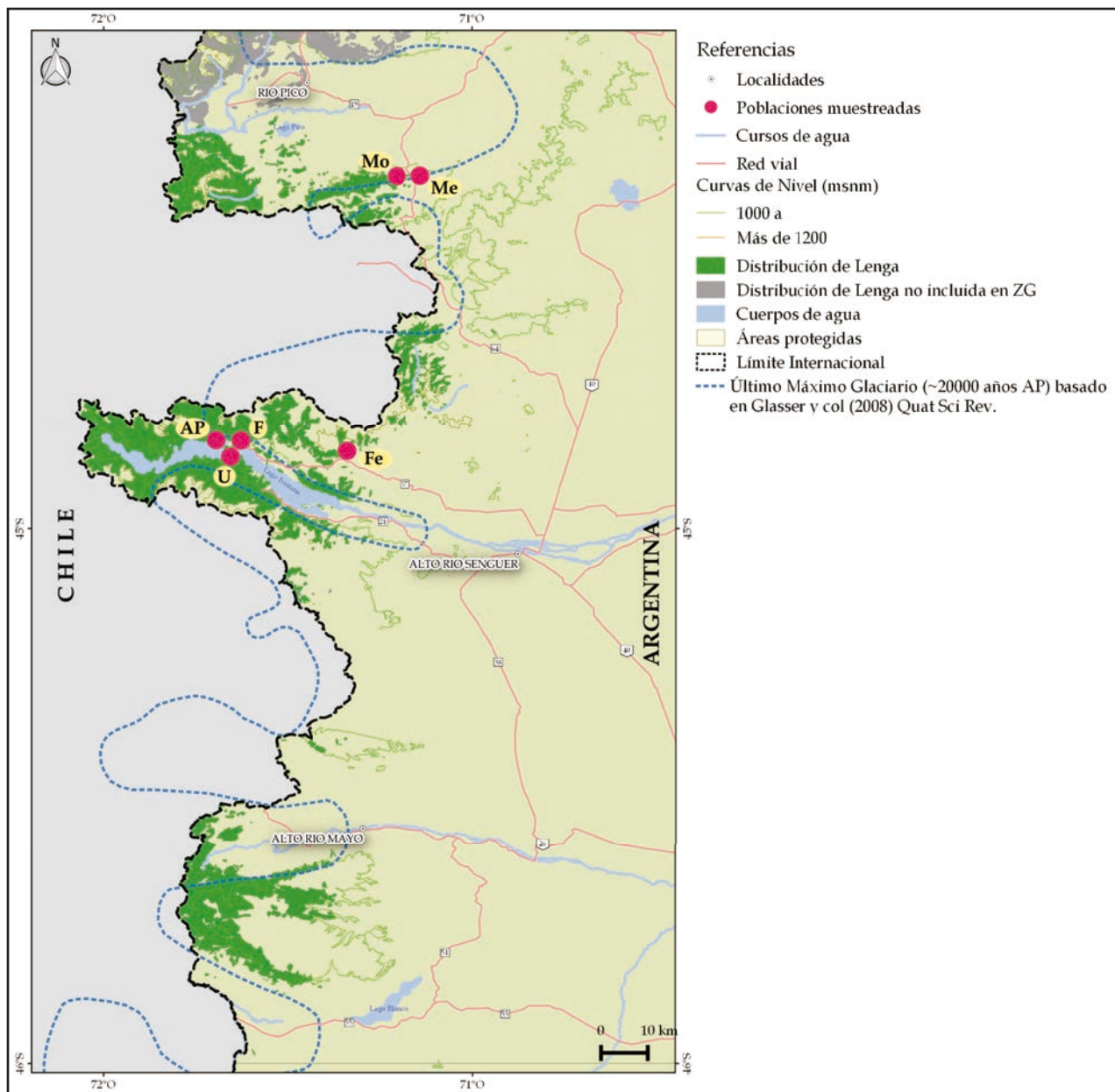


Mapa III: Distribución de la especie *Nothofagus pumilio* (lenga) comprendida en la Zona Genética Esquel. En el recuadro se muestra un detalle de la subzona genética que incluye.

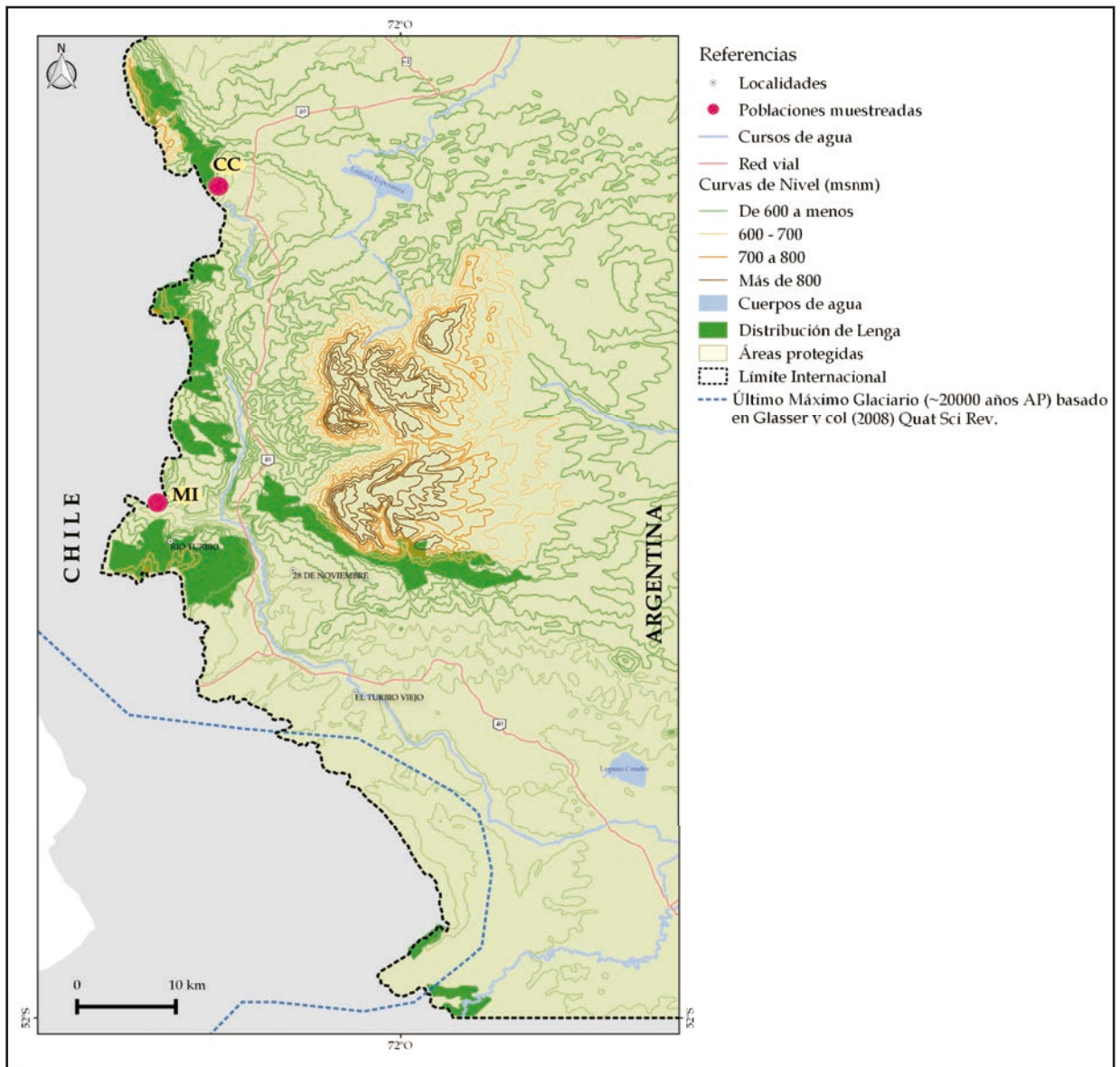


Mapa IV: Distribución de la especie *Nothofagus pumilio* (tenga) comprendida en la Zona Genética Del Vintter. En el recuadro se muestra un detalle de la subzona genética que incluye.

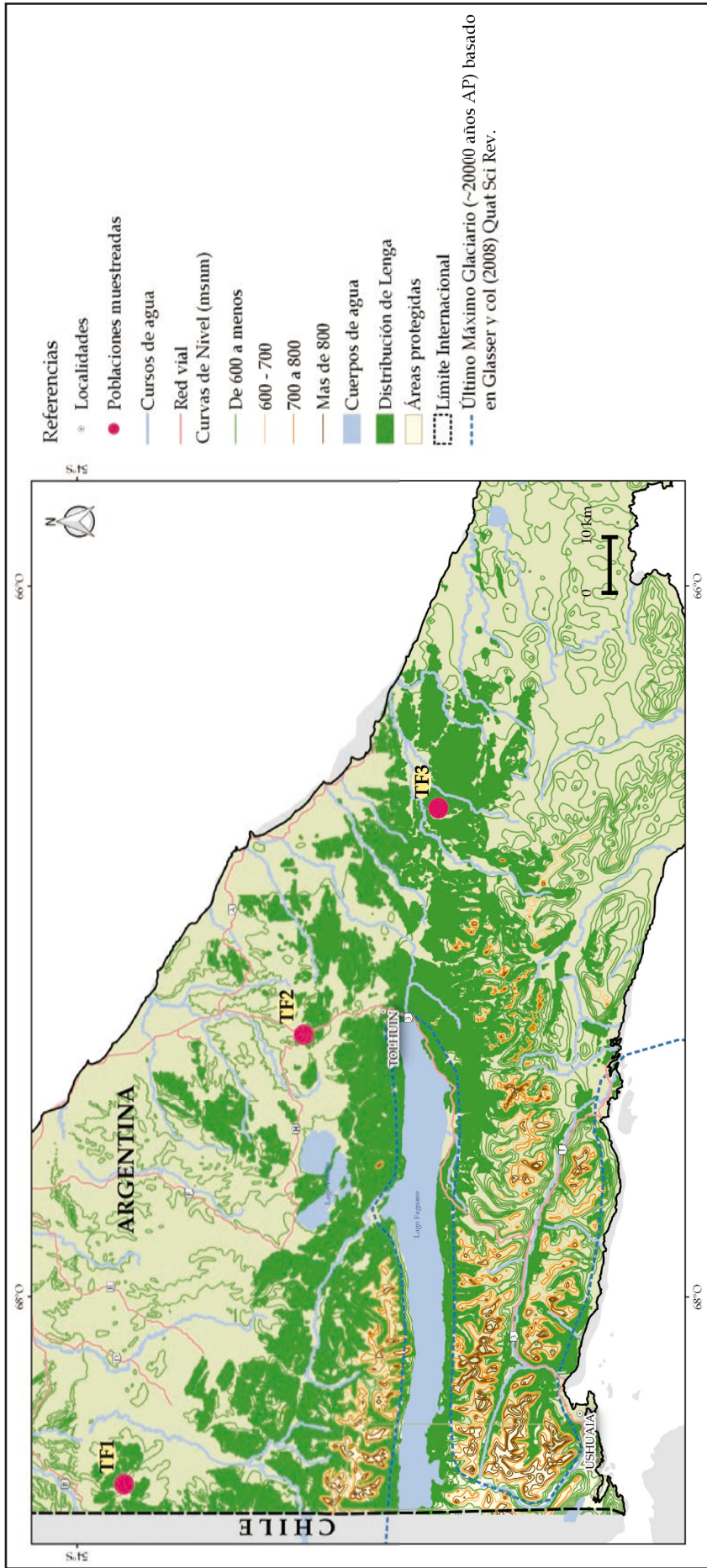




Mapa V: Distribución de la especie *Nothofagus pumilio* (lenga) comprendida en la Zona Genética Alto Rio Senguer.



Mapa VI: Distribución de la especie *Nothofagus pumilio* (lenga) comprendida en la Zona Genética Sur.



Mapa VII: Distribución de la especie *Nothofagus pumilio* (lenga) comprendida en la Zona Genética Tierra del Fuego. La subzona genética que incluye esta representada por la población TF2.

## NOTHOFAGUS ANTARCTICA

**ZG Norte** Comprende las masas boscosas ubicadas entre los 36,49° S, coincidente con el límite norte en la distribución de la especie, hasta los 38,66° S donde se presenta una importante discontinuidad de las masas boscosas. Hacia el Oeste el límite de la zona coincide con la frontera internacional entre Argentina-Chile, y hacia el este está dado por la distribución natural de la especie, siendo los bosquetes de la Cordillera del Viento los más orientales (Mapa VIII). Es característico en estas latitudes la fragmentación de los bosques, siendo la distribución de la especie muy discontinua. En esta zona se encuentran las poblaciones Lagunas de Epulauquen y Caviahue (Tabla 2), que se destacan por presentar haplotipos únicos de ADN de cloroplastos, un indicio de constitución de refugio glaciario para la especie.

**ZG Tromen** Comprende los bosques localizados entre las cuencas lacustres correspondientes a los Lagos Aluminé - Moquehue y Tromen, incluyendo las cuencas Ñorquinco y Quillén y las masas boscosas entre ellos comprendidas (Mapa IX). El volcán Lanín y el Lago Huechulafquen constituyen límites topográficos que se traducen en esta latitud en una cierta discontinuidad de los bosques de ñire. Se propone la línea de división sobre el Lago, dejando su margen norte hacia la ZG Tromen y la margen sur hacia la ZG Central. Hacia el Oeste el límite de la zona coincide con el límite Internacional Argentina-Chile, y hacia el este está dado por la distribución natural de la especie. La población muestreada Tromen (Tabla 2), que se diferencia de las poblaciones septentrionales en su variación a nivel de microsátelites nucleares, posee además un haplotipo de ADN de cloroplastos fijado y representa el límite latitudinal norte-sur para la variación a nivel de marcadores isoenzimáticos (Pastorino *et al.*, 2009).

**ZG Central** Es la zona genética más extensa para la especie (Mapa X). Comprende los bosques ubicados entre las latitudes 39,7° S y 41° S que incluyen las cuencas lacustres Huechulafquen, Lolog, Lácar, Trafal, Nahuel Huapi y Cholila, y el gran manchón boscoso de los alrededores de la localidad de El Foyel.

Hacia el sur, se separa de la siguiente ZG por una línea diagonal de dirección NE - SO que atraviesa los valles ocupados por praderas y sauces correspondientes al Arroyo Las Nutrias, el Lago Pellegrini, el Río Blanco y el Río Carrileufú hasta su desembocadura en el Lago Rivadavia. Hacia el Oeste el límite de la zona coincide con el límite Internacional Argentina-Chile, y hacia el este está dado por la distribución natural de la especie.



El hallazgo de dos haplotipos de ADN de cloroplastos, uno de linaje Norte y otro de linaje Sur, en una misma población (Cholila) representa en esta zona un punto de **encuentro de rutas migratorias post-glaciarias.**

**ZG Chubut Este** Está circunscripta a los bosques localizados en los cordones montañosos Esquel y Rivadavia, y los ubicados alrededor de los Lagos Rivadavia y Futalaufquen. El límite occidental para esta zona es coincidente con el máximo avance glaciario durante el UMG (Glasser *et al.*, 2008; Mapa XI), lo que supone que estos rodales de ñire no fueron alcanzados por los hielos que avanzaron sobre el continente en estas latitudes. Hacia el este el límite para la zona está dado por la distribución natural de la especie e incluye múltiples fragmentos de bosques que siguen los pequeños valles de dirección oeste - este sobre la vertiente oriental del Cordón Esquel. Hacia el sur el límite de la ZG corresponde al valle estepario sobre el que se encuentra la ciudad de Esquel y que separa a los cordones Esquel y Rivadavia del Cerro Nahuelpan. También este límite austral es coincidente con la línea del UMG.

**ZG del Río Grande** Comprende a los bosques de ñire localizados en los alrededores de la ciudad de Trevelin y la zona sur del Parque Nacional Los Alerces, sobre la margen sur del Lago Futalaufquen. En esta zona están incluidos los bosques de ñire localizados a lo largo del Valle del Río Futaleufú (o Río Grande), y el embalsado Amutui Quimei. Hacia el este contiene a los bosquetes xéricos del Cerro Nahuelpan y el límite de la zona

está dado por la distribución natural de la especie (Mapa XII). El límite sur lo marca la unión de los valles de los ríos Tecka, Huemul y Corcovado, donde se encuentra la ciudad homónima, y es coincidente con la línea del UMG. En la población Trevelin se halló un haplotipo exclusivo de ADN de cloroplastos.

**ZG UMG-E y UMG-O** A diferencia de la zonificación establecida para las primeras cinco ZGs, donde la tendencia del agrupamiento tiene una correspondencia con la latitud, en estas dos zonas se establece una correspondencia con la longitud. Los marcadores genéticos agrupan por un lado a las poblaciones muestreadas Lago Guacho y San Martín (UMG-E) y por otro al Lago del Engaño, Río Unión, Arroyo Perdido y Lago Fontana (UMG-O) (Mapa XIII). Se encontró una correspondencia entre esta división, a partir del análisis molecular, con lo propuesto para el avance de los glaciares durante el último máximo glaciario (línea UMG, Glasser *et al.*, 2008). Los bosques localizados hacia el oeste de esta línea constituyen la UMG-O, cuyo límite oeste es coincidente con el límite internacional Argentina-Chile e incluye la cuenca de los lagos Fontana y La Plata. La UMG-E comprende a los bosques no alcanzados por los hielos durante el UMG, y cuyo límite oriental está dado por la distribución natural de la especie incluyendo el Valle del Río Pico y las poblaciones más xéricas de su distribución.

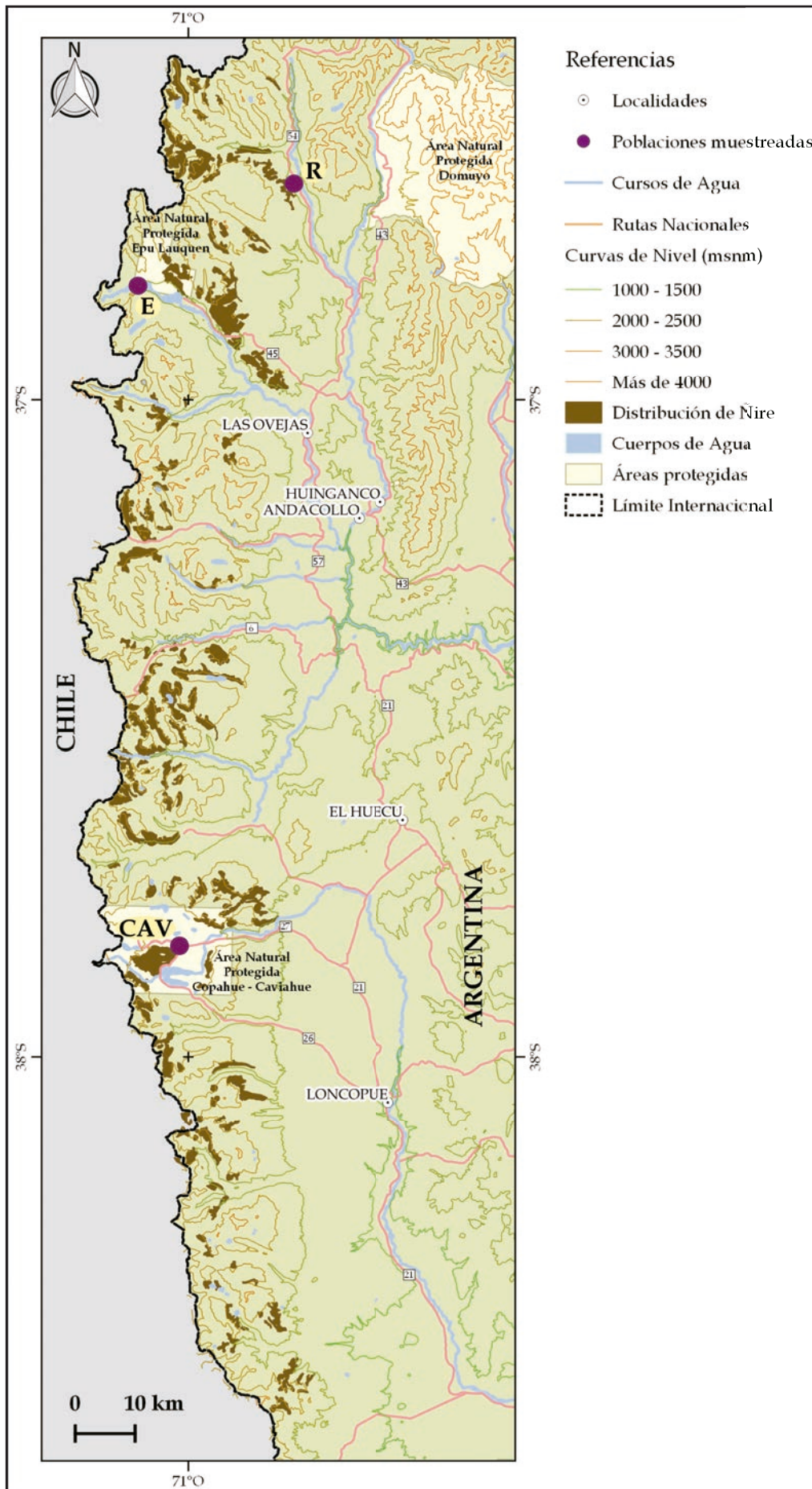


En las zonas genéticas UMG-E y UMG-O se encontraron **haplotipos** de cloroplastos **únicos y exclusivos** de la especie en baja frecuencia, sugiriendo la permanencia de relictos de bosques durante la era glaciaria.

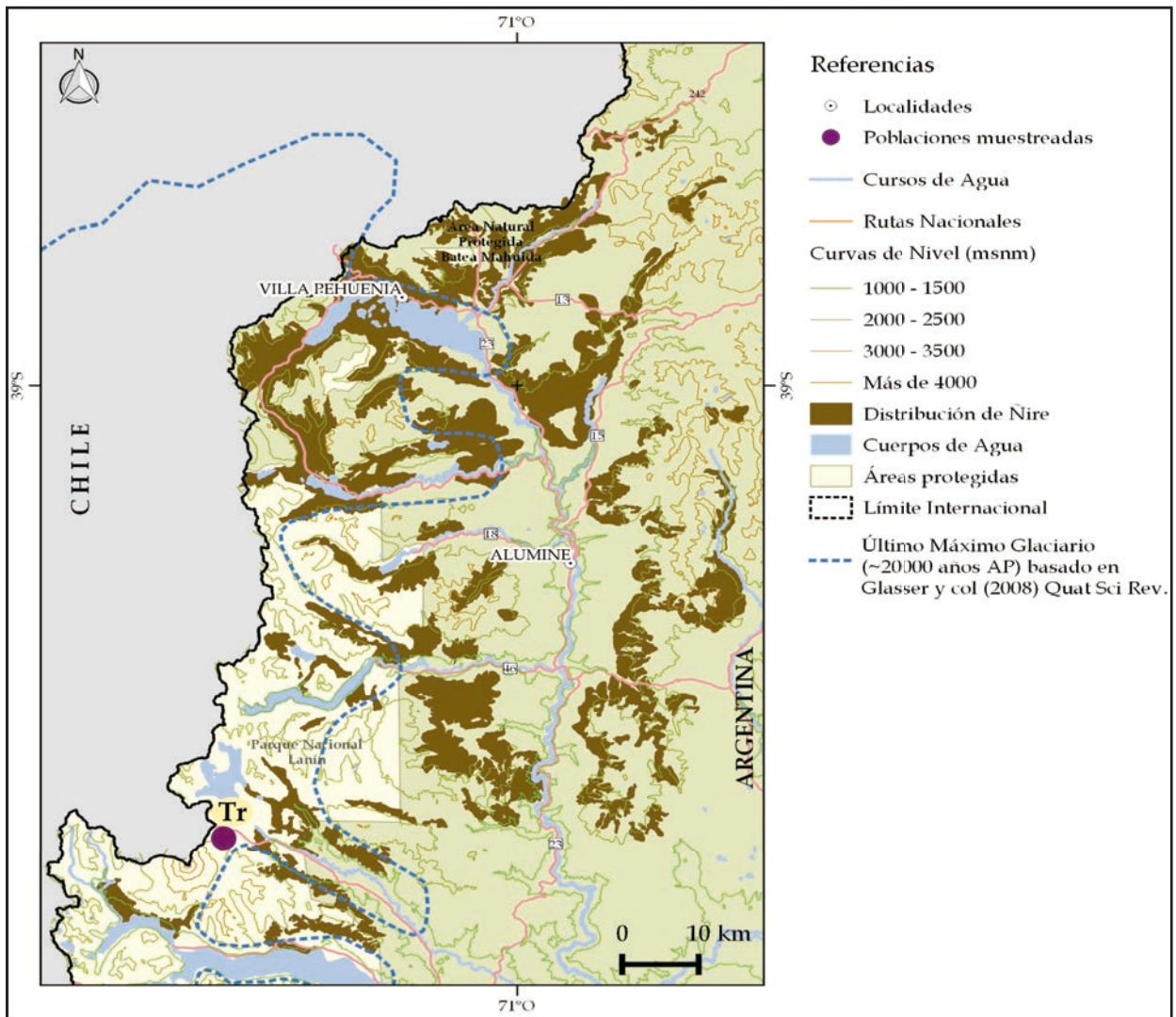
El límite sur para ambas zonas coincide con la división política entre las provincias de Chubut y Santa Cruz.

**ZG Sur** Comprende los fragmentos de bosques localizados en el extremo sur-oeste de la Provincia de Santa Cruz, incluyendo los sitios Cancha Carrera y Mina I (Mapa XIV). Los marcadores microsatélites revelaron que existen diferencias genéticas respecto del resto de las poblaciones, lo que sumado al aislamiento geográfico, sustenta la definición de la zona.

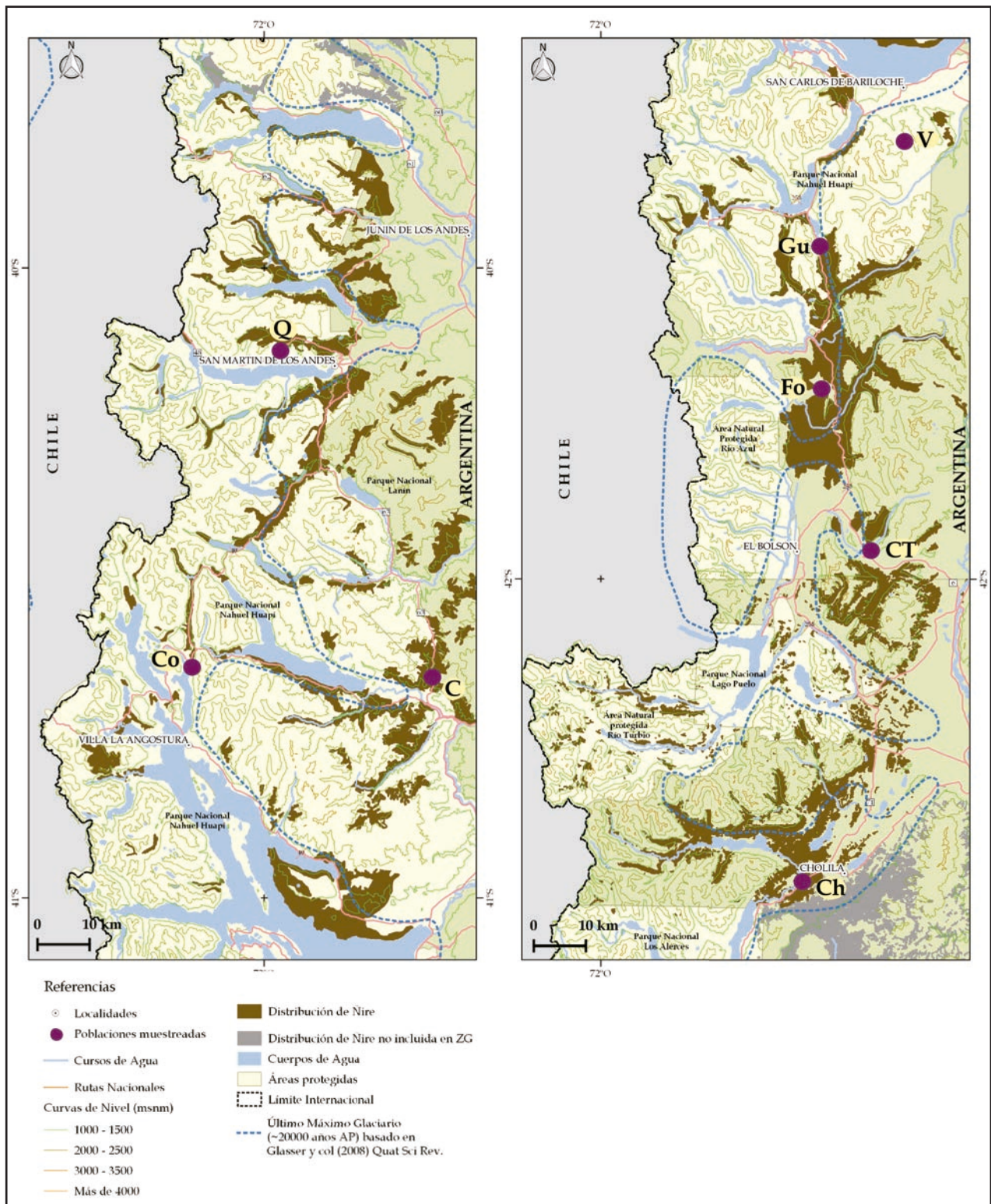
**ZG Tierra del Fuego** Comprende a todos los bosques de la especie en la Isla de Tierra del Fuego (Mapa XV), ya que el análisis de agrupamiento para marcadores microsatélites ubicó a las tres poblaciones muestreadas en un mismo grupo. Sus características genéticas y el aislamiento geográfico respecto de otros sitios, justifican la delimitación de la zona.



Mapa VIII: Distribución de la especie *Nothofagus antarctica* (ñire) comprendida en la Zona Genética Norte.

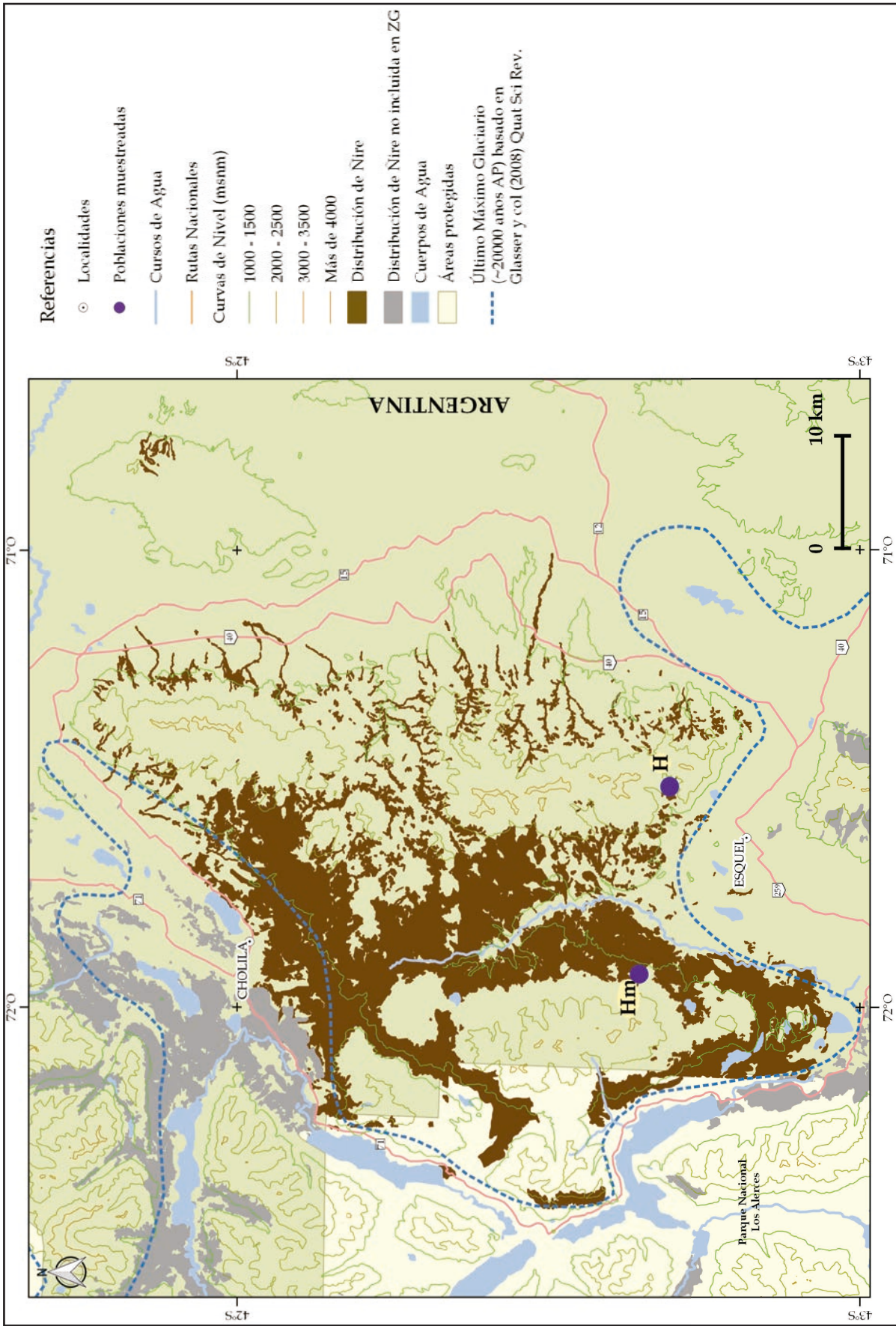


Mapa IX: Distribución de la especie *Nothofagus antarctica* (ñire) comprendida en la Zona Genética Tromen.

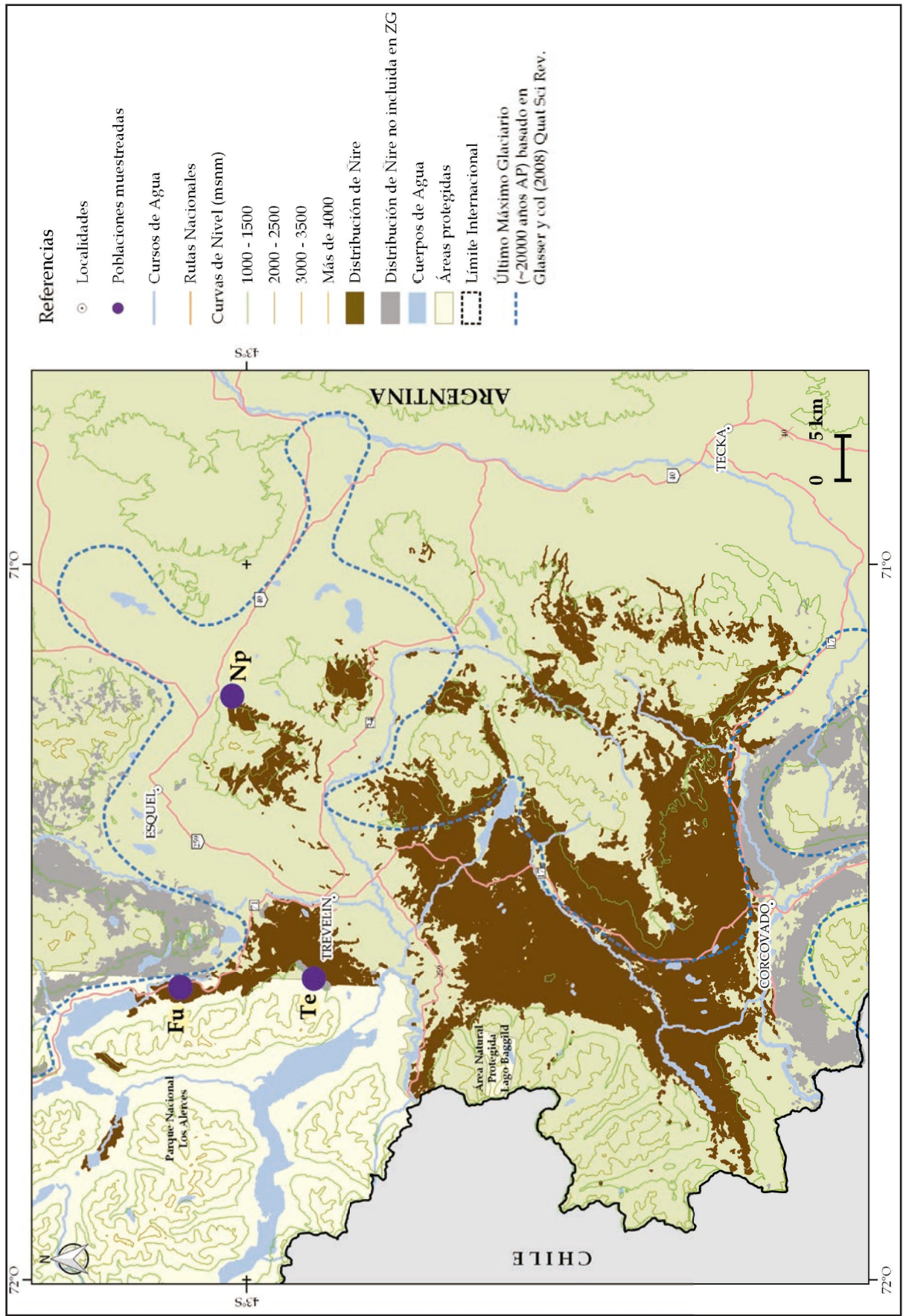


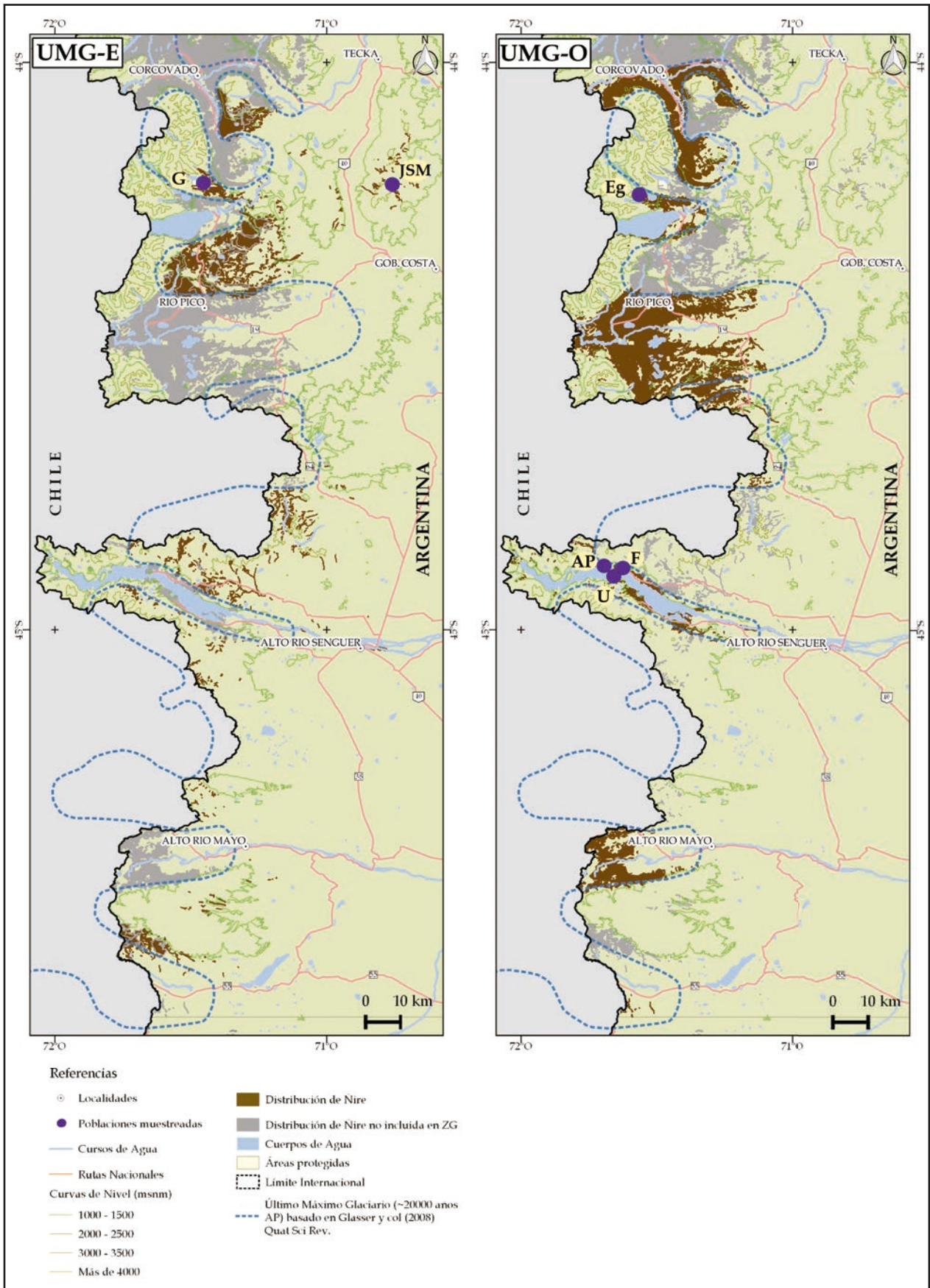
Mapa X: Distribución de la especie *Nothofagus antarctica* (ñire) comprendida en la Zona Genética Central.



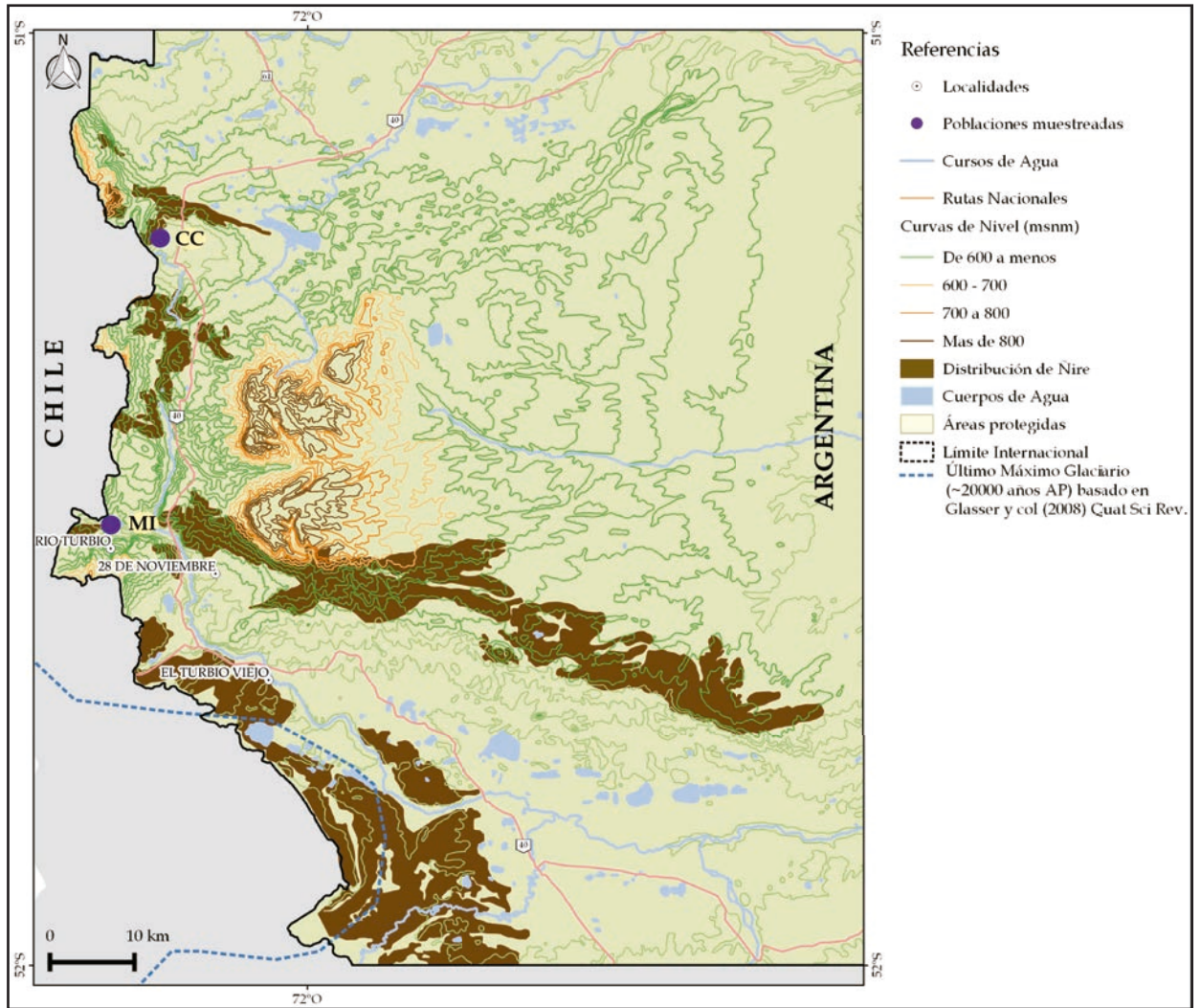


Mapa XI: Distribución de la especie *Nothofagus antarctica* (ñire) comprendida en la Zona Genética Chubut Este.

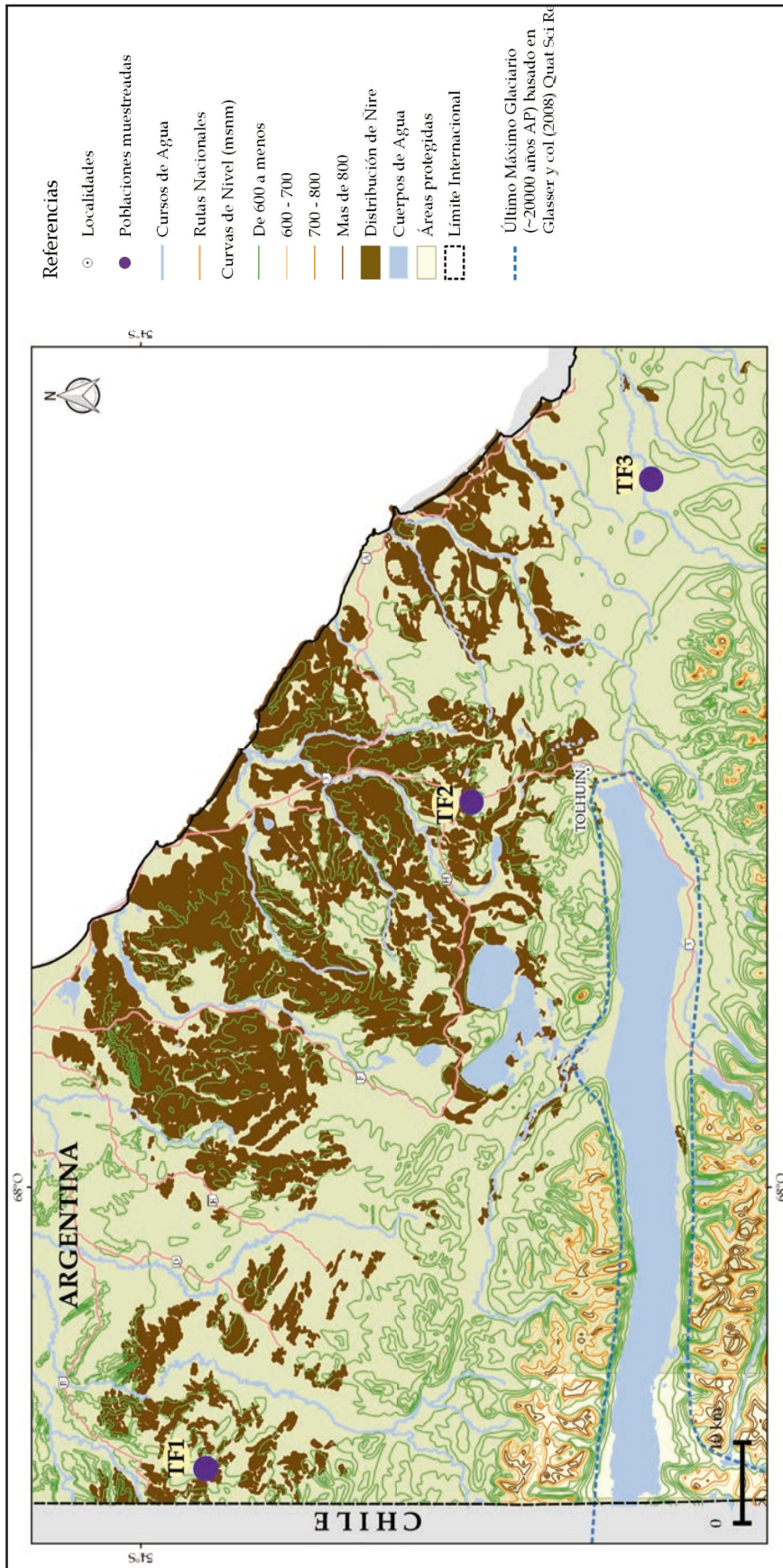




Mapa XIII: Distribución de la especie *Nothofagus antarctica* (ñire) comprendida en las Zonas Genéticas UMG-E y UMG-O.



Mapa XIV: Distribución de la especie *Nothofagus antarctica* (ñire) comprendida en la Zona Genética Sur.



Mapa XVI: Distribución de la especie *Nothofagus antarctica* (ñire) comprendida en la Zona Genética Tierra del Fuego.

TABLA 2. Zonas genéticas en lenga y ñire y poblaciones incluidas en cada zona

Especie	Zona Genética	Poblaciones	Mapa de referencia
<i>Nothofagus pumilio</i> (lenga)	Norte	E, Cav	I
	Central	Tr, Q, V	II
	Esquel <sup>1</sup>	LV, Hm, H, AG, LZ, Np, Te	III
	Del Vintter <sup>2</sup>	SC, Ba, Eg, G, JSM, RP	IV
	Alto Río Senguer	Me, Mo, Fe, F, U, AP	V
	Sur	CC, MI	VI
	Tierra del Fuego <sup>3</sup>	TF1, TF2, TF3	VII
<i>Nothofagus antarctica</i> (ñire)	Norte	R, E, CAV	VIII
	Tromen	Tr	IX
	Central	Q, Co, C, V, Gu, Fo, CT, Ch	X
	Chubut Este	Hm, H	XI
	del Río Grande	Te, Np, Fu	XII
	UMG-E	G, JSM	XIII
	UMG-O	Eg, Ap, U, F	XIII
	Sur	CC, MI	XIV
Tierra del Fuego	TF1, TF2, TF3	XV	

<sup>1</sup> En esta zona se delimitó una sub-zona, representada por la población Hm, que se muestra en el Mapa III.

<sup>2</sup> En esta zona se delimitó una sub-zona, representada por la población JSM, que se muestra en el Mapa IV.

<sup>3</sup> En esta zona se delimitó una sub-zona, representada por la población TF2, que se muestra en el Mapa VII.



## VARIACIÓN GEOGRÁFICA Y GENÉTICA EN LENGUA

Víctor Mondino, Leonardo Gallo, Mario Pastorino

### RESULTADOS PRELIMINARES DE ENSAYOS EN CARACTERES ADAPTATIVOS INICIALES

La **diversidad genética** es una propiedad intrínseca de las poblaciones y es la base sobre la que opera la fuerza evolutiva de la selección natural. En **caracteres adaptativos** (por ejemplo, ritmo de crecimiento en altura) se estima la variación genética midiendo la variación fenotípica en ensayos de ambiente común de individuos con relaciones parentales conocidas. En forma previa a los resultados de este tipo de ensayos, es importante estudiar la **variación geográfica natural**, o sea la variación que expresan los individuos *in situ*, lo que puede asociarse a su distribución en gradientes ambientales. Al evaluar caracteres cuantitativos que se encuentran sujetos a selección, es posible caracterizar los patrones de variación natural e inferir procesos de **adaptación local**. La interpretación de la relación genotipo-ambiente

permitirá discernir si el tipo de variación es **clinal**, es decir una variación gradual del carácter considerado que acompaña una variación ambiental gradual, o **ecotípica**, o sea una variación discreta del carácter que no se corresponde con una variación gradual de una condición del ambiente.

En acciones de restauración activa resulta clave considerar la adaptabilidad del material utilizado como fuente de semillas, siendo los estudios de caracteres adaptativos los que brindan esa información.

A continuación se presentan los resultados de un estudio de variación natural en caracteres seminales, y de variación genética en caracteres arquitecturales y de crecimiento inicial (plantín), en un conjunto de poblaciones de lengua de la Provincia de Chubut. Los orígenes analizados provienen de un muestreo en transectas latitudinales, longitudinales y altitudinales (Mondino, 2014).

### TENDENCIAS ENCONTRADAS EN CHUBUT

Poblaciones de latitud sur (45°S) y procedentes de sitios secos tienen mayor proporción de semillas llenas (PL) y mayor poder germinativo (PG).

El tamaño de la semilla (AS) disminuye a medida que aumenta la altitud (1000 m, 1300 m y 1500 m snm) en orígenes méxicos y secos.

El tamaño de los cotiledones aumenta gradualmente desde el sur (45°S) hacia el norte (43°S) (Figura 3).

Poblaciones de latitud norte (43°S) y baja altitud poseen mayor tamaño de plantas (TP) respecto de poblaciones del sur y mayor altitud (45°S).

El origen de la semilla (altitud baja, media, alta) determina diferencias en caracteres morfométricos, distinguiéndose los morfotipos arbóreo, rastrero y achaparrado.

Existen diferencias entre poblaciones de altitud superior y poblaciones de altitud intermedia y baja para la iniciación y la duración del periodo de crecimiento (fenología del proceso) (Figura 4).



## ASPECTOS A CONSIDERAR EN ACCIONES CONCRETAS DE RESTAURACIÓN EN BOSQUES DE CHUBUT

La variación en características seminales (PL, PG, AS) y en caracteres del plantín (TP) es ecotípica. El morfotipo de origen de la semilla y la fenología del proceso de crecimiento también evidenciaron variación ecotípica.

La variación encontrada en relación con la distribución en latitud y longitud no se corresponde con variables climáticas, por ejemplo: temperatura, precipitación.

Las diferencias en la fenología del proceso de crecimiento respecto a la altitud de las poblaciones evidencian desfases en la brotación. Usar en sitios altos semillas de orígenes de brotación temprana (sitios bajos) podría comprometer la supervivencia de los plantines.

Las diferencias entre orígenes nos indican poblaciones con atributos propios, relacionados a su historia de vida o a condiciones ambientales particulares. Se sugiere considerar estos aspectos al momento de seleccionar el origen de las semillas para acciones de restauración y plantación.

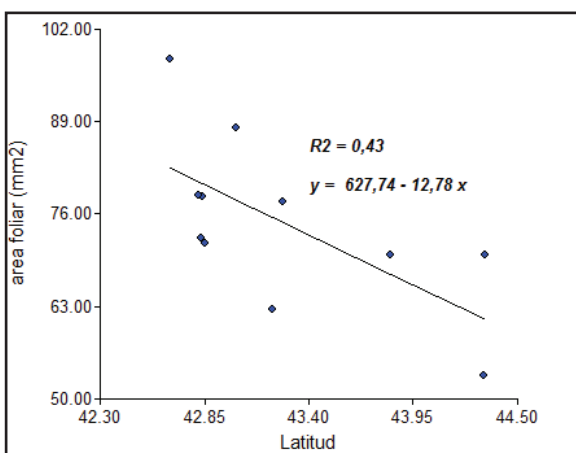


FIGURA 3. Variación del área foliar de cotiledones en función de la variación en latitud del sitio de origen.

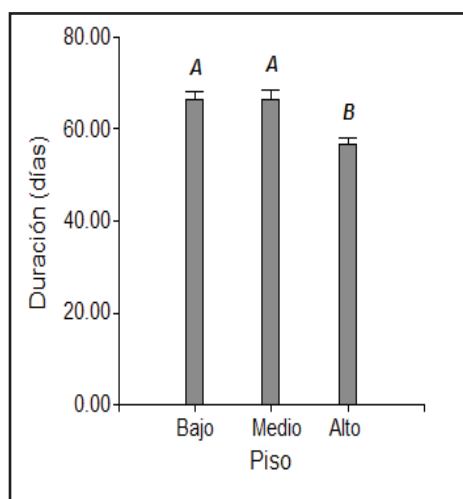
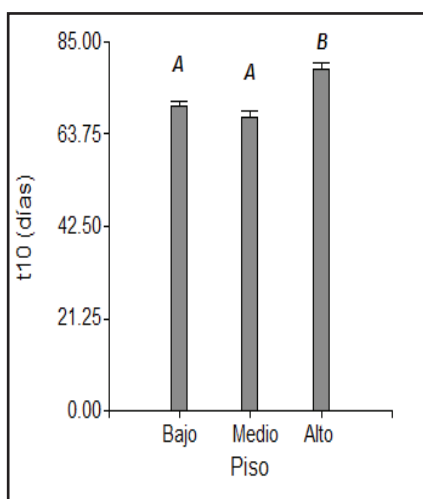


FIGURA 4. Efecto de la altitud de origen para las variables derivadas de las curvas de crecimiento: tiempo de inicio de crecimiento (T10) y duración del período de crecimiento en días. Letras diferentes indican diferencias significativas ( $p < 0,05$ ).

## MODELADO DE DISTRIBUCIONES FUTURAS DE LA VEGETACIÓN

Carolina Soliani, Evert Thomas, Leonardo Gallo, Paula Marchelli

El impacto del **cambio climático** sobre la distribución de lenga y ñire fue evaluado mediante el **modelado de nicho ecológico**, determinándose las preferencias ambientales de las especies en base a la distribución actual. Este conocimiento permitió estimar la probabilidad de que las especies puedan persistir bajo diferentes escenarios futuros de cambio climático. Se consideraron 31 modelos de clima a futuro para el período 2040-2069, desarrollados por grupos de investigación alrededor del mundo según el escenario RPC4.5 (*Representative Concentration Pathways*, de su sigla inglés) obtenido del CMIP5 (*Coupled Model Intercomparison Project Phase 5*, de su sigla en inglés) (Ramírez-Villegas & Jarvis, 2010). Las proyecciones de idoneidad de ambas especies bajo condiciones futuras permiten identificar tanto **áreas vulnerables** en la distribución actual, o sea con probabilidad de pérdida de la especie, como áreas que actualmente no son idóneas, pero que en el futuro podrían serlo. Expresar estas predicciones sobre mapas de vegetación permite visualizar la adecuación biológica de las especies al clima futuro. Combinar esta información con la distribución de la diversidad genética actual hace posible la definición de una **estrategia de conservación** de las poblaciones más diversas, o con características genéticas únicas, según su estado de vulnerabilidad (por ejemplo, priorizando la conservación *in situ* en áreas estables y la conservación *ex situ* para áreas vulnerables). Los modelos se transforman así en herramientas muy útiles para proponer pautas de manejo de los recursos naturales. En este contexto cobra relevancia la definición de Zonas Genéticas, ya que deberían ser respetadas al momento de la restauración activa.

A continuación presentamos los **mapas de idoneidad futura** para las especies lenga (Figura 5) y ñire (Figura 6). Los mapas muestran las áreas predichas idóneas (tonos verdes) para cada especie según, por lo menos, la mitad de los 31 modelos (es decir, 15 o más), y en cada área se indica el número de modelos que predicen su idoneidad. Las áreas que se prevé a futuro perderán idoneidad, según más de la mitad de los modelos, se muestran en rojo. No se encontraron áreas, correspondientes a la actual distribución, donde la totalidad de los modelos predigan idoneidad (máximos de 30 y 27 para lenga y ñire, respectivamente). En ambas especies los modelos sugieren un desplazamiento de la idoneidad hacia el extremo altitudinal superior y hacia el extremo latitudinal más austral de su distribución actual. Las áreas donde se espera una mayor pérdida de idoneidad se encuentran hacia el borde árido de la distribución actual, coincidente con la estepa patagónica, y hacia el Norte de Neuquén. Asociamos a estos mapas la estimación de **diversidad genética estandarizada** (Marchelli *et al.*, 2017) (DGE, Tabla 3) en las poblaciones donde contábamos con datos provenientes de marcadores moleculares nucleares (microsatélites) y del cloroplasto. La diversidad genética expresada como riqueza alélica, resultó más alta en Quilanlahue y Tierra del Fuego en el caso de lenga (Tabla 3), y en Quilanlahue y la cuenca Fontana - La Plata en el caso de ñire, respecto del resto de las poblaciones. Los niveles de diversidad se muestran asociados a una gama de colores en cada especie (Tabla 3), donde la tonalidad oscura corresponde al valor más alto y la clara al valor más bajo.

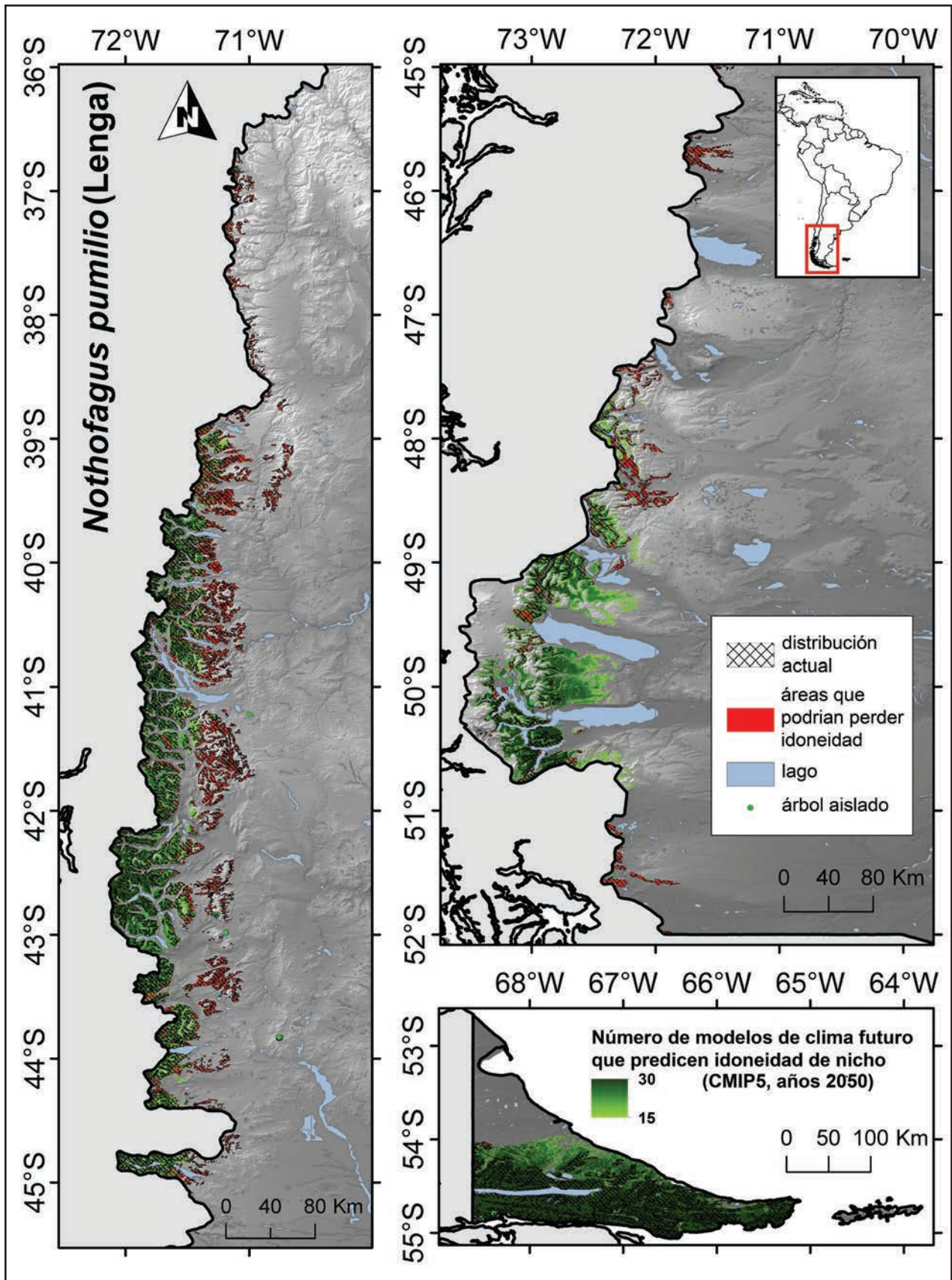


FIGURA 5. Mapas de modelado de nicho ecológico en un escenario de cambio climático predicho para el período 2040-2069 en *Nothofagus pumilio* (lenga).

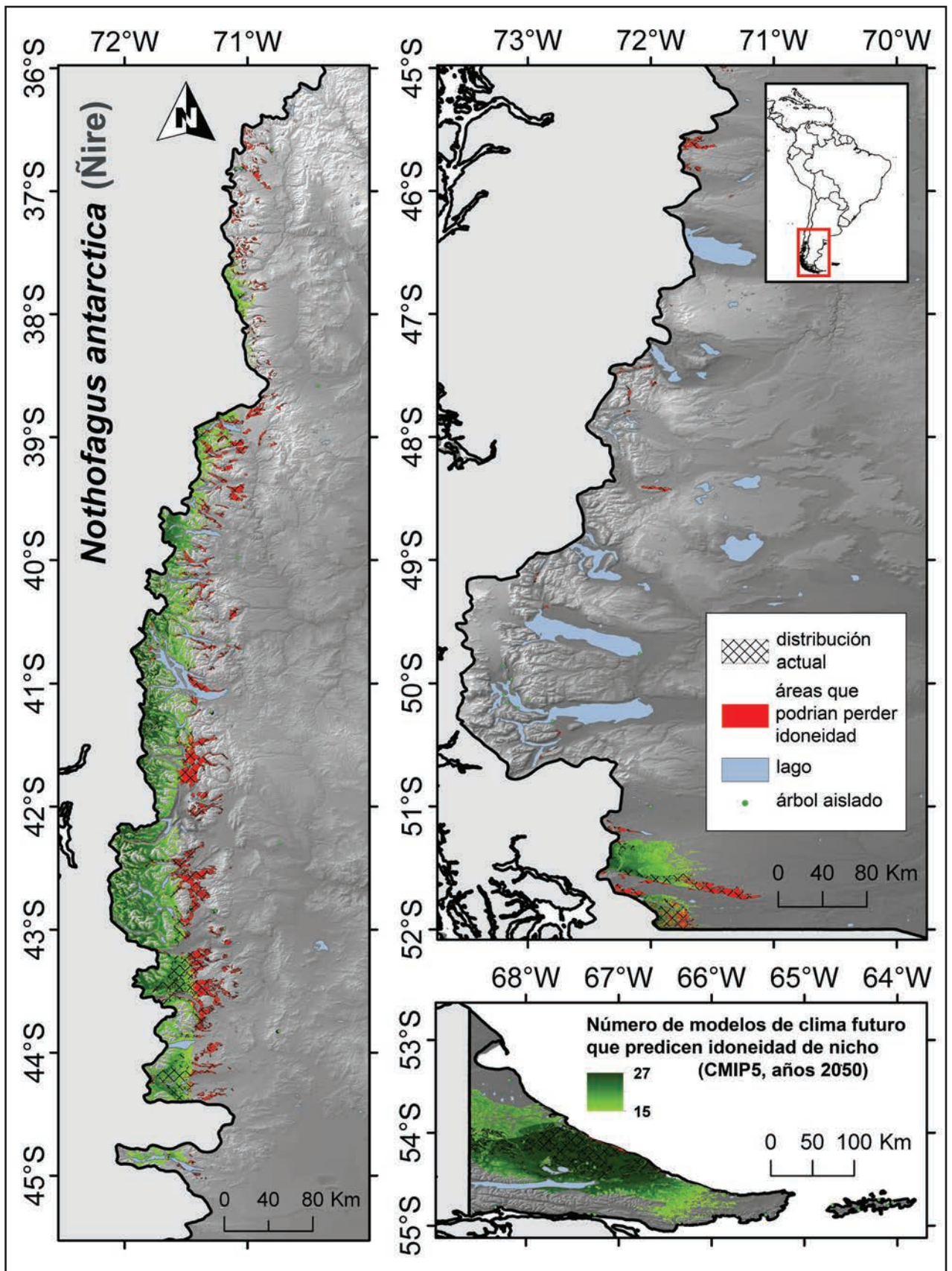


FIGURA 6. Mapas de modelado de nicho ecológico en un escenario de cambio climático predicho para el período 2040-2069 en *Nothofagus antarctica* (ñire).

TABLA 3. Diversidad genética estandarizada (DGE) para marcadores microsatélites nucleares y de ADN de cloroplasto a nivel poblacional. Grado de protección de cada población muestreada, correspondiente a una jurisdicción nacional o provincial.

Especie	Población	ID	DGE	Grado de Protección
<i>Nothofagus pumilio</i> (Lenga)	Lagunas de Epulauquen	E	3,2	Área Natural Protegida Epulauquen
	Caviahue	Cav	3,3	Área Natural Protegida Caviahue-Copahue
	Tromen	Tr	3,5	Parque Nacional Lanín
	Quilanlahue	Q	5,6	Parque Nacional Lanín
	Valle del Challhuaco	V	3,3	Parque Nacional Nahuel Huapi
	Huemules	Hm	2,9	Propiedad privada
	La Hoya	H	2,7	Propiedad del Ejército Argentino
	C° Nahuelpan	Np	3,1	Propiedad privada
	Trevelin	Te	2,8	Campo Forestal INTA
	Lago Guacho	G	2,9	Reserva Provincial Lago Guacho
	Jóse San Martín	JSM	3,1	Propiedad privada
	Lago Fontana	F	2,8	Parque Municipal Shoonem
	Río Unión	U	3,2	Parque Municipal Shoonem
	Arroyo Perdido	AP	2,0	Parque Municipal Shoonem
	Cancha Carrera	CC	3,3	Estancia Cancha Carrera
	Mina I	MI	0,9	Estado Municipal de Río Turbio
	Tierra del Fuego Norte	TF1	1,0	Estancia San Justo
Tierra del Fuego Centro	TF2	5,1	Estancia Rio Ewan	
Tierra del Fuego Este	TF3	2,7	Lenga Patagonia S.A.	
<i>Nothofagus antarctica</i> (Ñire)	Lagunas de Epulauquen	E	2,7	Área Natural Protegida Epulauquen
	Caviahue	Cav	4,2	Área Natural Protegida Caviahue-Copahue
	Tromen	Tr	1,0	Parque Nacional Lanín
	Quilanlahue	Q	4,6	Parque Nacional Lanín
	Valle del Challhuaco	V	3,0	Parque Nacional Nahuel Huapi
	Cholila	Ch	2,0	Estancia La Frontera
	Huemules	Hm	2,7	Propiedad privada
	La Hoya	H	2,5	Propiedad del Ejército Argentino
	C° Nahuelpan	Np	2,6	Propiedad privada
	Trevelin	Te	3,9	Campo Forestal INTA
	Lago Guacho	G	2,4	Reserva Provincial Lago Guacho
	Jóse San Martín	JSM	2,7	Propiedad privada
	Lago Fontana	F	4,2	Parque Municipal Shoonem
	Río Unión	U	5,8	Parque Municipal Shoonem
	Arroyo Perdido	AP	4,2	Parque Municipal Shoonem
	Cancha Carrera	CC	0,8	Estancia Cancha Carrera
	Mina I	MI	2,6	Estado Municipal de Río Turbio
Tierra del Fuego Norte	TF1	2,7	Estancia San Justo	
Tierra del Fuego Centro	TF2	2,7	Estancia Rio Ewan	
Tierra del Fuego Este	TF3	2,8	Reserva Forestal Río Irigoyen	

## CONSIDERACIONES FINALES

Carolina Soliani, Paula Marchelli

En este manual presentamos una propuesta de **divisibilidad geográfica** para las masas boscosas de lenga y de ñire en Argentina, basada en la caracterización genética de poblaciones naturales de estas especies. Las **Zonas Genéticas** así definidas constituyen una herramienta clave de manejo operativo cuyo fin es el de asistir en la toma de decisiones sobre qué material utilizar, ante la necesidad de llevar adelante acciones de restauración activa, como reforestación (plantación) o asistencia a la regeneración. Se prevé que dentro de una zona la **transferencia de semillas** no comprometa el rodal pre-existente y, más aún, se minimicen los riesgos de contaminación genética del stock local frente a la incorporación de individuos no-locales. Este principio cobra aún mayor relevancia en el ámbito de protección en el que se encuentran los bosques Andino Patagónicos, incluidos en el sistema de Parques Nacionales y Reservas provinciales o municipales.

Por los múltiples bienes y servicios que brindan los bosques, resulta imprescindible la **conservación** de su **biodiversidad**, que comprende la diversidad de especies y también la diversidad genética. Con esta definición de zonas esperamos contribuir a la conservación de los recursos genéticos forestales, resguardando la diversidad y estructura genética original de los bosques. Esta es la base sobre la cual operarán presiones selectivas generadas por cambios en el clima (a futuro), interacciones con otros organismos del ecosistema, o presiones antrópicas.

En este contexto re-significamos la relevancia de las poblaciones que presentaron altos niveles de **diversidad genética** estimada con marcadores moleculares. Conservar esta diversidad es una forma de asegurar la

potencialidad de las poblaciones de responder positivamente a disturbios externos, algunos de los cuales pueden resultar de extrema peligrosidad, como por ejemplo un incendio o una invasión biológica (plaga).

En síntesis, este manual pretende ser una contribución a pautas y recomendaciones de manejo en un modelo de gestión sustentable de los bosques, donde convivan la conservación y el uso de los recursos.

## LITERATURA CITADA

Azpilicueta MM, Marchelli P, Gallo L *et al.* (2016) Zonas Genéticas de raulí y roble pellín en Argentina: herramientas para la conservación y el manejo de la diversidad genética. Ed: M. M. Azpilicueta, P. Marchelli. 1ª ed. Bariloche, Río Negro, Argentina. Ediciones INTA, 50p.

Azofeifa-Delgado Á (2006) Uso de marcadores moleculares en plantas; aplicaciones en frutales del trópico. *Agronomía Mesoamericana*, 17, 221-242.

Bucci G, Vendramin GG (2000) Delineation of genetic zones in the European Norway spruce natural range: preliminary evidence. *Molecular Ecology*, 9, 923-934.

Chauchard LM, Bava JO, Castañeda S *et al.* (2012) Manual para las buenas prácticas forestales en bosques nativos de Norpatagonia. Ministerio de Agricultura Ganadería y Pesca, Proyecto "Conservación de la biodiversidad en paisajes productivos forestales" (GEF090118). Buenos Aires - Argentina, 122p.

CIEFAP, MAyDS (2016) Actualización de la Clasificación de Tipos Forestales y Cobertura del Suelo de la Región Bosque Andino Patagónico. Informe Final. CIEFAP. <https://drive.google.com/open?id=0BxfNQUtfxxeaUHNCQm9lYmk5RnM>.

Crandall KA, Bininda-Emonds ORP, Mace GM, Wayne RK (2000) Considering evolutionary processes in conservation biology. *Trends in Ecology & Evolution*, 15, 290-295.

Cuevas JG (2000) Tree recruitment at the *Nothofagus pumilio* alpine timberline in Tierra del Fuego, Chile. *Journal of Ecology*, 88, 840-855.

Cuevas J, Arroyo M (1999) Ausencia de banco de semillas persistente en *Nothofagus pumilio* (Fagaceae) en Tierra del Fuego, Chile. *Revista Chilena de Historia Natural*, 72, 73-82.

Donoso C (1993) Bosques templados de Chile y Argentina. Variación, Estructura y Dinámica. Ecología Forestal. Valdivia - Chile, Ed. Universitaria, 484 p.

Donoso C (2006) Las especies arbóreas de los Bosques Templados de Chile y Argentina. Autoecología. Cuneo Ediciones. Valdivia-Chile, 678p.

Fraser DJ, Bernatchez L (2001) Adaptive evolutionary conservation: towards unified concept for defining conservation units. *Molecular Ecology*, 10, 2741-2752.

Geburek T, Turok J (2005) Conservation and management of forest genetic resources in Europe. Arbora Publishers, Zvolen - Eslovaquia, 693p.

Giménez Gowland M (2002) Flora Nativa Norpatagónica Ilustrada, INTA-FVSA-APN. CD.

Glasser NF, Jansson KN, 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.

de Guia APO, Saitoh T (2007) The gap between the concept and definitions in the Evolutionarily Significant Unit: the need to integrate neutral genetic variation and adaptive variation. *Ecological Research*, 22, 604-612.

Johnson GR, Sorensen FC, St Clair JB, Cronn RC (2004) Pacific northwest forest tree seed zones: a template for native plants? *Native Plants Journal*, 5, 131-140.

Marchelli P, Thomas E, Azpilicueta MM, van Zonneveld M, Gallo L (2017) Integrating genetics and suitability modelling to bolster climate change adaptation planning in Patagonian *Nothofagus* forests. *Tree Genetics & Genomes*, 13, 119.

McKay JK, Christian CE, Harrison S, Rice KJ (2005) "How local is local?" – A review of practical and conceptual issues in the genetics of restoration. *Restoration Ecology*, 13, 432-440.

- McKenney D, Pedlar J, O'Neill G (2009) Climate change and forest seed zones: past trends, future prospects and challenges to ponder. *The Forestry Chronicle*, 85, 258–266.
- Mondino V (2014) Variación geográfica y genética en caracteres adaptativos iniciales de *Nothofagus pumilio* (Poepp. et Endl.) Krasser en una zona de alta heterogeneidad ambiental. Tesis Doctoral, 203p.
- 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.
- Pastorino MJ, Marchelli P, Milleron M, Soliani C, Gallo LA (2009) The effect of different glaciation patterns over the current genetic structure of the southern beech *Nothofagus antarctica*. *Genetica*, 136, 79–88.
- Pastorino MJ, Aparicio AG, Azpilicueta MM (2015) Regiones de procedencia del Ciprés de la Cordillera y bases conceptuales para el manejo de sus recursos genéticos en Argentina. 1ª ed. Bariloche, Río Negro, Argentina. Ediciones INTA, 115p.
- Premoli AC, Steinke L (2008) Genetics of sprouting: effects of long-term persistence in fire-prone ecosystems. *Molecular Ecology*, 17, 3827–3835.
- Ramírez C, San Martín C, Oyarzún A, Figueroa H (1997) Morpho-ecological study on the South American species of the genus *Nothofagus*. *Plant Ecology*, 130, 101–109.
- Ramirez-Villegas J, Jarvis A (2010) Downscaling global circulation model outputs: the Delta method. Decision and policy analysis working paper no. 1. In: (CIAT). CidAT (ed).
- Rusch V (1993) Altitudinal variation in the phenology of *Nothofagus pumilio* in Argentina. *Revista Chilena de Historia Natural*, 66, 131–141.
- SAyDS (2002) Dirección de Bosques. Secretaría de Ambiente y Desarrollo Sustentable de la Nación. Primer Inventario Nacional de Bosques Nativos. Informe Nacional. Proyecto de Bosques Nativos y Areas Protegidas, BIRF 4085-AR 1998-2005. Buenos Aires - República Argentina, 73p.
- 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.
- Torres A, Aparicio A, Mondino V, Schinelli T, Paredes M, Pastorino M (2017) Variación en caracteres fenológicos entre poblaciones naturales de *Nothofagus pumilio* a lo largo de su distribución latitudinal. 6° Seminario de *Nothofagus*: Silvicultura, manejo y conservación. La Plata, Argentina.
- Tortorelli L (1956) Maderas y bosques argentinos. Editorial ACME, Buenos Aires - Argentina, 910p.
- Veblen T, Donoso C, Kitzberger T, Rebertus AJ (1996) Ecology of Southern Chilean and Argentinean *Nothofagus* forests. In: The Ecology and Biogeography of *Nothofagus* forests (ed. Veblen T, Hill RS, Read J), Yale University Press. New Haven - USA, 403p.



La Lengua y el Ñire son las especies nativas de los bosques Andino Patagónicos que “pintan de rojo” las laderas otoñales, formando ese típico paisaje que caracteriza la región. Habitan toda la extensión de estos bosques, desde el norte neuquino hasta Tierra del Fuego, desde las altas cumbres hasta el nivel del mar. Conocer los recursos genéticos de estas dos especies emblemáticas es valorarlas y protegerlas.

En este libro presentamos la primera clasificación de zonas genéticas de Lengua y Ñire que aporta información de base para la ordenación de los recursos genéticos. Pretendemos así contribuir en las actividades de forestación, asistencia a la regeneración y restauración ecosistémica fomentadas tanto por la Ley de Bosques (N°26331) como por la Ley de Inversiones para Bosques Cultivados (N°25080). Considerar el criterio genético al momento de seleccionar el material de base a utilizar es de fundamental importancia para favorecer la adaptación de los árboles al sitio de plantación. Esto adquiere aún más relevancia ante el actual cambio climático que está experimentando el planeta.

La zonificación aquí publicada se realizó conjugando información genética obtenida en laboratorio, mapas de distribución de especies elaborados a partir de la recopilación de información geográfica y conocimiento de terreno de los técnicos involucrados, representando un esfuerzo claramente multidisciplinario. Se incluyen también mapas de distribución a futuro para ambas especies, basados en las predicciones de cambio climático para la región, los cuales brindan elementos a tener en cuenta ante los posibles escenarios futuros para las forestaciones.

Esperamos que este libro constituya una herramienta de consulta para la toma de decisiones y contribuya a fomentar la conservación y el uso sustentable de los recursos genéticos de estas dos especies nativas patagónicas.

Paula Marchelli

ISBN 978-987-521-870-3



Ministerio de Agroindustria  
Presidencia de la Nación