UNIVERSIDAD DE CHILE

Facultad de Ciencias Forestales y de la Conservación de la Naturaleza

Magíster en Areas Silvestres y Conservación de la Naturaleza

ESTRUCTURACIÓN GENÉTICA POBLACIONAL DEL LORO TRICAHUE (*Cyanoliseus patagonus bloxami*): VARIACIÓN MOLECULAR Y SU APLICACIÓN EN PROGRAMAS DE CONSERVACIÓN

Proyecto de grado presentado como parte de los requisitos para optar al grado de Magíster en Areas Silvestres y Conservacion de la Naturaleza.

MARÍA ANGÉLICA SANTIBÁÑEZ BORIĆ

Médico Veterinario

SANTIAGO - CHILE

2016

Tesis presentada como parte de los requisitos para optar al grado de Magíster en Areas Silvestres y Conservación de la Naturaleza

Profesora Guía	Nombre	Mónica Saldarriaga Córdoba
	Nota	
	Firma	
Profesor Guía	Nombre	Carlos Magni Díaz
	Nota	
	Firma	
Profesor Consejero	Nombre	Pedro Cattan Ayala
	Nota	
	Firma	
Profesor Consejero	Nombre	Cristián Estades Marfán
	Nota	
	Firma	

Agradecimientos

A mis padres María Angélica y Marcelo, por su cariño, apoyo y el ánimo constante en perseverar. Mención especial a mi madre por la revisión del texto y sugerencias.

A mi compañero de ruta Carlos, por su amor, contención y permanente ayuda generosa.

A Mónica Saldarriaga, mi profesora y amiga, por querer acompañarme y guiar este trabajo, entregándome sus conocimientos y confianza.

A Gonzalo Gonzales por la orientación, ayuda con el muestreo y revisiones del trabajo, pero principalmente por mostrarme a los Tricahues en su hábitat natural.

Al profesor Carlos Magni por su disponibilidad, ayuda y certeros comentarios.

A la Universidad Iberoamericana de Ciencias y Tecnología por facilitarme las instalaciones, equipos y materiales que permitieron el desarrollo de esta tesis.

Yo, poeta

popular, provinciano, pajarero,

fui por el mundo buscando la vida:

pájaro a pájaro conocí la tierra:

reconocí donde volaba el fuego:

la precipitación de la energía

y mi desinterés quedó premiado

porque aunque nadie me pagó por eso

recibí aquellas alas en el alma

y la inmovilidad no me detuvo.

Pablo Neruda

INDICE

Resumen …….…….. 1

Palabras clave …….……. 1

Summary……... 2

Key words…….…….. 2

Introducción …….…….…... 3

Revisión bibliográfica……... 6

Ecología *Cyanoliseus patagonus*……..... 8

Taxonomía……. 8

Morfología……..……...…. 8

Distribución y hábitat…….…. 11

Alimentación……..... 13

Estructura social……..……. 14

Depredadores……..... 16

Reproducción……...……...…….. 16

Genetica y Conservacion: estudios en Psitácidos…… 21

Hipotesis…….. 25

Objetivos general y específicos…….…. 25

Material y Métodos……..….. 26

Resultados……...…… 33

Discusión……..….. 41

Conclusión….…….……..….. 45

Bibliografía ……..…… 46

Anexo…….…….. 57

Índice de Tablas

Tabla 1. Clasificación Taxonómica *Cyanoliseus patagonus*…… 9
Tabla 2. Fechas relevantes en el Proceso Reproductivo de *C. p. bloxami* en Monte Patria región de Coquimbo, Chile…… 21
Tabla 3. Número de plumas recolectadas y secuenciadas por lorera…….. 33
Tabla 4. Análisis de diversidad…… 34
Tabla 5. Matrices de distancias genéticas entre poblaciones de *C. patagonus*…….. 35
Tabla 6. Análisis de Varianza Molecular (AMOVA)…….. 36

Índice de Figuras

Figura 1. Coloración del Tricahue……. 10
Figura 2. Mapa de distribución del loro Tricahue *C. p. bloxami*…… 13
Figura 3. Arreglo del plumaje…… 16
Figura 4. Nidificación…….. 20
Figura 5. Muestreo…….. 28
Figura 6. Mapa de distribución de las loreras muestreadas…… 29
Figura 7. Redes de haplotipos según marcador y su representación geográfica
ATP 6/8……. 38
COI…… 39
Cytb……..... 40
Figura 8. Análisis filogenético de *C. patagonus*……. 42

RESUMEN

El Tricahue, *Cyanoliseus patagonus bloxami* (Olson, 1995), es una subespecie de loro endémica de Chile, cuyas poblaciones se han visto disminuidas al punto de ser declaradas en peligro de extinción o extintas en algunas regiones del país. Lo anterior, producto de la práctica de disparar a bandadas por parte de agricultores, la pérdida y fragmentación de su hábitat natural y, especialmente, la extracción de los pichones de loros para comercializarlos como mascotas. Es importante mencionar que la UICN no considera que la especie *C. patagonus* esté bajo amenaza ya que las otras tres subespecies que son registradas en Argentina no se encuentran en peligro de extinción.

El objetivo de este estudio fue caracterizar genéticamente las poblaciones del Loro Tricahue distribuidas en Chile mediante marcadores moleculares mitocondriales. Con este fin se visitaron 14 loreras localizadas tanto en el norte como en el sur de Chile; mediante la extracción de DNA de plumas recolectadas a los pies de las loreras y la amplificación de tres marcadores moleculares mitocondriales (Cytocromo b, Cytocromo oxidasa subunidad I y ATPasa subunidades 6/8) con partidores diseñados para este trabajo, se obtuvieron 132 secuencias de DNA. Los análisis estadísticos que incluyeron índices de diversidad genética, distancias, red de haplotipos (Median Joining Networks) y análisis filogeográficos fueron realizados tanto con las secuencias generadas en este estudio como con las secuencias de esta especie publicadas en el GenBank.

Este trabajo es el primero en identificar marcadores moleculares mitocondriales en diversas poblaciones de loro Tricahue, tanto del sur como del norte de Chile. Los resultados revelan una baja diversidad genética con haplotipos compartidos entre las poblaciones procedentes de las diferentes loreras, lo cual indica que habría flujo génico entre ellas y ausencia de estructuración genética a pesar de la fragmentación del hábitat. Al comparar las poblaciones chilenas con las argentinas, se encontró estructuración genética sin haplotipos compartidos. Futuros estudios de campo fortalecerían estos hallazgos.

Con la nueva información generada para esta especie se logra sentar las bases para una herramienta útil al momento de establecer planes de conservación que consideren la reintroducción de individuos a su hábitat natural y la generación de áreas protegidas.

PALABRAS CLAVE

Cyanoliseus patagonus, Tricahue, estructuración, flujo génico, conservación.

SUMMARY

The Burrowing parakeet, *Cyanoliseus patagonus bloxami* (Olson, 1995) is a subspecies of parrot endemic of Chile that has been declared endangered or extinct in some regions due to the decline of its populations. The above, due to shooting flocks by farmers, the loss and fragmentation of its natural habitat and, especially the nestling's capture from the wild for illegal pet trade. It is noteworthy that the UICN does not consider *C. patagonus* a threatened species because the three other subspecies registered in Argentina are not endangered.

The objective of this study was to characterize genetically the Burrowing parakeet populations distributed in Chile throughout mitochondrial molecular markers. For this purpose, 14 roosting places located both in the northern and southern parts of Chile were visited. 132 DNA sequences were obtained through DNA extraction from feathers collected at the foot of the roosting places, amplification of three mitochondrial molecular markers (Cytochrome b, Cytochrome oxidase subunit I and ATPase subunits 6/8) and primers designed for this study. Statistical analysis including diversity index, p distance, median joining network and phylogeographic analysis were performed both over sequences obtained in this study and sequences published in GenBank.

This research is the first to identify mitochondrial molecular markers in different populations of burrowing parrot, both southern and northern Chile. Results showed low genetic diversity with shared haplotypes across different colonies. This indicates genetic flow among colonies and absence of genetic structuring despite habitat fragmentation. In contrast, the comparison of Chilean and Argentinean populations showed genetic structuring without shared haplotypes. Further field studies would strengthen these findings.

The new genetic information generated for this species comprise a useful tool to establish conservation plans that consider the reintroduction of individuals into the wild and the creation of protected areas.

KEY WORDS

Cyanoliseus patagonus, Burrowing parakeet, structuring, gene flow, conservation.

INTRODUCCIÓN

Las aves conocidas comúnmente como “loros”, corresponden al orden de los Psitaciformes, al cual pertenecen las Familias *Cacatuidae* (cacatúas) y *Psittacidae* (loros verdaderos o papagayos). Actualmente se reconocen 85 géneros y 364 especies en la familia *Psittacidae*, las que se encuentran distribuidas en el hemisferio sur, ocupando diversos hábitats en la región tropical y subtropical de América Central, América del Sur, África, Madagascar, Sur y Sudeste Asiático, Australia y Polinesia. Además, es posible encontrarlas en zonas australes de América, donde se reconocen las especies *Cyanoliseus patagonus* y *Enicognathus ferrugineus* (Masello & Quillfeldt, 2006; Rojas, 2008; National Geographic, 2009).

La especie *Cyanoliseus patagonus* es nativa tanto de Chile como de Argentina. En Chile habita la subespecie *C. p. bloxami* (Olson, 1995) y se le conoce como loro Tricahue, mientras que en Argentina se encuentran las subespecies *C. p patagonus*, *C. p. andinus* y *C. p. conlara* (Darrieu 1980; Nores & Yzurieta, 1983; Bucher & Rinaldi 1986) las que son llamadas loro Barranquero.
Para Chile, esta es una de las aves más llamativas, tanto por su colorido plumaje y tamaño, como por su comportamiento gregario y ruidoso, lo que paradójicamente le ha significado una amenaza para sí misma (Snyder *et al*, 2000; Masello & Quillfeldt, 2006; White *et al*, 2012).
Si bien el número de ejemplares en Chile no se conoce con exactitud, se estima que producto de diversas amenazas, en los últimos 60-100 años, las poblaciones de loro Tricahue han disminuido en un 72% y fragmentado considerablemente (Vargas & Squeo, 2014). Las causas principales de este fenómeno se deben a la práctica de disparar a bandadas por parte de agricultores con el pretexto de evitar daños a los cultivos, la pérdida de hábitat natural y especialmente, la costumbre histórica de extraer los pichones de loros para consumo y/o principalmente, para comercializarlos como mascotas (Villa, 1998; González, 2006; Rojas, 2008). Esto ha llevado a que la especie sea catalogada según el Reglamento para la Clasificación de Especies Silvestres (D.S.151 MINSEGPRES 2007), como *En Peligro de Extinción* (EN) en las regiones de Atacama y Coquimbo, y *Vulnerable* (VU) en las regiones de O´Higgins y del Maule.
Pese a la situación crítica de esta especie en Chile, la Unión Internacional para la Conservación de la Naturaleza (UICN) la cataloga en su Libro Rojo de las Aves Amenazadas del Mundo, como de preocupación menor (Birdlife International, 2015), esto debido a que en Argentina no se encuentra en peligro, ni bajo ningún grado de protección (salvo una pequeña población de la sub especie *C. p. patagonus* en la reserva Punta Bermeja, Provincia Río Negro) (Masello & Quillfeldt, 2006). Incluso es considerada plaga de la agricultura por Ley Nacional, aun cuando se ha visto

una baja en el número de individuos, antes eran muy comunes en toda Argentina, hoy se consideran como “localmente abundantes” (Harris, 1998; Masello & Quillfeldt, 2002). De todas formas, en Argentina superan los 50.000 individuos con un rango de distribución superior a los 20.000 km^2 (Vargas & Squeo, 2014), siendo posible encontrar colonias con miles de individuos como por ejemplo en la lorera El Cóndor, en la Provincia de Río Negro, la que presenta una extensión de 9 kilómetros con más de 50.000 nidos de los cuales unos 37.000 estarían activos (Masello *et al*, 2006a).

Existen en Chile algunos intentos por ayudar a esta especie, pero lamentablemente no han sido consistentes en el tiempo, ni debidamente registrados y/o publicados. En 1982 CONAF (Corporación Nacional Forestal) dio inicio al Proyecto Conservación del Tricahue, con actividades en distintas regiones del país, diagnosticando la situación de la especie y realizando actividades de protección, las que con el tiempo fueron disminuyendo hasta finalizar debido principalmente a problemas de financiamiento, sin lograr resultados alentadores. CONAF propone en el año 2005 un Plan Nacional para la Conservación del Tricahue, el cual contó con la participación de instituciones públicas y entes privados, de tal forma de cambiarla de categoría de conservación, desde En Peligro a otra de menor riesgo o vulnerabilidad (Galaz, 2005). Una de las líneas de acción propone realizar estudios de tipo etológicos, sanitarios, ecológicos y genéticos que determinen los parámetros que definen la viabilidad de las poblaciones. En relación a estudios a nivel molecular se indica que: “es imprescindible conocer la genética y los requerimientos del Tricahue, a fin de asegurar la viabilidad de sus poblaciones, así como para planificar y ejecutar con éxito eventuales reintroducciones o traslocaciones” (Galaz, 2005).

Los estudios genómicos y de caracterización molecular en especies de mamíferos y animales domésticos, con importancia médica y económica, han contribuido al desarrollo y mejoramiento de planes de conservación, ya que han aportado un mayor conocimiento sobre la diversidad genética (Bishop *et al*, 1994; O'Brien *et al*, 1997; Ryder, 2005; Huang *et al*, 2006). Avances en el conocimiento del genoma aviar, como estudios genómicos comparativos (Romanov *et al*, 2009), construcción de mapas de ligamiento (Hansson *et al*, 2005; Backström *et al*, 2006; Stapley *et al*, 2008), estimación de desequilibrio de ligamiento (Edwards & Dillon, 2004; Backström *et al*, 2006) y comparación sinténica de especies relacionadas (Stapley *et al*, 2008) han contribuido en los esfuerzos de conservación de especies amenazadas, como por ejemplo en el Cóndor de California (*Gymnogyps californianus*), especie que presentó una declinación poblacional crítica, al punto que los pocos individuos que quedaban fueron removidos de su hábitat para iniciar un

programa de cría en cautiverio para luego realizar reintroducciones, lo que se tradujo en una pérdida de variabilidad genética y cambios en la frecuencia alélica, incluyendo un probable incremento en la frecuencia del alelo para condrodistrofia (Ralls & Ballou, 2004), una alteración genética que es letal y heredable. En un estudio de Romanov *et al* (2009) se desarrolló una librería genómica y un mapa genético para esta especie. El uso de estas técnicas moleculares permitió la localización de un gen candidato que eventualmente permitiría la identificación de individuos portadores del alelo condrodistrofico, lo que resultaría en un mejor manejo de esta enfermedad y de la sobrevivencia de la población.

Sin embargo, para los psitácidos sólo un 8% de las especies que comprenden esta familia han sido estudiadas en detalle y en su hábitat natural (Masello & Quillfeldt, 2002), lo que implica que no existe suficiente información biológica ni molecular, sobre la mayoría de estas especies lo que a su vez conlleva a que aún no se desarrollen programas integrales de conservación ya que no se han determinado de manera rigurosa, las causas de peligro para estas aves (Snyder *et al*, 2000).

En el caso de *C. patagonus* la mayoría de los estudios se han realizado con las sub especies argentinas y están basados en biología y ecología reproductiva (Masello *et al*, 2001; Masello & Quillfeldt, 2002; Masello & Quillfeldt, 2003; Masello *et al*, 2004; Masello & Quillfeldt, 2004a; Masello & Quillfeldt, 2004b; Masello *et al*, 2006a; Masello *et al*, 2006b; Masello *et al*, 2009). Para Chile, los estudios posteriores a la elaboración del Plan Nacional de Conservación del Tricahue, siguen la misma línea (González, 2006; Rojas, 2008; Alzamora *et al*, 2009; Corvalán & Jiménez, 2010; González-Hein *et al*, 2010; Vargas & Squeo, 2014) quedando al debe con los aspectos relativos a las caracterizaciones genéticas de las poblaciones y el establecimiento de medidas de conservación para la especie y su hábitat.

Por lo anteriormente señalado y en base a los objetivos del Plan Nacional de Conservación del Tricahue en Chile, resulta evidente que existe una especial necesidad por realizar estudios a nivel genético en aves que se encuentren amenazadas, específicamente en el Tricahue, para así asegurar su recuperación en ambientes naturales, además de incrementar su resistencia frente a potenciales peligros, como enfermedades y efectos antropogénicos, entre otros.

Por tanto, este estudio está orientado a la caracterización genética de esta ave en Chile. En ese sentido, los resultados del presente trabajo podrían resultar en una herramienta útil al momento de generar planes de conservación del loro Tricahue, pudiéndose, por ejemplo, establecer sitios de liberación acorde a la genética de cada individuo versus la de la población a la cual se desea introducir el ejemplar.

REVISIÓN BIBLIOGRÁFICA

Cerca del 29% de las especies de loros distribuidas en todo el planeta, se encuentran en riesgo de extinción (Collar *et al*, 1994) cifra que aumenta a un 34% si sólo se consideran las especies de Latinoamérica y el Caribe (Collar & Juniper, 1992; Snyder *et al*, 2000). Según Bennett & Owens (1997), la familia *Psittacidae* presenta una de las mayores proporciones de especies en peligro dentro de las aves. Las principales amenazas para estas aves son la degradación de su hábitat natural y la captura de individuos para su comercialización, constituyendo una parte importante dentro del mercado negro global de vida silvestre (Collar & Juniper, 1992; Snyder *et al*, 2000; WWF, 2011). Además, la introducción de especies exóticas predadoras, competidoras y portadoras de enfermedades nuevas, sumado a la persecución y matanza por considerárseles plagas de cultivos, constituyen también amenazas importantes para los loros (Galaz, 2005; Masello & Quillfeldt, 2006; Rojas, 2008).

En Chile, la familia *Psittacidae* está representada por 3 géneros y 4 especies nativas que viven en forma silvestre: el género *Enicognathus* al cual han sido asignadas la especie endémica *E. leptorhynchus* (Choroy) y *E. ferrugineus* (Cachaña), el género *Psilopsiagon con la especie P. aurifrons* (Periquito cordillerano) y el género *Cyanoliseus* con la especie *C. patagonus* (Tricahue). Además, se encuentra la especie *Myiopsitta monachus* (Cotorra argentina), de la misma familia *Psittacidae*, la cual fue introducida al país desde Argentina (Araya & Millie, 1996; Galaz, 2005; Rojas, 2008; Jaramillo, 2009).

Cuando el hombre llegó a habitar el actual territorio nacional, el Tricahue ya lo hacía desde hace más de 40.000 años. Desde entonces, este loro ha formado parte del paisaje natural y ha interactuado con las diversas culturas que ahí han existido (Vargas & Squeo, 2014). A pesar de esta larga convivencia, la cantidad de individuos de esta especie no está clara. Existen datos diversos según distintos estudios: Glade (1985) estimó que a principios de 1980 la población no superaba los 3300 ejemplares la cual, además, estaba fragmentada en dos subpoblaciones, una norte y una sur. Fuenzalida (2005) estimó en su estudio un total aproximado de 1497 ejemplares en todo el país, 19,5% en la Región de Coquimbo (IV Región), 32% en la Región de O´Higgins (VI Región) y 47% en la Región del Maule (VII Región). Galaz (2005), según los resultados de un taller realizado el año 2002, si bien no estima un número total de individuos, señala que la población del sur (VI y VII regiones) concentraría al 85% de la población total de loro Tricahue. Finalmente, Rojas (2008), según el estudio realizado en el año 2006, estima en más de 2500 los

ejemplares en la IV Región, los que corresponderían a más del 50% de la población total del país, presentándose la mayor concentración de individuos en la comuna de Monte Patria de dicha Región, con 1224 ejemplares.

El estado de conservación del Tricahue ha sido de interés para el gobierno de Chile. En 1972 el Decreto Supremo N°40, en su artículo segundo, señala que se prohíbe la caza, transporte, comercialización, posesión e industrialización de especies de fauna chilena. En septiembre de 1996, la Ley de Caza N° 19473 (D.S. N°5 /1996) prohíbe la caza o captura de distintas especies. En ambas disposiciones, el Tricahue se encuentra dentro de las listas de especies protegidas (Galaz, 2005). Rottmann y López Callejas (1992), en la Estrategia Nacional de Conservación de Aves, lo señalan como una especie *En Peligro de Extinción*, Glade (1993) en el Libro Rojo de los Vertebrados Terrestres de Chile, califica a esta especie como *En Peligro*, Estades (2001) lo cataloga como *Vulnerable.*

En el 2007, el Reglamento de Clasificación de Especies (RCE), ubica al loro Tricahue, mediante el D.S. 151 MINSEGPRES 2007 (1er Proceso RCE) en la categoría de *En Peligro de Extinción* para la III (Región de Atacama) y IV Región y como *Vulnerable* para la VI y VII Región (Glade, 1993; Galaz, 2005; Rojas, 2008).

Además, al igual que la mayoría de los Psitácidos, esta especie se encuentra incluida en el apéndice II de la Convención sobre el Comercio Internacional de Especies Amenazadas de Fauna y Flora Silvestre (CITES), la cual regula el comercio internacional de las especies amenazadas a nivel mundial (CITES, 2011), lo que implica que la especie puede ser comercializada bajo ciertas condiciones establecidas por la convención, no distinguiendo a nivel de subespecies lo que podría ser perjudicial para el Tricahue.

Los centros de rehabilitación y reproducción para esta especie en el país, son el Comité Nacional pro Defensa de la Flora y Fauna (CODEFF), Centro de Rehabilitación Eco-Norte para Loros Tricahue y Rapaces en la IV Región, Centro de Rehabilitación de Fauna, Sr. Francisco Gillmore en la VII Región y el Zoológico Metropolitano de Santiago. Este último, con el apoyo de la Hidroeléctrica La Higuera, desarrolló un programa de investigación y educación ambiental para la conservación del loro Tricahue que implica la recolección de datos científicos y el trabajo en programas de educación ambiental con las comunidades del sector. Ninguno de estos centros realiza liberaciones de loros Tricahues (González, 2006; SAG, 2015).

Antecedentes de Cyanoliseus patagonus

1. Taxonomía

Este taxón fue descrito originalmente por Louis Jean Pierre Vieillot en el año 1818 con el nombre de *Psittacus patagonus*. Actualmente, se describen 4 subespecies en base a sus características morfológicas y área de distribución: *C. p. bloxami* en Chile y *C. p patagonus*, *C. p. andinus* y *C. p. conlara* en Argentina (Darrieu, 1980; Nores & Yzurieta, 1983; Bucher & Rinaldi, 1986; Masello *et al*, 2011).

En un viaje realizado a Chile, entre el 28 de septiembre de 1824 y el 15 de marzo de 1825, en el HMS Blonde, a cargo del capitán Lord Byron, el Naturalista Andrew Bloxam recolectó y caracterizó variados especímenes entre ellos uno de loro Tricahue (*C. p. bloxami*) y otro de Choroy (*Enicognathus leptorhynchus*), a ambos los nombró como "Psittacus Parakeet". En la descripción del Tricahue, junto al nombre agregó "Concepción" y junto al del Choroy "Chile", refiriéndose al lugar donde habían sido recolectados. Estos especímenes quedaron en el Museo de Historia Natural Británico donde durante mucho tiempo fueron confundidos y mal catalogados: el Tricahue era conocido como *C. p. byroni* pero que, en definitiva, describía al Choroy. Olson (1995), da cuenta que la subespecie chilena no había recibido nombre propio y propone el de *Cyanoliseus patagonus bloxami*.

2. Morfología

Las cuatro sub especies existentes, han sido catalogadas como tal desde el punto de vista morfológico (Darrieu 1980, Nores & Izurieta, 1983), siendo la sub especie chilena la que presenta una mayor diferencia con respecto a las otras. No obstante, mediante el uso de taxonomía molecular, un estudio genético realizado por Masello *et al* (2011) confirma que la subespecie *conlara* es un hibrido entre la *andinus* y la *patagonus*, es decir que a pesar de presentar una diferenciación morfológica, presenta características genéticas tanto de *andinus* como de *patagonus* y además, señala que individuos catalogados fenotípicamente como *patagonus*, genotípicamente no siempre lo son, no siendo el caso del *andinus*, el cual presenta similitud tanto genotípica como fenotípicamente.

Tabla 1. Clasificación taxonómica *Cyanoliseus patagonus*

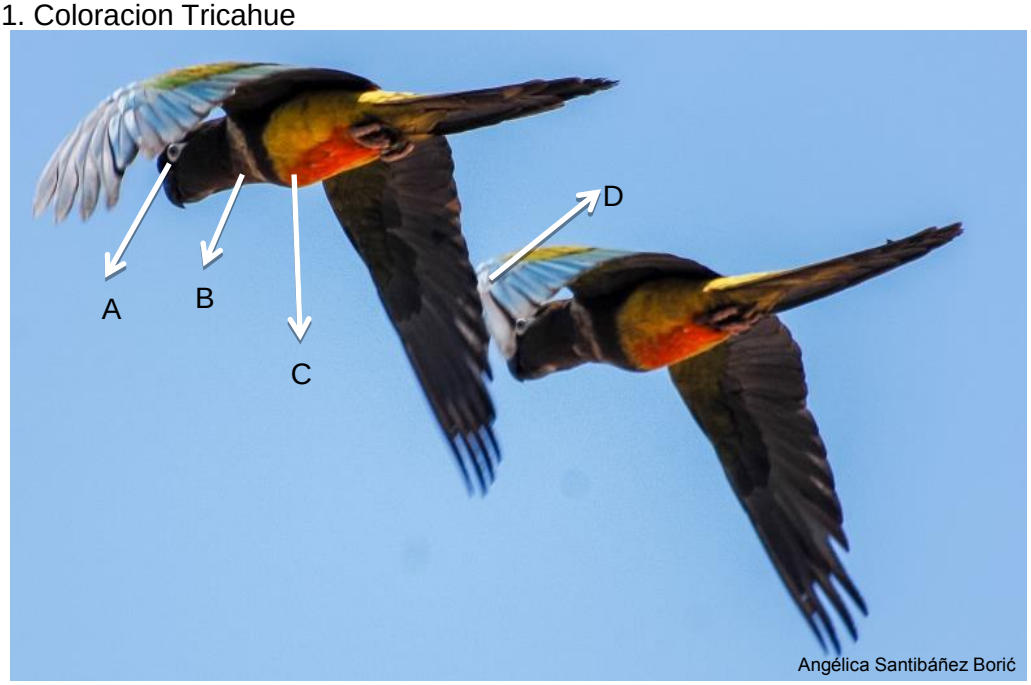
TAXON	**CLASIFICACIÓN**
Clase	Aves
Subclase	Neornithes
Superorden	Neognathae
Orden	Psittaciformes
Familia	Psittacidae
Género	Cyanoliseus Bonaparte
Especie	*Cyanoliseus patagonus (*Veillot, 1818*)*
Subespecies	*Cyanoliseus patagonus bloxami* (Olson, 1995*)*
	Cyanoliseus patagonus patagonus (Vieillot, 1818)
	Cyanoliseus patagonus andinus (Dabbene & Lillo, 1913)
	Cyanoliseus patagonus conlara (Nores & Yzurieta, 1983)
Nombres comunes	Tricahue (Chile), Trikau (mapudungún), Barranquero (Argentina), Burrowing parakeet, Burrowing Parrot y Patagonian Conure (ingles)

Fuente: Plan Nacional de Conservación del Tricahue en Chile, Galaz, 2005.

En general, *C. patagonus* presenta un tamaño que va desde 42 a 46 cm, pesa de 225 a 300gr, con una cabeza proporcionalmente grande, pero con un pico y cara aplanados. Un estudio realizado con poblaciones argentinas (Masello & Quillfeldt, 2003), da cuenta que parámetros morfométricos podrían variar según el sexo y con las condiciones medioambientales, especialmente con fenómenos como La Niña.

Con respecto a su coloración (Figura 1), la cabeza, el cuello y el dorso son de color verde oliváceo; la garganta y el pecho, verde grisáceo; en la parte superior del pecho luce una banda blanca siendo la subespecie chilena la única que presenta esta banda pectoral completa; la rabadilla, las plumas supracaudales, los flancos y el abdomen presentan una coloración amarillo vivo, en el abdomen se aprecia una mancha central naranja oscura; las plumas primarias y secundarias, visibles al vuelo, son dorsalmente azules y presenta una cola verde con las plumas centrales más largas. La zona periocular está desnuda y es de color blanco con forma de lágrima, la pupila es negra y el iris blanco a celeste; el pico es gris oscuro con la maxila característicamente curvada hacia abajo, las patas, cortas y robustas, son rosado pálido con cuatro dedos zigodáctilos. (Manríquez, 1984; González, 2006; Rojas, 2008; Jaramillo, 2009).

Figura 1. Coloracion Tricahue



A: zona periocular con forma de lágrima y de color blanco; B: banda pectoral completa blanca característica de la subespecie chilena; C: abdomen amarillo con mancha central naranja; D: plumas primarias y secundarias dorsalmente azules.

2.1. Diferencias morfológicas entre subespecies

Las subespecies argentinas presentan una talla menor que la chilena y una banda pectoral incompleta.

C. p. andinus y *C. p. conlara* presentan una coloración abdominal menos amarillenta y más verdosa. En cuanto a la mancha abdominal naranja, *C. p. patagonus* tiene una mancha grande y definida, por el contrario, *C. p. andinus* tiene una mancha pequeña y mal definida, mientras que *C. p. conlara* también tiene una mancha pequeña pero bien definida.

En general, *C. p. conlara* se diferencia de las otras subespecies argentinas porque posee una coloración más oscura y uniforme de la garganta y pecho. La espalda también es más oscura y el amarillo verdoso del lomo y rabadilla es un color intermedio de las otras subespecies (Nores & Izurieta, 1983).

2.2. Dimorfismo sexual y adulto-juvenil

Varios autores concuerdan con que el dimorfismo sexual es casi imperceptible y la principal diferencia está dada en el tamaño corporal: el macho es un 5% más grande que la hembra (Masello & Quillfeldt, 2003). Otras diferencias son que la hembra posee una cola más corta y presenta una variación sutil en la mancha blanca en torno a los ojos, ya que finaliza en un ángulo

más agudo que en el macho. Las hembras presentan mayor brillo en las regiones azules de su plumaje y por el contrario, los machos presentan mayor brillo en las regiones verdes (Masello et al, 2009). En los machos el pico alcanza un mayor tamaño y su garganta es más abultada, la mancha ventral, naranja oscura, es de mayor tamaño en los machos adultos que en las hembras, siendo además un buen predictor de la talla y condición corporal del macho (Masello & Quillfeldt, 2003; Masello *et al*, 2004). En un estudio de Masello *et al* (2009) se midieron los espectros de reflectancia de diferentes regiones del plumaje de machos y hembras de esta especie, teniéndose como resultado que existe un discreto pero significativo dicromatismo sexual en los adultos, lo cual sería concordante con que especies monógamas muestren una menor diferencia de coloración entre los géneros (Moller & Birkhead, 1994; Owens & Hartley, 1998), a su vez, este estudio también concuerda con trabajos previos (Anderson, 1994; Jones & Hunter, 1999; Masello *et al*, 2002; Masello & Quillfeldt, 2003; Masello *et al*, 2004) donde se estima que este dimorfismo sexual tiene relación con la condición de monogamia observada en la especie.

Las diferencias entre un juvenil y un adulto, descritas para el Tricahue, serian que el color del borde superior del pico en el juvenil es blanco, característica que desaparece aproximadamente tres meses después de abandonar el nido como volantón, mientras que en el adulto es gris (Manríquez, 1984; Vargas & Squeo, 2014), el colorido general de las plumas de los juveniles es menos llamativo, las patas son de color café claro y no rosado como los adultos y el color del iris es negro, mientras que en los adultos es de un color muy claro, entre blanco a celeste (González, 2006; Rojas, 2008).

3. Distribución y hábitat

Según propone Masello *et al* (2011), la totalidad de las poblaciones argentinas son el resultado de un evento de expansión único, efectuado por una bandada chilena, hace 55.000 - 126.000 años atrás, en el Pleistoceno Superior a Tardío, siendo ese grupo el que posteriormente da lugar a los linajes mitocondriales argentinos que existen en la actualidad. Los Tricahues habrían cruzado la Cordillera de los Andes por un paso de la zona norte de la distribución actual, con una altura cercana a los 3.000 msnm.

Históricamente, la distribución de la sub especie chilena se relacionaba con las áreas de matorral de la zona central del país, con presencia de colonias costeras y andinas hasta los 1900msnm; abarcando desde el río Copiapó, en la III región de Atacama (27º 40’ S) hasta Valdivia (39º 50’ S) en la XIV región de Los Ríos (Galaz, 2005; Rojas, 2008). Hoy, su área de distribución ha disminuido considerablemente y se encuentra fragmentada en dos grandes áreas, las que se restringen a cajones precordilleranos de las regiones VI y VII y a las quebradas de las provincias

de Elqui y Limarí, en la IV Región (Figura 2). No hay registros de colonias costeras desde hace más de 20 años (Galaz, 2005) aunque avistamientos posteriores los sitúan en la costa de la VI Región, en el cordón de Idahue (Alzamora *et al*, 2009). Sin embargo, estos avistamientos podrían deberse a una dispersión estival. También se han observado algunos individuos en las cercanías de Paine en la Región Metropolitana, pero no se ha comprobado la presencia de alguna lorera.

El área de distribución actual del Tricahue se sitúa en la región preandina de la Cordillera de los Andes, tanto para las poblaciones del norte como para las del sur, si bien las características de relieve son bastante similares, las condiciones de vegetación y humedad son totalmente opuestas (Vargas & Squeo, 2014), se presentan estaciones definidas, con verano seco y precipitaciones en la época invernal, las que pueden ser muy escasas en el área de distribución más septentrional. Las temperaturas promedio del área de distribución norte son más altas que las de la zona sur, donde las medias anuales fluctúan alrededor de 14,6ºC. En el norte ocupa áreas donde predominan los arbustos y una vegetación herbácea con presencia de algunos árboles, que corresponde a matorral árido, mientras que en el sur se caracteriza por un matorral boscoso y húmedo: bosque esclerófilo y bosque caducifolio pre andino (Vargas & Squeo, 2014). También habita en quebradas abruptas y profundas de ríos, esteros y lagos. (Galaz, 2005; González, 2006).

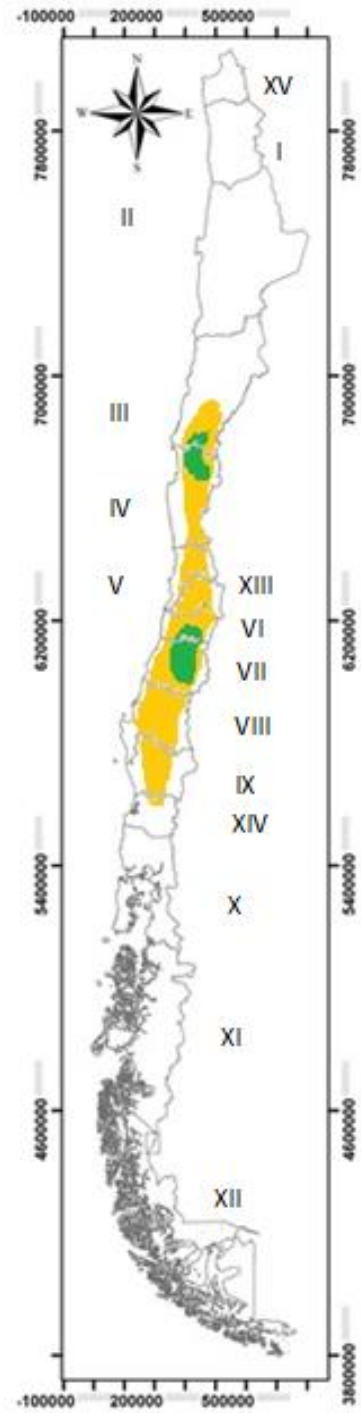
Interesante resulta la adaptación al ambiente urbano que se ha registrado en Monte Patria, IV Región ya que cada noche llegan los Tricahues a posarse sobre el tendido eléctrico, el cual les proporciona resguardo y seguridad como dormidero (Rojas, 2008; Vargas & Squeo, 2014).

Las subespecies argentinas, se distribuyen desde la región de los Andes en el noroeste (24°S) hasta las estepas patagónicas en el sur (46°S) (Bucher & Rinaldi, 1986). Habitan generalmente zonas de pastizales, estepas arbustivas xerófilas, zonas con bosques marginales de algarrobo y áreas rurales andinas y patagónicas. Su distribución coincide en gran parte con formaciones vegetales semidesérticas.

3.1. Territorialidad

Estos loros presentan una conducta gregaria, por lo que su nivel de territorialidad es bajo, de hecho, interactúan con individuos de otras loreras en los sitios de descanso y de alimentación, lo que sugiere que además existe intercambio genético entre individuos de distintas loreras y/o colonias (Rojas, 2008).

Figura 2. Mapa de distribución del loro Tricahue, Cyanoliseus *patagonus bloxami*



Distribución histórica

Distribución actual

XV Región de Arica y Parinacota, I Región de Tarapacá, II Región de Antofagasta, III Región de Atacama, IV Región de Coquimbo, V Región de Valparaíso, XIII Región Metropolitana de Santiago, VI Región del Libertador Bernardo O'Higgins, VII Región del Maule, VIII Región del Biobío, IX Región de La Araucanía, XIV Región de Los Ríos, X Región de Los Lagos, XI Región de Aisén del General Carlos Ibáñez del Campo, XII Región de Magallanes y la Antártica Chilena. Adaptado de Galaz, 2005.

3.2. Desplazamientos

C. patagonus es considerada como una especie migratoria dentro de su área de distribución, ya que realiza desplazamientos masivos a lo largo de las estaciones del año y diariamente hacia los lugares de alimentación, por la gradiente altitudinal (González, 2006; Masello & Quillfeldt, 2006). Los traslados los realizan generalmente en bandadas, aunque es posible observarlos volando solos o en parejas, con un vuelo batido, directo y veloz, pudiendo desplazarse hasta 100 km diarios a una velocidad que alcanza los 60 km/h. Vuelan apegados a las laderas de los cerros, quebradas encajonadas y/o vegetación arbórea, evitando los espacios abiertos y si así lo hacen, su vuelo toma una altura considerable (Cruz & Muñoz, 1986; Rojas, 2008). Vargas y Squeo (2014) utilizaron datos de telemetría satelital con detectores GPS instalados en algunos individuos en el norte de Chile y determinaron que pueden llegar a desplazarse cerca de 50 km.

4. Alimentación

Al igual que otros psitácidos consumen semillas, frutos silvestres, flores y néctar de diferentes especies vegetales. La alimentación la realizan en grupo, entre el follaje de los arbustos o árboles, aunque también lo hacen del suelo. Utilizan su pico para transportar frutos y romper las cubiertas de las semillas que consumen para lo cual, se ayudan de sus dedos con los que sostienen sus alimentos (Beltrami *et al*, 2004; Corvalán & Jiménez, 2010). Es común que mientras están posados sobre una especie vegetal, consuman el fruto de otra especie (Rojas, 2008).

En los momentos de alimentación muestran una gran actividad, la cual se manifiesta a través de la emisión de gritos de amenaza, además, es habitual observar intercambio de alimento entre las parejas como parte de sus vínculos sociales (Beltrami *et al*, 2004; Rojas, 2008).

La dieta del Tricahue incluye una variada cantidad de especies vegetales silvestres, destacando la retamilla (*Retanilla ephedra*) especialmente en la época de primavera donde la consumen directamente sobre el arbusto o en el suelo picoteando los frutos caídos (Manríquez, 1984). También se alimentan, según la zona dónde se encuentren de retamo (*Diostea juncea*), boldo (*Peumus boldus*), bollen (*Kageneckia oblonga*), olivillo o frangel (*Kageneckia angustifolia*), clonque (*Acaena splendens*), rosa mosqueta (*Rosa moschata*), chagual (*Puya berteroniana*), alfilerillo (*Geranium sp*), diente de león (*Taraxacum officinale*), peumo (*Cryptocarya alba*), quillay (*Quillaja saponaria*), colliguay (*Colliguaja odorifera*), maitén (*Maytenus boaria*), corontilla (*Escalonia pulverulenta*), romerillo (*Baccharis linearis*), maqui (*Aristotelia chilensis*), litre (*Lithrea caustica*), roble (*Nothofagus obliqua*), hualo (*Nothofagus glauca*), algarrobo (*Prosopis chilensis*), carbonillo (*Cordia decandra*), algarrobilla (*Balsamocarpon brevifolium*), chañar (*Geoffroea decorticans*), quintral del quisco (*Tristerix aphylus*), copao (*Eulychnia breviflora*), pacul (*Krameria cistoidea*),

guayacan (*Porlieria chilensis*), pimiento (*Schinus molle*), corona de fraile (*Encelia canescens*) y espino (*Acacia cavens*). De las especies cultivadas se destacan el trigo, el maíz y los frutos de cerezas, nísperos, damascos, almendras dulces, uvas y las higueras asilvestradas (*Ficus carica*) de la IV Región de Chile (Manríquez 1984; Cruz & Muñoz 1986; Villa & González, 1993; Rojas, 2008; Corvalán & Jiménez, 2010; Vargas & Squeo, 2014).

En un estudio realizado en la IV Región (Rojas, 2008), se determinó que el consumo de frutos cultivados por parte de los Tricahues, estaba muy por debajo del consumo de frutos silvestres y que cuando ocurría dicha situación, estas aves se alimentan del tercio superior de los árboles, donde generalmente los frutos se pierden al no poder ser alcanzados por sus propietarios.

5. Estructura Social

Las colonias son agrupaciones numerosas de loros, en las cuales éstos permanecen unidos e interactuando durante todo el año (Manríquez, 1984; Masello & Quillfeld, 2003). En la época de reproducción la interacción se realiza en torno al sitio de nidificación: la lorera (González, 2007). Las colonias de esta especie presentan un funcionamiento diario, pudiendo observarse conductas marcadas que corresponden a: Descanso, normalmente se posan sobre salientes rocosas, donde están sus nidos o en árboles secos, lo hacen en parejas o pequeños grupos generalmente al mediodía para evitar las horas de mayor calor (Galaz, 2005; Rojas, 2008); Arreglo del plumaje, lo realizan posados sobre árboles, en forma individual o colectiva, de manera muy minuciosa dedicando muchas horas del día, fortaleciendo los lazos de pareja, familiar y de la colonia completa, es común que se presente una conducta de “darse besos”, la que consiste en morderse suavemente los picos (Figura 3) (Galaz, 2005; Rojas, 2008); Comunicación colectiva, la realizan durante todo el día, principalmente al amanecer y al atardecer, lo hacen emitiendo ruidosas vocalizaciones, pero también existen comunicaciones gestuales como vuelos circulares sobre el sitio de los nidos con ascensos y descensos veloces, agresiones físicas, caricias y movimientos de cabeza (Galaz, 2005; Rojas, 2008); Abastecimiento de agua, beben y se bañan a la misma hora y en el mismo sitio, agrupados por turnos, en la riberas o cursos de distintos cuerpos de agua para lo cual se agachan hasta el borde y beben mediante sorbos cortos y numerosos (Galaz, 2005; Rojas, 2008); Actividades lúdicas, una conducta descrita como recurrente por Rojas (2008) es la que presentaban Tricahues de una lorera de la IV región, en la que un juvenil se colgaba con el pico de una rama, dejándose llevar por el viento en una actitud de planeo; y Alarma, normalmente se expresa en presencia de extraños, caracterizándose por la emisión de fuertes sonidos, seguidos por una inquietud colectiva que finaliza cuando el eventual peligro desaparece (Galaz, 2005; Rojas, 2008).

En términos de jerarquía social se ha observado que existe predominancia de uno, dos o tres individuos al interior de un grupo, a los cuales se les llama vigías. Se desconoce cómo son elegidos estos líderes, pero lo más aceptado, es que son los individuos más viejos (Rojas, 2008). Estos líderes ocupan la posición más alta del grupo cuando están posados en los árboles (perchas) además, mantienen una actitud de vigilancia ocupándose de la seguridad del grupo cuando realizan alguna actividad como beber, alimentarse o entrar a sus nidos (Manríquez, 1984). Cuando un grupo se apresta a salir en vuelo, es el líder quien dirige la acción dando la partida y orden del grupo (Galaz, 2005; Rojas, 2008).

Figura 3. Arreglo del plumaje

Al momento de acicalarse se refuerzan los lazos familiares. Se observa a dos Tricahues en la actitud de “darse beso”.

5.1. vocalizaciones

Manríquez (1984) describe vocalizaciones según el tipo de actividad que realizan estos loros:

a) Durante el descanso emiten esporádicamente, sonidos como el del piar de un pollo de gallina.
b) Durante una riña, amenaza y apareamiento, emiten un gruñido.
c) En el vuelo u otras actividades, realizan un sonido corto y de un tono alto. El sonido lo comienzan unos pocos individuos y se van sumando cada vez más, hasta que el de mayor jerarquía sale volando y es seguido por el resto.
d) Cuando se encuentran muy asustados y a modo de amenaza, emiten un grito muy ruidoso y continuo, en el cual es posible escuchar una mezcla de las vocalizaciones anteriores.

6. Depredadores

Debido a sus llamativas características morfológicas y a una conducta social gregaria y ruidosa, esta especie no pasa desapercibida en su hábitat, haciéndose más susceptible para sus depredadores, entre los que se encuentran el aguilucho (*Buteo polyosoma*), jote de cabeza colorada (*Cathartes aura*), zorro chilla (*Pseudalopex griseus*), gato colocolo (*Leopardus colocolo*), gato doméstico (*Felis silvestris catus*), perro doméstico (*Canis lupus familiaris*), águila (*Geranoaetus melanoleucus*) y peuco (*Parabuteo unicinctus*) (Galaz, 2005; Vargas & Squeo, 2014).

7. Reproducción

Durante la época de reproducción *C. patagonus* incrementa la interacción e intercambio de estímulos entre los miembros de la colonia, apreciándose mayormente en las loreras y su entorno (González, 2007).

La reproducción se realiza en parejas que se mantienen unidas durante toda su vida, siendo monógamos puesto que, no hay participación de individuos externos a la pareja, tanto en la cópula como en el cuidado parental (Beltrami *et al*, 1995; Masello *et al*, 2002; Masello & Quillfeldt, 2003; Masello *et al*, 2004; Masello & Quillfeldt, 2004a). Si bien presentan desplazamientos dentro de su área de distribución, ostentan una fidelidad al sitio de nidificación, reflejado en que las parejas usan los mismos nidos que han excavado en estaciones previas (agrandándolos cada año) y los pichones, una vez adultos, regresan a nidificar muy cerca de su nido de origen (Masello & Quillfeldt, 2006).

El ciclo reproductivo presenta algunas variaciones en cuanto a las fechas de inicio y término, dependiendo principalmente de si se refiere a poblaciones naturales o en cautiverio, si las poblaciones son argentinas o chilenas y la distribución latitudinal de estas. En la Tabla N°2 se muestra el ciclo reproductivo del Tricahue, para una lorera en estado silvestre, del norte de Chile.

7.1. Apareamiento

El macho tiene una conducta de ostentación ante la hembra antes de la cópula: presenta un plumaje conspicuo y realiza variados movimientos y posturas como reverencias, saltos, aleteos, movimientos de la cola y ensanchamiento del iris (Rojas, 2008). La pareja se picotea suavemente, aseándose especialmente la cabeza y el cuello. También hay un intercambio de alimento regurgitado el que generalmente, se realiza previo a la cópula. Durante el apareamiento la hembra adopta una postura agachada típica, luego el macho coloca una de sus patas sobre el dorso de la hembra, ella levanta la cola y el macho ubica la suya por debajo. En dicha posición, el macho

inicia un suave movimiento oscilante y discontinuo, de intensidad variable que puede durar entre 30 y 150 segundos, emitiendo un sonido característico (Galaz, 2005; Gonzáles, 2007; Rojas, 2008).

7.2. Nidificación

Los nidos son ocupados uno o dos meses antes de la postura (Manríquez, 1984). Estos se ubican al fondo de túneles excavados por ellos mismos, situados en barrancos, los que se encuentran a las orillas de los ríos, quebradas o caminos (Figura 4). Miden aproximadamente 1,5 metros de profundidad (pudiendo alcanzar hasta 3 metros) y 20 cm de diámetro en la entrada, ampliándose en el fondo para que se reúna la pareja (Glade, 1985). En algunos casos los nidos se interconectan, encontrándose dos o más entradas que llevan a una sola cámara de incubación. No utilizan ningún tipo de material externo adicional para preparar sus nidos, simplemente depositan sus huevos sobre la arena y cada pareja realiza labores de ampliación y limpieza, anidando una vez por cada temporada reproductiva (Masello & Quillfeldt, 2002; Galaz, 2005; Rojas, 2008).

Un estudio realizado en 88 barrancos con 14 loreras activas, en la quebrada Los Choros (IV región, Chile) demostró que existe preferencia por construir los nidos en las paredes de los barrancos, ya sean de origen natural o antrópico, con una orientación sur ya que estas presentan una menor temperatura y fluctuación térmica, favoreciendo así un desarrollo adecuado de los huevos y polluelos (Vargas & Squeo; 2014).

7.3. Postura e Incubación

La hembra tiene una única postura por temporada reproductiva, donde puede poner entre dos a cinco huevos blancos, relacionándose el número de éstos directamente con condiciones ambientales favorables (Masello & Quillfeldt 2002; Rojas 2008). La incubación dura aproximadamente 24 días, aunque se han registrado periodos de incubación hasta por 32 días (Masello & Quillfeldt, 2002). Este proceso lo realiza solo la hembra, pero el macho se encarga de su alimentación. En esta etapa se pueden presentar abandonos de los nidos producto de disturbios en el ambiente (Masello *et al*, 2002; Rojas, 2008) por lo que se recomienda no realizar intervenciones como observaciones de nidos, hasta por lo menos cinco días después de la eclosión en el último nido (Masello & Quillfeldt, 2003). Sin embargo, estudios realizados en Chile (González, 2006; HydroChile, 2009; Endesa Chile, 2011) han mostrado que durante la construcción de centrales hidroeléctricas de paso no se han producido abandonos de los nidos.

7.4. Eclosión

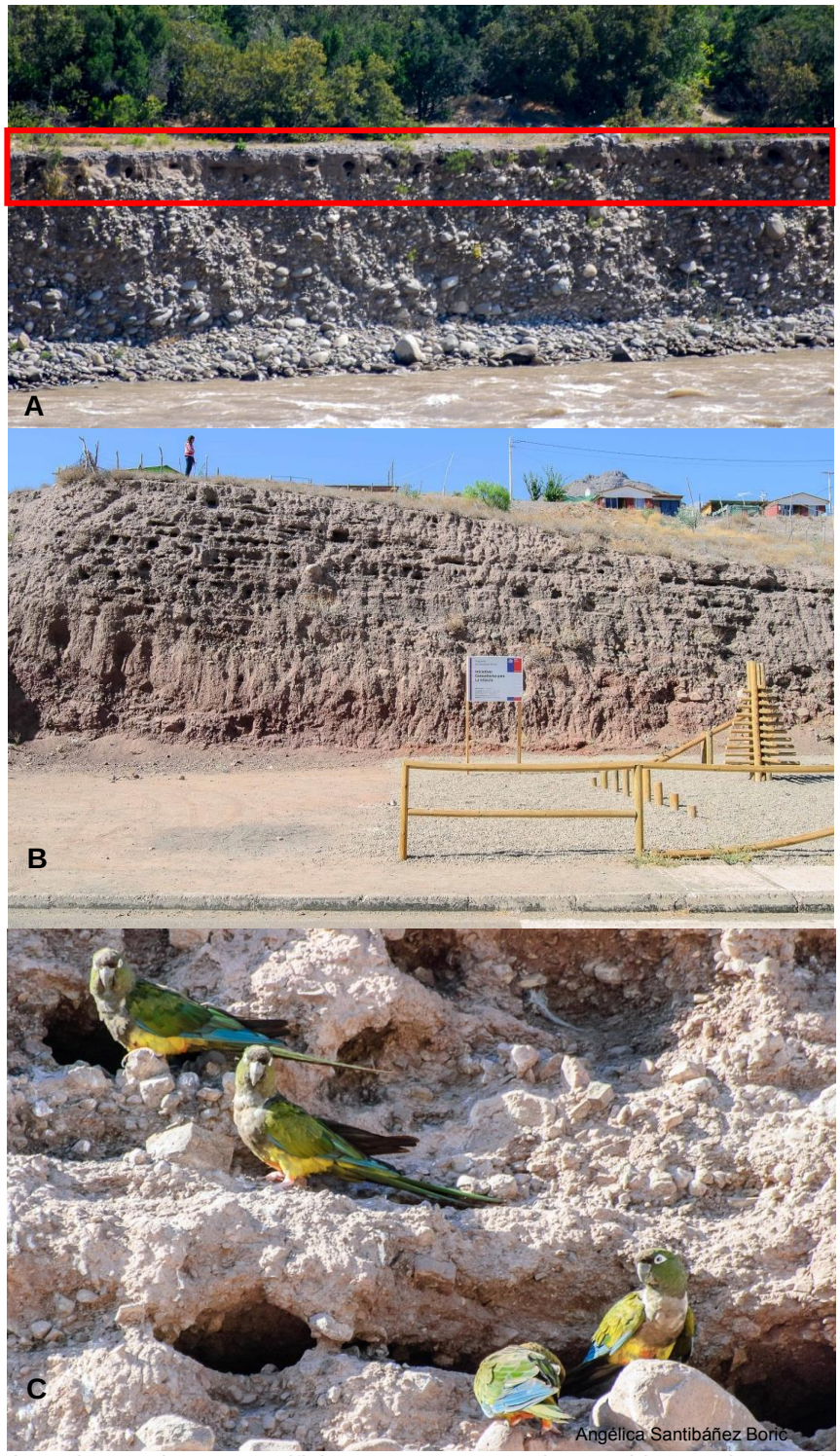
Se produce de manera asincrónica durante un promedio de dos días. Una vez que los polluelos nacen, sus padres tiran las cáscaras de los huevos afuera de los nidos, pudiendo encontrarlas a los pies de las loreras (Masello & Quillfeldt, 2002; Galaz, 2005; González, 2007), lo cual fue observado durante la realización del muestreo.

Las crías presentan un plumón de color gris que mantendrán hasta las tres semanas de edad, luego aparecen las plumas: rectrices primero y primarias después. Las plumas secundarias, cobertoras alares mayores y medianas, supra caudales y las de la corona y mejillas, aparecen a la cuarta semana de vida. En la quinta semana, aparecen las plumas color naranja del abdomen, las blancas de la garganta y luego las amarillas del abdomen. Una semana después, se desarrollan las sub caudales y finalmente, las de los flancos y pecho (Manríquez, 1984).

7.5. Crianza

Los polluelos permanecen en el nido alrededor de dos meses, luego aprenden a volar y son alimentados por sus padres durante cuatro meses (Masello & Quillfeldt, 2002; González, 2007; Rojas, 2008).

Figura 4. Nidificación



A: dentro del cuadro rojo se observan orificios que corresponden a nidos en la pared de un barranco a orillas de un río. Lorera la Capilla, VII Región. B: pequeña lorera en barranco artificial a orillas del camino. El Espinal, IV Región. C: parejas de Tricahues en la entrada de su nido.

Tabla 2. Fechas relevantes en el proceso reproductivo de *Cyanoliseus patagonus bloxami* en Monte Patria, región de Coquimbo, Chile

	Día	JUL	AGO	SEP	OCT	NOV	DIC	ENE	FEB	MAR	AB-JUN
Uso de nidos, cortejo y apareamiento											
Postura de huevo	0										
Incubación	0 al 24										
Eclosión	24										
Desarrollo pollos en nido	24 al 87										
Primera salida del nido y vuelo de volantones	87										
Alimentación parental ya fuera del nido	87 al 210										
Resto del ciclo biológico anual											

Fuente: Rojas, 2008.

Genética y Conservación: estudios en Psitácidos

La genética de la conservación, es una disciplina científica que surge al alero de la biología de la conservación cuando fueron asociados problemas de carácter genético a las especies en peligro de extinción (Rocha & Gasca, 2007). Bajo esta mirada, sus objetivos centrales son evaluar el estado genético de las poblaciones mediante el uso de marcadores moleculares, proponer medidas para mantener la diversidad genética y prevenir los riesgos de naturaleza genética para la persistencia de las poblaciones (Godoy, 2009). Con la utilización de esta herramienta molecular, es posible resolver problemas de tipo taxonómico como identificación de especies e híbridos, rastreo de origen, estimación de tiempos de divergencia entre poblaciones, establecer relaciones filogenéticas, inferir procesos demográficos que han actuado sobre las poblaciones, análisis de paternidad, entre otras aplicaciones.

En conservación, uno de los aspectos a considerar dentro de los planes estratégicos, es el manejo de las poblaciones. Este puede darse tanto *ex situ* como *in situ*, siendo esta última la más efectiva desde el punto de vista de conservación debido a que se mantienen las relaciones ecológicas de la especie. Sin embargo, en ciertos casos la conservación *ex situ* puede constituir un aporte a la conservación ya que provee un almacenamiento a largo plazo de los recursos genéticos, el establecimiento de colecciones de campo y manejo de especies en cautiverio, lo que a su vez permite análisis, pruebas, propagación de especies amenazadas de la biota y sus descendientes, como por ejemplo la reintroducción y la repoblación que son dos estrategias derivadas de la cría en cautiverio (Iñigo-Elías & Enkerlin, 2002).

En ambas modalidades de manejo de la población, las herramientas moleculares pueden ser utilizadas para estimar la riqueza genética de la población y así diseñar programas de conservación. A continuación, se enuncian algunos estudios genéticos poblacionales que han permitido tomar medidas de conservación:

<u>Estudios *in situ*</u>:

1. La cotorra de Pfrimer (*Pyrrhura pfrimeri*), es endémica de Brasil y está en peligro de extinción por la pérdida de su hábitat en un área que ya está fragmentada (Miller *et al*, 2013). Antiguamente era considerada como una sub especie de la cotorra cariparda (*Pyrrhura leucotis pfrimeri*). Inicialmente, el cambio de categoría taxonómica a especie se basó en su distribución y las diferencias en el hábitat y plumaje (Joseph, 2000 y 2002). Estudios posteriores con DNA mitocondrial (Citocromo b y región control) confirmaron su estatus de especie (Ribas *et al*, 2006). En otro estudio, Miller *et al* (2013) utilizaron

marcadores moleculares nucleares del tipo microsatélites y análisis del paisaje, para determinar si los patrones de fragmentación del bosque se asocian a la estructuración poblacional que presenta esta especie. Los resultados mostraron que su estructuración poblacional no se debe a un aislamiento por distancia y que los efectos de la deforestación del bosque en la estructuración de la población se observan en un lapso de 35 años.

2. En Mangere, una de las islas que conforman las islas Chatham en Nueva Zelanda, se encuentra la única población del perico de Forbes (*Cyanoramphus forbesi*), la cual se encuentra amenazada por la presencia del perico de corona roja de las islas Chatham (C*yanoramphus novaezelandiae chathamensis*), el cual está presente en otras islas de este complejo. La población de Mangere se compone de pericos de Forbes, de corona roja e híbridos. El sacrificio de los híbridos y de los pericos de corona roja en Mangere, se ha considerado una medida urgente y esencial para asegurar la supervivencia de los pericos de Forbes (Greene 2000). Los híbridos fueron identificados por caracteres morfológicos, sin embargo, no hay evidencia que estos caracteres por sí solos sean diagnósticos para diferenciar híbridos. En consecuencia, no se sabe si estas prácticas de descarte son eficaces. Chan *et al* (2006) discuten los alcances de la introgresión genética para la supervivencia del perico de Forbes y sugieren orientaciones futuras de gestión para esta especie. Mediante estudios genéticos realizados con marcadores tanto mitocondriales (región control) como nucleares (microsatélites), se determinó que la población de pericos de Forbes presenta introgresión genética sustancial por lo que es una especie vulnerable a la extinción y su supervivencia dependerá de la gestión en conservación, proponiendo para ello el monitoreo constante, la remoción de la isla de nuevos integrantes de pericos de corona roja e identificación taxonómica molecular de los individuos fundadores de nuevas poblaciones como perico de Forbes.
3. Caparroz *et al* (2009) estudiaron las poblaciones de *Ara arauna* de Brasil, con el fin de comparar los patrones de diferenciación poblacional que se dan entre marcadores genéticos con distintos modos de herencia (nucleares v/s mitocondriales) y así generar información sobre los sesgos generados de acuerdo al sexo, en los patrones de dispersión y flujo génico de la especie. Los análisis del marcador mitocondrial (región control), de herencia uniparental, muestran la existencia de dos poblaciones principales, una en el oeste y otra en el este de Brasil las que comparten algunos haplotipos de baja frecuencia. Por el contrario, los análisis con microsatélites (marcador nuclear de herencia biparental) no muestran una estructuración de la población. Esta diferencia se genera por el flujo

génico restringido y filopatría de las hembras en contraste con el mayor rango de dispersión que tienen los machos.

En este estudio se sugiere que los dos grupos bien diferenciados con el marcador mitocondrial, deben considerarse como dos unidades de manejo diferentes para propósitos de conservación, además se refuerza el hecho de que la dispersión sesgada hacia los machos tiene un rol determinante en la estructuración de una población y que ocurre no solo en aves *paseriformes*.

Estudios *ex situ*:

1. Microsatélites diseñados en Amazona de San Vicente (*Amazona guildinguii*) permitieron estimarlas relaciones de parentesco de una población que se encontraba en cautiverio y que no contaba con una genealogía conocida. Estos resultados permitieron generar un programa de cría con información demográfica y genética que son la base para la gestión en los programas de conservación (Russello & Amato, 2004). Estos microsatélites también fueron utilizados en otras especies, como *Amazona auropalliata*, donde se demostró que no existe una relación entre la estructura genética de la población y los diferentes dialectos (Wright *et al*, 2005), en *Amazona collaria* y *Amazona agilis* para identificar individuos que habían sido confiscados producto del comercio ilegal y que fueron derivados al zoológico de Viena. La identificación de varios grupos de hermanos en ambas especies, permitió conocer que los cazadores habían tomado nidos enteros y puso de manifiesto que los programas de conservación *ex situ* deben considerar la información de pedigrí en sus diseños de cría, especialmente si son ejemplares confiscados (Ringler, 2012).
2. La guacamaya roja (*Ara macao cyanoptera*) es una especie catalogada en peligro de extinción en México, debido principalmente a su persecución para el comercio ilegal y por la pérdida de su hábitat. Hoy persisten dos pequeñas poblaciones aisladas, una de aproximadamente 50 individuos y otra de 200 individuos. Existe un programa de conservación que incluye la cría en cautiverio de esta especie para luego realizar reintroducciones en el Parque Nacional Palenque, el cual está dentro del rango de distribución original de la especie en México. Para alcanzar este objetivo un criadero donó 60 individuos a los cuales la UNAM les realizó estudios genéticos para determinar que los individuos fuesen de la subespecie reconocida como nativa de la región, además se encontró que la población en cautiverio cuenta con una variabilidad genética muy similar a la encontrada en las poblaciones silvestres. También se realizó la determinación del sexo de los individuos lo que permite la formación de pares reproductores. Como parte del

programa de reintroducción, entre abril de 2013 y junio de 2014, se realizaron seis liberaciones de un total de 92 guacamayos, la supervivencia a agosto 2014 fue del 92% (Estrada, 2014).

Estudios y conservación en *Cyanoliseus patagonus*

Desde 1998 se ha estudiado la biología reproductiva de una población de Loro Barranquero en el noreste de la Patagonia, Argentina, en la lorera El Cóndor (Masello *et al*, 2006c), la más grande de la zona. Masello y Quillfeldt (2012) revisaron los resultados de los múltiples estudios que allí se han hecho y que abordan temas tales como nidificación en colonias, depredación, selección de ambientes de nidificación y dieta de individuos adultos y sus pichones durante la temporada reproductiva, los desplazamientos tanto en la temporada reproductiva como a lo largo del año, las estimaciones de abundancia y la estructura genética de las distintas poblaciones de la especie, el rol ecológico de la especie en la región del Monte, se enfatizan los estudios llevados a cabo sobre las relaciones entre el éxito reproductivo, la condición corporal de los individuos, el estrés fisiológico y las condiciones ambientales durante la temporada reproductiva, particularmente aquellas generadas por las fases de El Niño y La Niña.

Sin lugar a dudas que estos años de estudios han generado una información biológica y ecológica importante sobre la especie que han permitido tomar algunas medidas de conservación *in situ* como una campaña local de educación y toma de conciencia sobre el valor de la colonia de loros y de las aves de la región, instalación de paneles informativos sobre la colonia y el ciclo reproductivo del Barranquero, además de la habilitación de un centro de información turística de El Cóndor (Masello *et al*, 2006c). Sin embargo, aún falta ahondar e integrar el ámbito molecular, puesto que si bien los estudios genéticos específicos en *Cyanoliseus patagonus*, que incluyen también a la subespecie chilena, no han sido muchos (Masello *et al*, 2002; Klauke *et al,* 2009; Masello *et al*, 2011), el principal problema es que no han generado una relación directa con acciones concretas en conservación de la especie.

HIPÓTESIS

1. Las poblaciones de loro Tricahue (*Cyanoliseus patagonus bloxami*) presentes en Chile corresponden a un linaje distinto de las poblaciones de loro Barranquero (*C. p. patagonus, C. p. andinus y C. p. conlara*) procedentes de Argentina.

2. Las poblaciones de loro Tricahue (*Cyanoliseus patagonus bloxami*) procedentes de la IV Región de Chile están diferenciadas genéticamente de las poblaciones de Tricahue que habitan en las regiones VI y VII de Chile, debido a la ausencia de flujo génico causada por la fragmentación del hábitat que existe en las regiones V y Metropolitana.

OBJETIVO GENERAL

Caracterizar genéticamente las poblaciones del Loro Tricahue distribuidas en Chile (*Cyanoliseus patagonus bloxami*) mediante marcadores moleculares mitocondriales.

OBJETIVOS ESPECÍFICOS

a) Seleccionar marcadores moleculares mitocondriales polimórficos que permitan establecer diferencias genéticas entre las poblaciones estudiadas.
b) Determinar la variabilidad genética entre las poblaciones de *Cyanoliseus patagonus bloxami* presentes en Chile, mediante los marcadores moleculares seleccionados.
c) Determinar las relaciones filogenéticas entre las poblaciones procedentes tanto del norte como del sur de Chile con las poblaciones procedentes de Argentina.
d) Establecer la estructuración genética entre las poblaciones de *Cyanoliseus patagonus* presentes en Chile, mediante una Análisis Molecular de Varianza (AMOVA).
e) Generar un mapa de zonas de distribución geográfica, en base a la estructuración genética de las poblaciones del loro Tricahue, que permita servir como guía en la liberación para la reintroducción de loros que provengan de centros de rehabilitación y reproducción de estas especies.

MATERIAL Y MÉTODOS

Muestreo

Se recolectaron plumas caídas de individuos de *C. p. bloxami* (Figura 5) en 14 sitios de nidificación (loreras) ubicados en la IV, VI y VII regiones (Tabla 3) de acuerdo a registros bibliográficos existentes para cada lorera (González, 2006; Rojas, 2008) (Figura 6). Las visitas a las loreras y recolección de las plumas, se realizaron entre septiembre de 2011 y febrero de 2012. Con el fin de evitar muestrear al mismo individuo, fueron recolectadas plumas grandes, como las rectrices o primarias. La cantidad recolectada varió de acuerdo al tamaño de la lorera y fueron almacenadas por lorera, a -20°C en bolsas Ziploc® previamente rotuladas, para su uso posterior.

Muestras, Genes, Amplificación y Secuenciación

La extracción de DNA genómico se hizo en un rango de 1 a 6 plumas por lorera, según disponibilidad de éstas (Tabla 3), a partir de los primeros 3mm del cálamo, utilizando el kit comercial Qiagen® Dneasy Blood and Tissue Kit. Fueron amplificados los fragmentos de genes mitocondriales Cytocromo b (Cytb), Cytocromo oxidasa subunidad I (COI) y ATPasa subunidades 6/8 (ATP6/8) mediante la técnica de reacción en cadena de la polimerasa (PCR). Cabe mencionar que estos marcadores mostraron alto polimorfismo y permitieron caracterizar las poblaciones de *C. patagonus* argentinas en el estudio de Masello *et al* (2011).

Los partidores fueron diseñados manualmente a partir de secuencias obtenidas en el trabajo de Masello *et al* (2011) y publicadas en el GenBank con los números de acceso HQ671059 para el gen ATP6/8 (*C. p. bloxami*), HQ670951 para el gen COI (*C. p. bloxami*) y GQ232230 para el gen *Cytb* (*C. p. patagonus*). Las secuencias de los partidores correspondientes a cada marcador son: ATP6/8_F 5'AAGCTAGACAAAGAGGGACC3' y ATP6/8_R 5'AGTGAGGATAGATCCTGTGG3´, COI_F 5'ATTCGGCTACATGGGTATGG3' y COI_R 5'TCCGGTAAATAGAGGGAACC3', Cytb_F 5'CGCACTATCTATCCTAATCG3' y Cytb_R 5'CCCATTCTACTAGAGTGTGG3'.

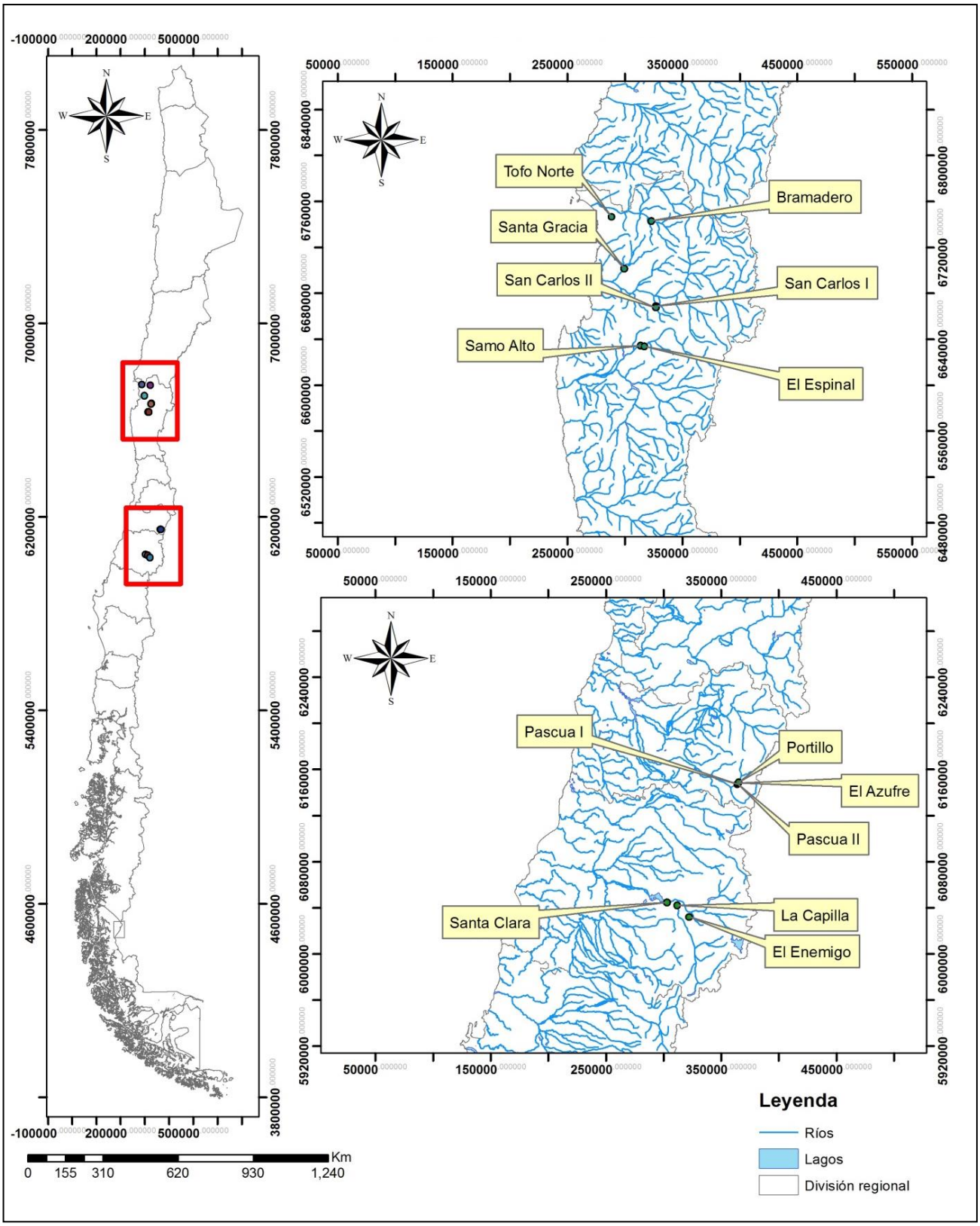
Las condiciones de PCR descritas por Masello *et al* (2011) fueron optimizadas en este estudio para los tres genes, utilizando un volumen final de 25 µL: 2,0 µL de $MgCl_2$ (25 mM); 1,0 µL de buffer de reacción (10X); 1,25 µL de mezcla de dNTPs (10 µM c/u); 0,75 µL de cada partidor (0,3 µM); 0,2 µL de Taq polimerasa (5U/µL) y 5 µL de templado de DNA. El DNA fue inicialmente desnaturalizado a 94ºC por 3 minutos, luego fueron corridos 35 ciclos de amplificación, con las siguientes condiciones: desnaturalización a 95ºC por 45 segundos para ATP6/8 y Cytb y a 94ºC por 45 segundos para COI, el alineamiento se realizó por 45 segundos a una temperatura de 56ºC

para ATP6/8, 55ºC para COI y 52ºC para Cytb, seguido de una elongación inicial a 72ºC por 45 segundos y una final de 10 minutos a 72ºC. Para conocer el tamaño del producto, éste fue separado por electroforesis en geles de agarosa al 1.0% teñidos con Gel Red Nucleic Acid Stain®. El producto amplificado fue enviado a purificar y secuenciar por ambas direcciones, en el secuenciador automático ABI3730XL (Macrogen Inc.).

Figura 5. Muestreo

A: plumas caídas a los pies de una lorera. B: recolección de plumas en la lorera San Carlos, IV Región. C: Recolección de plumas en la lorera la Capilla, VII Región.

Figura 6. Mapa de distribución de las loreras muestreadas.



Exploración de los datos

La edición de las secuencias de las hebras pesada y liviana de DNA se realizó en el programa BioEdit Sequence Alignment Editor©, versión 7.2.2 (Hall, 1999) y para la visualización del cromatograma se utilizó el programa Chromas versión 2.4 (McCarthy, 1996). La corrección del marco de lectura, de las secuencias editadas y alineadas para cada marcador molecular, fue realizada en el programa GeneDoc© versión 2.7.000 (Nicholas & Nicholas, 1997).

Para conocer el grado de diferenciación genética entre las poblaciones de Chile y Argentina y dentro de las poblaciones chilenas, se calculó la distancia genética p (Tabla 5), la cual estima la distancia evolutiva entre un par de secuencias por el número de sustituciones nucleotídicas que se producen entre ellas. Este análisis se realizó utilizando el programa Mega versión 5 (Tamura *et al*, 2011), para lo cual se generaron grupos que representan las distintas poblaciones de *C. patagonus:* para Argentina se consideraron las subespecies genéticas registradas por Masello *et al* (2011): *C. patagonus andinus* (Cpa), *C. patagonus patagonus 1* (Cp1) y *C. patagonus patagonus 2* (Cp2); en el caso de Chile, se conformaron tres grupos que reúnen a las loreras muestreadas para cada región muestreada: IV, VI y VII.

Análisis genético- poblacional: Diversidad genética

Con el fin de determinar la diversidad genética de las poblaciones de Tricahue, se calcularon los siguientes índices de diversidad para todos los individuos en el programa DnaSp© versión 5.10.01 (Rozas *et al*, 2003): número de haplotipos (h), nivel de diversidad haplotípica (Hd), número de sitios polimórficos (S) y número promedio de diferencias entre pares de secuencias (π), para cada marcador (Tabla 4).

Para estimar la cantidad de variación genética atribuible a la diferenciación genética entre grupos (θCT), entre localidades dentro de grupos (θSC) y entre localidades relativas a la muestra total (θST), se realizó una Análisis Jerárquico de la Varianza Molecular (AMOVA) (Excoffier *et al*, 1992) utilizando el programa ARLEQUIN 2000© (Schneider *et al*, 2000) (Tabla 6).

Se realizó un análisis de redes (Median Networks o Median Joining Networks), por marcador molecular (figura 7), para inferir las relaciones y particiones geográficas entre haplotipos, para lo cual se utilizó el programa Network© versión 4.6.1.1 (Polzin & Daneshmand, 2003). Este método permite establecer conexiones entre haplotipos dadas por el número mínimo posible de mutaciones entre ellos, describiendo las relaciones evolutivas en forma de árboles multibifurcantes

y puede, además, orientar acerca de la historia demográfica de una población determinada (Forster, 2004; Vázquez *et al*, 2009).

Además, con el programa QGIS versión 2.14.0- Essen, se generaron mapas por marcador molecular con el análisis de redes. Estos permiten representar geográficamente la red de haplotipos a modo de poder observar con mayor claridad las zonas donde se distribuyen los haplotipos en base a la estructuración genética de las poblaciones.

Para la construcción de cada red de haplotipos, análisis de índices de diversidad y matriz de distancia p, fueron incluidas todas las secuencias obtenidas en este estudio y además, secuencias publicadas en el GenBank por Masello *et al* (2011), correspondientes a 11 secuencias obtenidas de ejemplares chilenos (pertenecientes sólo a la IV Región, de las loreras San Carlos y Santa Gracia) y 139 secuencias obtenidas de ejemplares argentinos.

Selección del Grupo externo y Análisis filogenético

En este estudio se utilizaron como grupos externos las especies *Aratinga aurea* y *Cyanopsitta spixii* las que corresponden a loros distribuidos en la región Neotropical y para los cuales están publicadas las secuencias en el GenBank, de los tres marcadores seleccionados en este estudio.

Para el análisis filogenético se hicieron particiones de los datos para cada gen, debido a que hay evidencia actual de que los modelos complejos de evolución de secuencias pueden extraer señales filogenéticas adicionales de los datos, especialmente donde la saturación en la sustitución de pares de bases es común (Castoe *et al*, 2004; Castoe *et al*, 2005; Castoe & Parkinson, 2006). Por consiguiente, en los análisis se utilizaron diferentes modelos de evolución de secuencias para particiones biológicamente relevantes de los datos. En el caso de genes mitocondriales que codifican para proteínas, las particiones más relevantes son la primera, la segunda y la tercera posición del codón, las cuales presentan patrones diferentes de evolución de secuencias (Wüster *et al*, 2007). Se utilizó el programa MrModeltest versión 2.2 (Nylander, 2004) para seleccionar el modelo de evolución de secuencias más apropiado para cada partición de datos. Este programa considera solamente los modelos de substitución nucleotídica que están disponibles actualmente en MrBayes v3.04b (Ronquist & Huelsenbeck, 2003). Los modelos fueron seleccionados de acuerdo al criterio de información Akaike (Bos & Posada, 2005).

Los modelos seleccionados fueron para la primera partición K80+I, K80 y GTR para los genes COI, Cytb y ATP respectivamente. Para la segunda partición fue F81 para los genes COI y Cytb y GTR+Γ para ATP. Para la tercera partición fue HKY para COI y ATP y GTR para el gen Cytb.

El análisis filogenético de los genes concatenados se realizó mediante el método de Inferencia Bayesiana (IB), mediante el programa MrBayes versión 3.0B4 (Ronquist & Huelsenbeck, 2003). Cada simulación de cadenas de Markov utilizando el método de Montecarlo (MCMC) se hizo por triplicado, se corrieron 10 millones de generaciones con cuatro cadenas de Markov (una fría y tres calientes). Los métodos MCMC dependen de la convergencia de las cadenas de Markov en su distribución estacionaria. En este análisis se emplearon dos estrategias para confirmar que las cadenas alcanzaron una fase estacionaria. Primero, se evaluó el "burn-in" en el programa Tracer, versión 1.5, (Rambaut & Drummond, 2004). Segundo, se evaluó la convergencia mediante la aplicación AWTY (Wilgenbush *et al*, 2004) con el fin de analizar los valores de la probabilidad posterior de los soportes de cada clado y verificar si esos valores son estables a través de todos los post-burn-in dentro de cada análisis. Una vez estabilizados los valores de probabilidad a posteriori de la cadena de Markov, se descartaron las muestras iniciales previas a la estabilización de la probabilidad. A partir de este punto los árboles se muestrearon cada 1000 generaciones. Se computó el consenso de mayoría (50%) incluyendo componentes combinables e información sobre el largo de las ramas, para todos los árboles muestreados posterior a la estacionalidad de las búsquedas. Los nodos retenidos en al menos 95% de las muestras, se consideraron bien soportados.

RESULTADOS

En este estudio se obtuvieron 132 secuencias de DNA a partir de la amplificación de tres genes mitocondriales: Cytb, COI y ATP6/8. La Tabla 3 muestra el número de secuencias amplificadas por cada marcador mitocondrial, con un total de 45 secuencias para el marcador Cytb, 55 secuencias para el marcador COI y 32 secuencias para el marcador ATP6/8. Las diferencias observadas en el número de secuencias por partidor, se deben a la baja cantidad de DNA que se extrajo de las plumas recolectadas.

Tabla 3. Número de plumas recolectadas y secuenciadas por loreras

	LORERA	**COMUNA REGION**	**COORDENADAS UTM WGS 84**	**NºPLUMAS USADAS**	**SECUENCIAS OBTENIDAS**		
					ATP	Cytb	COI
1	El Tofo Norte	La Higuera IV	288310 E - 6.746.516 N	4	H2 H4	H1 H2	H1 H2 H3 H4
2	Bramadero	La Higuera IV	322998 E - 6.743.084 N	5	I1 I2 I3 I4	I1 I2 I3 I4	I1 I3 I4 I5
3*	Santa Gracia	La Serena IV	299.285 E - 6.701.694 N	7	L1 L5 L6 L7	L1 L2 L3 L4 L5 L6 L7	L1 L2 L3 L4 L5 L6
4*	San Carlos I	Vicuña IV	326.899 E - 6.668.799 N	5	J1 J2	J1 J2 J3 J4 J5	J1 J2 J3 J4 J5
5*	San Carlos II	Vicuña IV	326.791 E - 6.667.517 N	4	K1 K2 K4	K1 K2 K4	K1 K2 K3 K4
6	Samo Alto	Río Hurtado IV	313.820 E - 6.634.430 N	3	M1 M4	M4	M1 M3 M4
7	El Espinal	Río Hurtado IV	316.914 E - 6.633.921 N	4	N2	N1 N5	N1 N2 N3 N5
8	Pascuala I	San Fernando VI	363.978 E - 6.147.467 N	5	D1 D4 D2	D1 D2 D3 D5	D1 D2 D3 D4 D5
9	Pascuala II	San Fernando VI	364.209 E - 6.147.488 N	3	E1 E2	E1 E2 E3	E1 E2 E3
10	El Azufre	San Fernando VI	364.877 E - 6.148.221 N	3	------	F1 F1_3	F1 F2
11	Portillo	San Fernando VI	365.169 E - 6.148.767 N	3	G2 G3	------	G1 G2 G3
12	La Capilla	San Clemente VII	302.913 E - 6.044.622 N	6	B1 B2	B1 B2 B3 B4 B5 B6	B1 B2 B3 B4 B5 B6
13	Santa Clara	San Clemente VII	311.905 E - 6.042.067 N	5	C2 C3 C4 C5	C1 C2 C3 C4 C5	C1 C2 C3 C4 C5
14	El Enemigo	San Clemente VII	321.906 E - 6.032.005 N	1	A1	A1	A1
	TOTAL			58	32	45	55

* Para las loreras Santa Gracia, San Carlos I y San Carlos II además se utilizaron las secuencias obtenidas por Masello et al (2011), las cuales corresponden a 11 secuencias adicionales para cada marcador de dichas loreras.

El análisis de diversidad para los tres marcadores (Tabla 4), utilizando las secuencias tanto de individuos chilenos como argentinos, muestra que la cantidad de haplotipos para cada marcador no fue consistente entre ellos, obteniéndose un máximo de 23 haplotipos para ATP6/8 con 29 sitios polimórficos y un mínimo de 13 haplotipos para COI con 18 sitios polimórficos; este menor número de haplotipos pudiese estar dado por el menor tamaño del fragmento (379pb).

Además, es posible observar una diversidad haplotípica alta, siendo la mayor con el marcador Cytb (Hd = 0,8647± 0,012). La mayor diversidad nucleotídica se obtuvo con COI (Pi = 0,013 ± 0,00038).

Tabla 4. Análisis de diversidad.

	Secuencias			**Pb**	**S**	**H**	**Hd**	**Pi**
	Ch	**Ar**	**Total**					
ATP6/8	43	150	193	598	29	23	0,8085 ± 0,019	0,0037 ± 0,00023
COI	66	149	215	379	18	13	0,8123 ± 0,013	0,0130 ± 0,00038
Cytb	56	150	206	517	28	22	0,8647 ± 0,012	0,0058 ± 0,00026
Total	165	449	614	1494	75	58		

*Ch, secuencias de ejemplares chilenos para cada marcador, 11 de estas secuencias fueron obtenidas del estudio de Masello *et al* (2011); Ar, secuencias de ejemplares argentinos; Pb, tamaño de las secuencias en pares de bases; S, número de sitios variables; h, número de haplotipos; Hd, diversidad haplotípica; Pi, diversidad nucleotídica.

En el análisis de distancia genética, al comparar poblaciones chilenas con argentinas (Tabla 5), se encontró que el marcador COI es el que entrega valores que determinan una mayor diferenciación entre poblaciones con valores que van entre el 2,0% y 2,7% de distancia *p*, mostrándose la mayor distancia entre Cp1 con todas las poblaciones chilenas. Con respecto a los otros marcadores, la distancia genética va desde el 0,6% al 0,8% con ATP 6/8 y 0,9% a 1,1% con Cytb.

Dentro de cada población, las chilenas siempre muestran una menor distancia entre ellas (variando entre 0,0 y 0,3%) que la distancia existente entre poblaciones argentinas (0,2% a 1,4%).

El marcador Cytb es el que generó la mayor distancia entre poblaciones chilenas: 0,3%, valor que se dio entre las poblaciones de la IV y VII Regiones.

Tabla 5. Matrices de distancias genéticas entre poblaciones de *Cyanoliseus patagonus*

ATP	Cpa	Cp2	Cp1	IV	VI	VII
Cpa		0,001	0,001	0,003	0,003	0,003
Cp2	0,002		0,001	0,003	0,003	0,003
Cp1	0,003	0,002		0,003	0,003	0,003
IV	0,007	0,007	0,008		0,001	0,001
VI	0,007	0,006	0,007	0,002		0,001
VII	0,007	0,006	0,007	0,002	0,001	

COI	Cpa	Cp2	Cp1	IV	VI	VII
Cpa		0,005	0,005	0,007	0,007	0,007
Cp2	0,012		0,002	0,007	0,007	0,007
Cp1	0,014	0,002		0,008	0,008	0,008
IV	0,021	0,025	0,027		0,001	0,001
VI	0,020	0,024	0,026	0,001		0,000
VII	0,020	0,024	0,026	0,001	0,000	

Cytb	Cpa	Cp2	Cp1	IV	VI	VII
Cpa		0,002	0,003	0,004	0,004	0,004
Cp2	0,004		0,001	0,004	0,004	0,004
Cp1	0,005	0,003		0,004	0,004	0,004
IV	0,010	0,011	0,010		0,001	0,001
VI	0,009	0,010	0,009	0,002		0,001
VII	0,009	0,010	0,010	0,003	0,001	

Cpa, *C. p. andinus*; Cp2, *C. p. patagonus* 2; Cp1, *C. p. patagonus* 1. Todos correspondientes a poblaciones argentinas. IV, poblaciones de la IV Región; VI, poblaciones de la VI Región; VII, poblaciones de la VII Región. Todas pertenecientes a Chile.
La desviación estándar se muestra sobre la diagonal

El AMOVA (Tabla 6), realizado con los tres marcadores moleculares, muestra una muy alta estructuración genética entre las poblaciones argentinas y chilenas (valores F_{ST} y p ATP6/8: 0,73 y 0,04; Cytb: 0.72 y 0,00; COI: 0,81 y 0,00). Para las poblaciones chilenas, los resultados muestran igualmente una estructuración genética con los tres marcadores, la cual sería muy alta con COI (F_{ST} 0,28 y p 0,00), alta con Cytb (F_{ST} 0,20 y p 0,00) y moderada con ATP6/8 (F_{ST} 0,07 y p 0,07).

Tabla 6. Análisis de Varianza Molecular (AMOVA)

	Suma cuadrados	Componentes de varianza	Porcentaje de variación	F_{ST}	P
ATP					
Chile				0,07	0,07
Entre	1,75	0,04	6,86		
Dentro	19,63	0,49	93,14		
Chile- Argentina				0,73	0,04
Entre	105,54	1,47	72,93		
Dentro	97,14	0,55	27,07		
Cytb					
Chile				0,20	0,00
Entre	5,06	0,13	20,49		
Dentro	27,48	0,52	79,51		
Chile- Argentina				0.72	0,00
Entre	158,79	1,77	71,51		
Dentro	134,74	0,71	28,49		
COI					
Chile				0,27935	0,00
Entre	2,74	0,07	27,94		
Dentro	10,87	0,17	72,06		
Chile- Argentina				0,81	0,00
Entre	356,06	3,51	81,09		
Dentro	163,46	0,82	18,91		

Para los tres marcadores, la red de haplotipos muestra que existen pocos pasos mutacionales entre la población chilena y la argentina (ATP6/8: 2, Cytb: 3, COI: 6), también es posible observar que la población argentina posee mayor número de haplotipos que la chilena (ATP6/8: 14 v/s 9, Cytb: 13 v/s 9, COI: 10 v/s 3) y que la distribución de ellos para ambas poblaciones, es en forma de estrella, donde los haplotipos más grandes (con mayor frecuencia) son centrales y de él surgen varios haplotipos más pequeños separados de éste, generalmente, por un único paso mutacional.

Para el caso de Chile, se observa con los tres marcadores que sólo un haplotipo contiene individuos de las tres regiones muestreadas, siendo este el haplotipo central y con mayor frecuencia.

El marcador COI es el que generó un menor número de haplotipos 13 (10 en Argentina y 3 en Chile), tanto en lo general como para las poblaciones de cada país. El haplotipo central para las poblaciones chilenas es el 12, el cual contiene 48 individuos que provienen de las 14 loreras muestreadas (Figura 7.b parte A).

Con ATP se generaron 23 haplotipos (14 en Argentina y 9 en Chile), donde el más frecuente para las poblaciones chilenas (h: 16 con 21 individuos) contiene individuos de 10 de las 13 loreras muestreadas (no se logró amplificar DNA de la lorera El Azufre con este marcador), pero igualmente están presentes las tres regiones (Figura 7.a parte A).

Utilizando Cytb se generaron 22 haplotipos (13 en Argentina y 9 en Chile), en donde el haplotipo 17 considera 32 individuos que pertenecen a 10 de las 13 loreras muestreadas (no se logró amplificar DNA de la lorera Portillo con este marcador) y abarcan las tres regiones (Figura 7.c parte A). Los individuos y loreras a los cuales pertenece cada haplotipo pueden verse en el anexo.

La representación geográfica de los haplotipos en el mapa evidenció la presencia de haplotipos de baja frecuencia pero que son exclusivos para una región. Con el marcador ATP6/8 los haplotipos 15, 17 y 18 en la IV Región, haplotipos 22 y 23 en la VI Región y el haplotipo 20 en la VII Región (Figura 7.a parte B), con COI el haplotipo 11 en la IV Región y el haplotipo 13 en la VII Región (Figura 7.b parte B) y con Cytb los haplotipos 14, 15, 19, 20, 21 y 22 en la IV Región y el haplotipo 18 en la VI Región (Figura 7.c parte B). Las frecuencias de cada haplotipo pueden consultarse en el anexo.

Figura 7.a Red de haplotipos y su representación geográfica según marcador ATP6/8

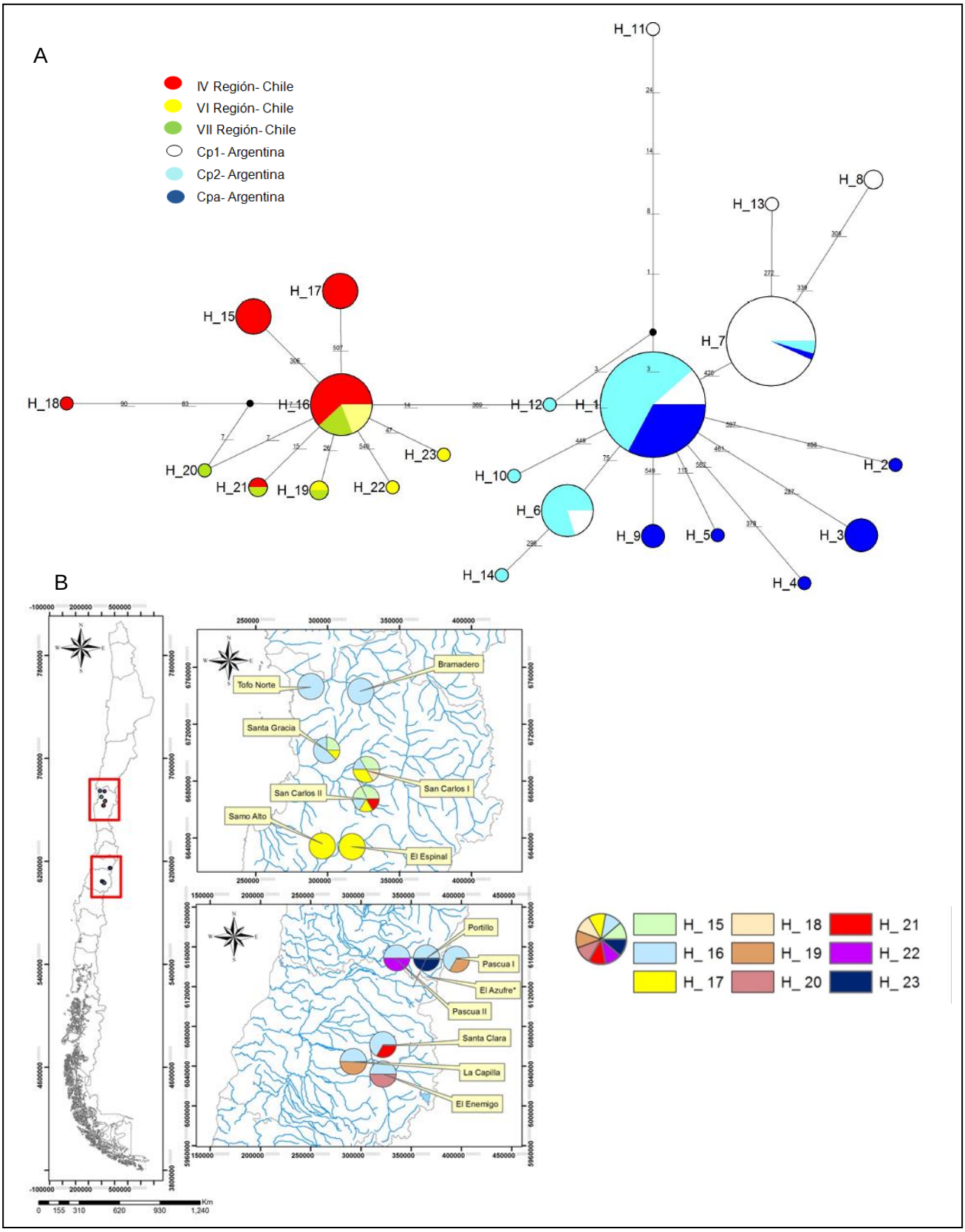


Figura 7.b Red de haplotipos y su representación geográfica según marcador COI

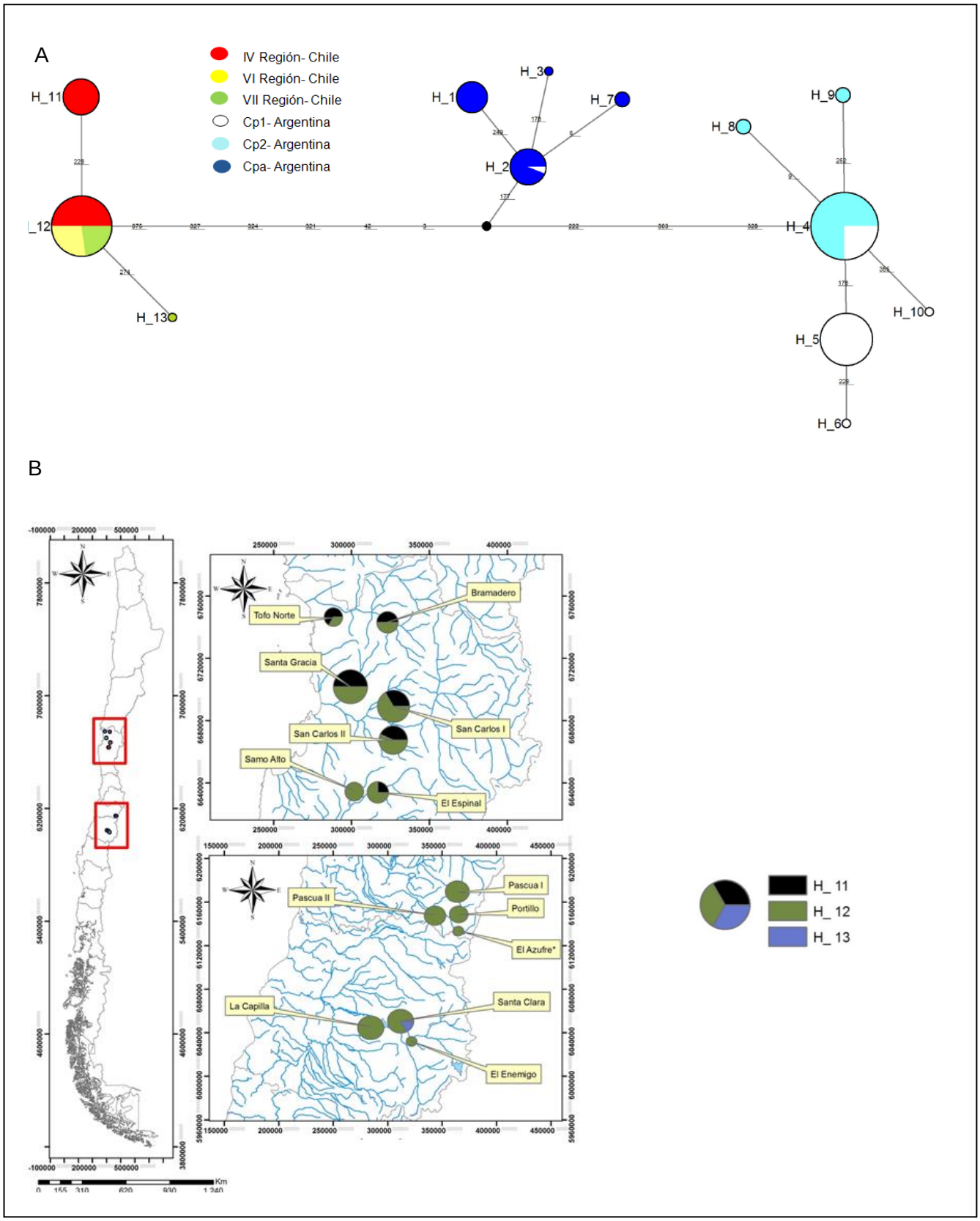
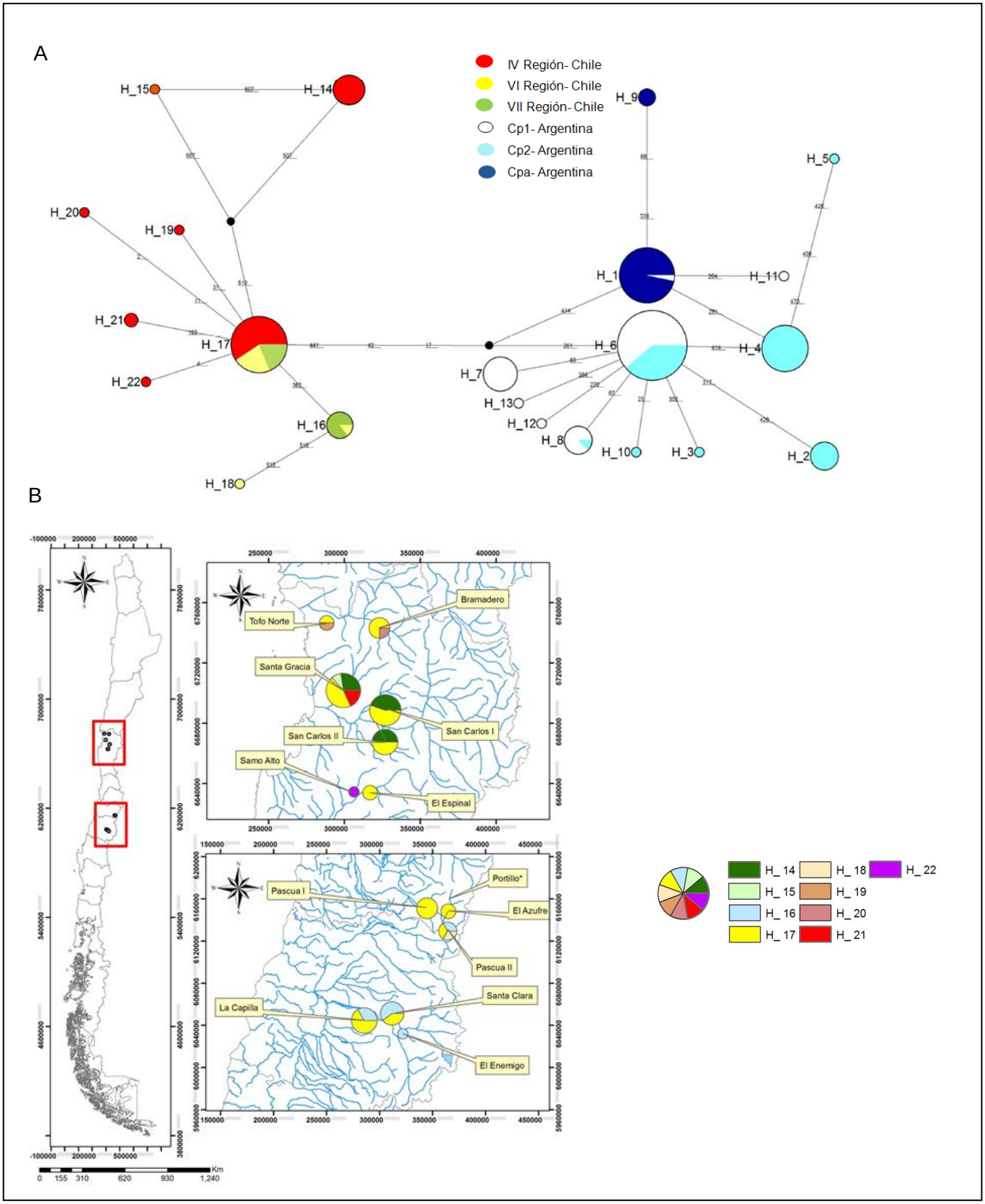


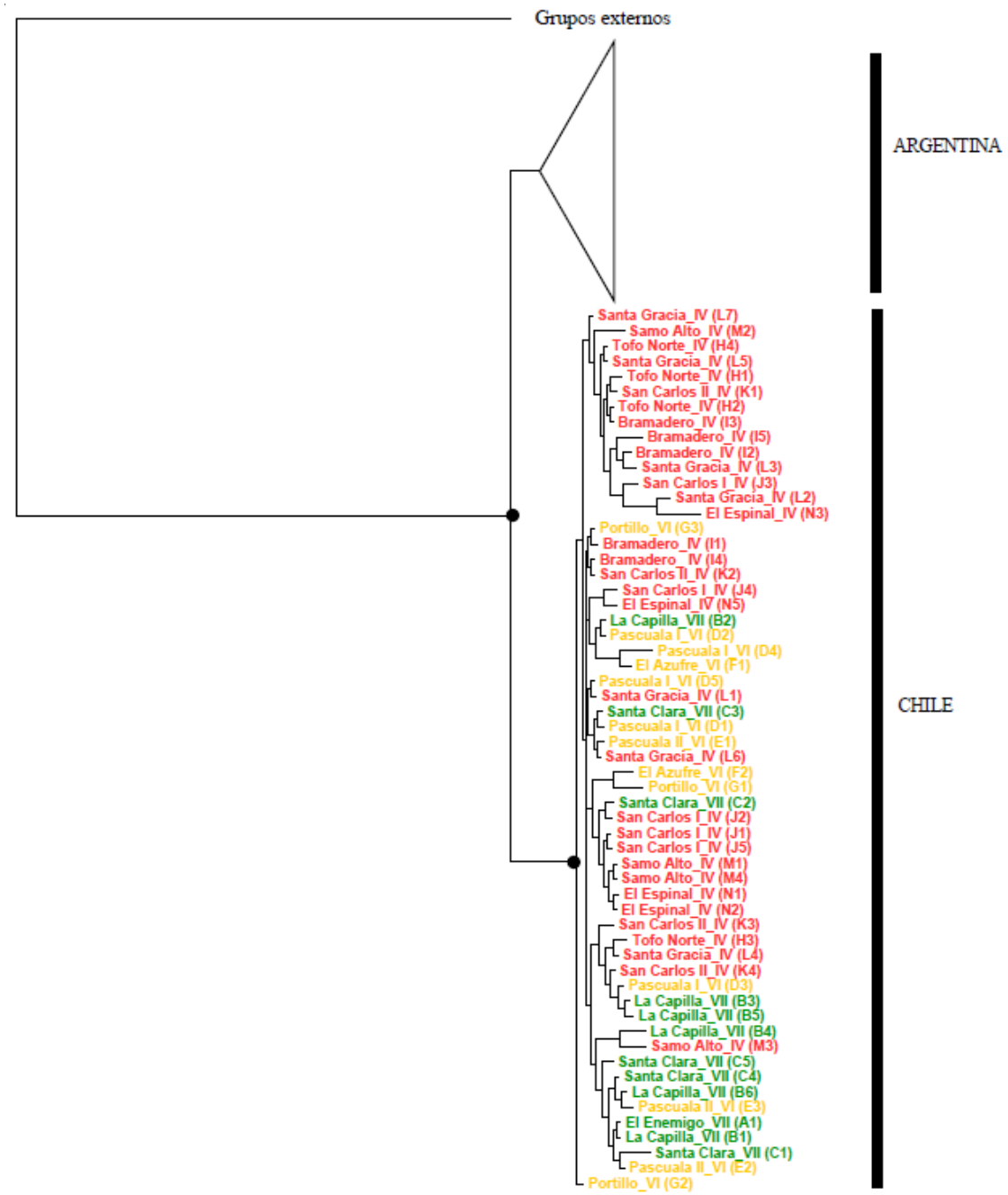
Figura 7.c Red de haplotipos y su representación geográfica según marcador Cytb



De los 78 especímenes incluidos para hacer el análisis de inferencia bayesiana, 76 corresponden al grupo interno. El alineamiento final de los tres genes concatenados fue de 1543 pares de bases (607 para ATP 6/8, 392 para el gen COI y 544 para el gen Cytb). El alineamiento no fue ambiguo, y la secuencia de aminoácidos inferida no presentó codones de término, lo cual sugiere un origen mitocondrial más que una inserción nuclear.

La Figura 8 muestra el análisis filogenético el cual es consistente con reconstrucciones previas (Masello *et al*, 2011). El árbol muestra a *C. patagonus* como un grupo monofilético, recobrando dos linajes, uno correspondiente a las poblaciones argentinas y el otro correspondiente a las poblaciones procedentes de Chile. Dentro de las poblaciones chilenas, los resultados no permiten establecer las relaciones filogenéticas entre las regiones analizadas, no observando grupos bien soportados.

Figura 8. Análisis filogenético de *C. patagonus*



Árbol filogenético de inferencia Bayesiana. Los nombres de las loreras aparecen escritos con el color correspondiente a cada región: rojo IV, amarillo VI y verde VII. Los nodos bien soportados (valores sobre 95%) se destacan con un punto negro.

DISCUSIÓN

Este estudio es el primero en identificar marcadores moleculares mitocondriales en diversas poblaciones de loro Tricahue, tanto del sur como del norte de Chile.

A partir de la recolección de plumas caídas a los pies de las loreras, se logró obtener DNA de calidad y cantidad suficiente para realizar todos los análisis requeridos en este trabajo, aun a pesar de que las plumas hubiesen estado expuestas por días a diversos factores ambientales que degradan el DNA (tierra, calor, humedad, etc.), lo que la valida como una técnica no invasiva de muestreo. Si bien la cantidad de DNA que se obtiene mediante esta metodología es inferior a la que se obtendría si las plumas fuesen extraídas directamente de cada animal, la perturbación en la lorera es menor, lo que garantiza el bienestar de los individuos al evitarse el estrés, lo cual es fundamental en una especie que se encuentra amenazada sobre todo considerando que los muestreos se llevaron a cabo desde la época del cortejo hasta los primeros vuelos de los pollos, períodos en los que se aconseja no perturbar los nidos para evitar posible abandono de éstos (Masello *et al*, 2002; Rojas, 2008).

La variación genética obtenida resultó ser congruente a la encontrada en el estudio de Masello *et al* (2011) para poblaciones argentinas. Se obtuvieron 75 sitios polimórficos en los tres fragmentos concatenados (1.494pb). Si bien la diversidad haplotípica para los tres marcadores muestra valores elevados (Hd> 0,89), esto sólo refleja la alta diversidad que hay entre las poblaciones de Chile y Argentina, no a nivel intrapoblacional, ya que los valores de la distancia genética bruta *p* obtenidos en este estudio entre las regiones de Chile oscilan entre un 0,0 a 0,3%, lo que es congruente con el bajo número de sitios polimórficos. Adicionalmente, el análisis de redes y en el AMOVA, se muestra una diferencia genética entre las poblaciones argentinas y chilenas al no compartir haplotipos en ninguno de los tres marcadores seleccionados y altos valores de F_{ST}, lo cual es esperable dado el efecto vicariante que produce la Cordillera de Los Andes, la cual presenta una altura promedio en el territorio nacional de 3.660 metros de altura, con cumbres como la del cerro Nevado Olivares de 6.200 m ubicado en la IV Región o la del volcán Tupungato ubicado en la Región Metropolitana, que alcanzan los 6.500 m, generando inexistencia de flujo génico entre ambos países.

Los pocos pasos mutacionales entre las poblaciones de Chile y Argentina, muestran que son una misma especie y que el tiempo que ha transcurrido desde que se aislaron no ha sido el suficiente como para separarlas. Un estudio en *Adelomyia melanogensys* (Chaves *et al*, 2007), utilizando

marcador ATP 6/8, muestra que entre la población de la costa y la del este hay 45 pasos mutacionales entre haplotipos.

La red de haplotipos da cuenta que para Chile se generaron menos haplotipos que en Argentina, lo cual es indicativo de una diversidad menor; sin embargo, esto puede estar afectado por el tamaño muestreal ya que el de Chile es menor que el de Argentina. Utilizando el marcador mitocondrial COI se obtuvo 13 haplotipos siendo el valor más bajo para los tres marcadores usados. De estos 13 haplotipos sólo 3 están presentes en Chile, lo que podría deberse a que la cantidad de pares de bases obtenidos para las secuencias con este marcador fue de 379pb, la cual es inferior a la de los otros marcadores (598pb para ATP6/8 y 517pb para Cytb).

La red de haplotipos chilenos se proyectó en los tres marcadores como un haplotipo central más frecuente, que está conformado por loreras de las tres regiones estudiadas, a partir del cual surgen los otros haplotipos encontrados, separados por un único paso mutacional, lo que indica un grado de flujo génico y que podrían ser poblaciones en expansión (Forster, 2004). En todos los casos se observa que sólo un haplotipo, con una alta frecuencia, es el que se comparte en las tres regiones (H: 16 ATP6/8, H: 12 COI, H: 17 Cytb); otros haplotipos que se comparten son de una frecuencia baja y se dan con el marcador ATP6/8 entre la IV y VII regiones (H: 21) y entre la VI y VII regiones (H: 19). El resto de los haplotipos se encuentran sólo en las poblaciones del norte o del sur, por ejemplo, en la Figura 7.a parte B, se observa que los haplotipos 15, 17 y 18 están presente sólo en loreras de la IV Región y los haplotipos 20, 22 y 23 se observan sólo en las regiones del sur del país: los haplotipos 22 y 23 en la VI Región y el haplotipo 20 en la VII Región.

Con estos datos se generaron mapas de haplotipos (Figuras 7a, 7b y 7c parte B) los que, si bien deben ser robustecidos con mayor cantidad de muestreos, podrían servir para identificar procedencia (norte o sur del país) de individuos que han sido retirados de su hábitat natural.

Sostener que se mantiene el flujo génico resulta muy discutible considerando que los Tricahues poseen una capacidad de vuelo de entre 50 y 100 km aproximados (Rojas, 2008; Vargas & Squeo, 2014) y que las distancias geográficas entre las poblaciones de la IV y VI regiones son estimadas en más de 450 Km; así, donde sí es factible que se genere flujo génico, es entre las loreras de la VI y VII regiones, puesto que entre ellas existe una distancia de 110 km aproximados. Este flujo génico que se observa en la red de haplotipos podría deberse a tres razones: 1) por retención de polimorfismo ancestral que podría sugerir que el flujo génico se mantiene, pero que en realidad es sólo parte de la historia en común que tuvieron en algún momento (Di Giacomo *et al*, 2015); 2) el extenso tiempo generacional de la especie, ya que pueden llegar a vivir entre 10 (en vida silvestre) y 40 años (en cautiverio) (Vargas com. pers.); y 3) la capacidad de resolución

de la técnica. Con el objeto de tener mayor certeza, sería de ayuda realizar estudios con las loreras no muestreadas y con otros marcadores del tipo nucleares como son los microsatélites, ya que éstos tienen distintos patrones de herencia y tasas de evolución, por lo que pueden ser utilizados para esclarecer diferentes aspectos de la biología de las especies (Presti & Wasco, 2014).

Los valores de F_{ST} obtenidos en este estudio sugieren un grado de estructuración del loro Tricahue, lo cual podría deberse a la fragmentación de hábitat que ha sufrido esta ave a lo largo de su rango de distribución. Pero es interesante destacar que con los tres marcadores el porcentaje de variación es mayor al interior de cada población que entre las poblaciones de Chile. Junto con lo anterior, es importante hacer presente que se encontraron haplotipos compartidos entre las regiones estudiadas. Por otra parte, no se observaron grupos bien soportados y por tanto no se consiguió establecer las relaciones filogenéticas entre las regiones analizadas. Todo lo anteriormente expuesto, impide establecer una estructuración genética clara en las poblaciones de Tricahues.

Una técnica ampliamente usada y con buenos resultados en psitácidos como estrategia de conservación, ha sido las liberaciones y reintroducciones de individuos de especies amenazadas según una revisión de casos de White *et al* (2012), que considera ejemplares tanto de origen silvestre como aquellos nacidos y criados en cautividad, para el establecimiento de nuevas poblaciones o para aumentar el número de individuos en poblaciones ya existentes. Para el caso de Tricahues esto podría realizarse con los individuos decomisados y que han sido derivados a los centros de rescate y rehabilitación. La reintroducción pudiese utilizarse para establecer nuevas loreras en aquellas zonas donde se encuentra extinto, especialmente en la zona centro ya que esta área es la que genera dos grandes poblaciones de Tricahues; de esta manera se estaría asegurando el flujo de genes entre las poblaciones. También se puede liberar en zonas aledañas a loreras ya existentes o aumentar el número de individuos en alguna lorera “límite” para que ésta crezca y alguna(s) pareja(s) decidan irse y fundar una nueva lorera en un área cercana, de modo que los loros se desplacen de a poco y recolonicen sin perder contacto con las otras loreras y así asegurar la variabilidad genética. Este fenómeno de establecimiento de nuevas colonias reproductivas ha sido observado en la IV Región del país (Rojas, 2008).

Es importante considerar que los individuos que se vayan a reintroducir sean ejemplares que estén en buenas condiciones físicas y libres de enfermedades, pero también es importante evaluar los sitios donde se pretende que se establezcan estos individuos, los cuales deben ser de

alta calidad ya que esta variable resulta ser un factor significativo en el éxito de la reintroducción de psitácidos (White *et al*, 2012).

Aunque, al no obtenerse desde el punto de vista genético una clara estructuración en la población de Tricahues, es mejor considerar a las poblaciones norte y sur como dos unidades distintas de manejo, ya que al estar separadas geográficamente el manejo *in situ* estará condicionado a los requerimientos propios de la especie y a las características de cada región como, por ejemplo, la alimentación. Esto implica que los programas de manejo para la conservación del Tricahue deben estar planificados para cada área de distribución actual, considerando las variables propias de este, es decir específicas para cada región.
En el caso de que se llegasen a realizar liberaciones, los individuos deben estar preparados para el área a la cual serán liberados y además, sería óptimo que fuesen sometidos a una identificación genética de manera que los ejemplares sean siempre de la subespecie chilena y no incorporar individuos de regiones distintas a la de su origen lo que a su vez, permitiría tener un registro actualizado y constante de las poblaciones y la diversidad genética que es introducida en cada una de ellas.

Este estudio pionero en el país ha permitido avanzar en el ámbito del conocimiento molecular del loro Tricahue. No obstante lo anterior, sería conveniente realizar trabajo en terreno adicional con un mayor esfuerzo de muestreo, para así aumentar el número de loreras visitadas y de individuos muestreados además de generar un mapa con todas las loreras y lugares que implican un contacto entre individuos de distintas colonias como son los sitios donde beben, se alimentan y descansan y que serían los lugares donde se establece el flujo génico. Este estudio más exhaustivo permitiría, mediante análisis moleculares con marcadores mitocondriales y nucleares, esclarecer la estructuración poblacional del Tricahue y, por otra parte, establecer áreas geográficas de importancia para esta ave, las cuales podrían ser propuestas como áreas de importancia a conservar y llegar a estar bajo la protección legal en alguna categoría de conservación, de manera que no sólo la especie esté protegida, sino que también los sitios que aseguran su estabilidad en el tiempo; asimismo, este mapa resultaría útil para conocer los lugares adecuados en caso de realizarse liberaciones y/o reintroducciones.

CONCLUSIÓN

Al incluir en este trabajo individuos del sur de Chile se confirma lo observado por Masello *et al* (2011) con ejemplares del norte, demostrando que las poblaciones de *Cyanoliseus patagonus* de Chile y Argentina no comparten haplotipos siendo actualmente un grupo monofilético con dos linajes independientes, con lo cual la hipótesis 1 es aceptada.

Por otra parte, la selección de los marcadores moleculares mitocondriales utilizados en este estudio permitió determinar el grado de diversidad genética entre poblaciones de *C. patagonus*, pero los análisis de AMOVA y la red de haplotipos no permiten establecer una clara estructuración de las poblaciones chilenas; al mismo tiempo, tampoco se pudo determinar las relaciones filogenéticas de ellas. De esta manera, la hipótesis 2 planteada en este trabajo no pudo ser comprobada.

En suma, se confirma sólo la primera de las hipótesis propuestas, dejando sentadas las bases para futuras investigaciones.

BIBLIOGRAFÍA

ALZAMORA A, VUKASOVIC M, GONZÁLEZ B, LOBOS G. Presencia del Loro Tricahue (C*yanoliseus patagonus*) en la Cordillera de la Costa de Chile Central. Boletín Chileno de Ornitología. 15(2): 73-77, 2009.

ANDERSON M. Sexual Selection. Princeton University Press. 1994.

ARAYA B & MILLIE G. Guía de Campo de las Aves de Chile. 6ª ed. Santiago de Chile, Editorial Universitaria, 405p. 1996.

BACKSTRÖM N, QVARNSTRÖM A, GUSTAFSSON L, ELLEGREN H. Levels of Linkage Disequilibrium in a Wild Bird Population. Biology Letters, 2:435-438, 2006.

BELTRAMI M, NARANJO J, SARMIENTO C, ULLOA L, ALFARO L, OLGUÍN P. Reproductive behaviour of *Cyanoliseus patagonus byroni* in semi-captive conditions. Boletín del Museo Nacional de Historia Natural de Chile 45: 19-29, 1995.

BELTRAMI M, FERNANDEZ D, FLORES L. Estudios etológicos de *Cyanoliseus patagonus byroni* en condiciones de cautiverio y silvestres. En: Cría en cautividad de fauna chilena. Santiago, Chile. 267-276 pp. 2004.

BENNETT P & OWENS I. Variation in extinction risk among birds: Chance or evolutionary predisposition? The Royal Society of London, Series B 264: 401-408, 1997.

BOS DH & POSADA D. Using models of nucleotide evolution to build phylogenetic trees. Developmental & Comparative Immunology, 29: 211-227, 2005.

BIRDLIFE INTERNATIONAL. *Cyanoliseus patagonus* the IUCN red list of threatened species. Version 2014.3. [en línea] <www.iucnredlist.org>. [consulta: 13 Enero de 2015].

BISHOP MD, KAPPES SM, KEELE JW, STONE RT, SUNDEN SLF, HAWKINS GA, TOLDO SS, FRIES R, GROSZ MD, YOO J, BEATTIE CW. A Genetic Linkage Map for Cattle. Genetics, 136:619-639, 1994.

BUCHER HE & RINALDI S. Distribución y situación actual del Loro Barranquero (*Cyanoliseus patagonus*) en la Argentina. Vida Silvestre Neotropical 1(1): 55- 61, 1986.

CABRERA AL. Fitogeografía de la República Argentina. Boletín de la Sociedad Argentina de Botánica 14:1–42, 1971.

CAPARROZ R, MIYAKI, BAKER A. Contrasting phylogeographic patterns in mitochondrial DNA and microsatellites: evidence of female philopatry and male-biased gene flow among regional populations of the blue-and- yellow macaw (Psittaciformes: *Ara arauna*) in Brazil. The Auk 126(2): 359- 370, 2009.

CASTOE TA, DOAN TM, PARKINSON CI. Data partitions and complex models in Bayesian analysis: the phylogeny of gymnophthalmid lizards. Systematic Biology 53: 448-469, 2004.

CASTOE TA, SASA MM, PARKINSON CI. Modeling nucleotide evolution at the mesoscale: the phylogeny of the Neotropical pitvipers of the *Porthidium* group (Viperidae: Crotalinae). Molecular Phylogenetic and Evolution 37: 881-898, 2005.

CASTOE TA & PARKINSON CI. Bayesian mixed models and the phylogeny of pitvipers (*Viperidae*: Serpentes). Molecular Phylogenetic and Evolution, 39: 91-110, 2006.

CHAN C, BALLANTYNE K, AIKMAN H, DAUGHERTY C, CHAMBERS G. Conservation genetics of the Forbes' parakeet (*Cyanoramphus forbesi*) on Mangere Island, Chatham Islands. DOC Research & Development Series 254. Department of Conservation, Wellington. 26 p., Octubre 2006.

CHAVES J, POLLINGER J, SMITH T, LeBUHN G. The role of geography and ecology in shaping the phylogeography of the speckled hummingbird (*Adelomyia melanogenys*) in Ecuador. Mol. Phylogenet. Evol. 2007.

COLLAR NJ & JUNIPER AT. Dimensions and causes of the parrot conservation crisis: solutions from conservation biology. In: Beissinger, S.R., Snyder, N.F.R. (Eds.), New World Parrots in Crisis. Smithsonian Institution Press, Washington, DC, 1–24, 1992.

COLLAR NJ, CROSBY MJ, STATTERSFIELD AJ. Birds to Watch 2: The World list of threatened birds. Cambridge: Birdlife International, 1994.

CITES, CONVENTION ON INTERNATIONAL TRADE IN ENDANGERED SPECIES OF WILDE FAUNA AND FLORA. Text of the convention. [en línea] <http:// www.cites.org/eng/disc/text.shtml> [consulta: junio 2011].

CORVALAN P & JIMENEZ J. Consumo de semillas de roble (*Nothofagus obliqua*) por Tricahues (*Cyanoliseus patagonus*) en la precordillera de Curicó. Boletín Chileno de Ornitología. 16(1): 17-20, 2010.

CRUZ G & MUÑOZ C. Nuevos antecedentes del loro Tricahue *Cyanoliseus patagonus* en la sexta región. Boletín técnico n° 30. 1986.

DARRIEU CA. Las razas geográficas de *Cyanoliseus patagonus* (Aves: Psittacidae). Neotropical 26:207-216, 1980.

DI GIACOMO AS, DI GIACOMO AG, KLIGER R, REBOREDA J, TIEDEMANN R, MAHLER B. No evidence of genetic variation in microsatellite and mitochondrial DNA markers among remaining populations of the Strange-tailed Tyrant *Alectrurus risora*, an endangered grassland species. Bird Conservation International 25:127 –138, 2015.

EDWARDS SV & DILLON M. Hitchhiking and Recombination in Birds: Evidence from MHC-Linked and Unlinked Loci in Red-winged Blackbirds (*Agelaius phoeniceus*). Genetical Research, 84:175-192, 2004.

ESTRADA A. Reintroduction of the scarlet macaw (*Ara macao cyanoptera*) in the tropical rainforests of Palenque, Mexico: project design and first year progress. Tropical Conservation Science 7(3): 342-364, septiembre 2014.

ENDESA CHILE. Anexo E, Estudio De Poblaciones De Loros Tricahue. 2011.

ESTADES C. Informe sobre Validación Técnica del Proyecto “Validación de Procedimientos Técnico Administrativos para Listar Especies en Categorías de Conservación”. CONAMA,

Santiago, Chile. 2001.

EXCOFFIER L, SMOUSE PE, QUATTRO JM. Analysis of molecular variance inferred from metric distances among DNA haplotypes: application to human mitochondrial DNA restriction data. Genetics 131: 479-491, 1992.

FORSTER P. Ice Ages and the mitochondrial DNA chronology of human dispersals: a review. Philos. Trans. R. Soc. Lond. B. Biol. Sci., 359: 255-264. 2004.

FUENZALIDA B. Situación actual del estado de conservación del loro Tricahue en Chile. Escuela de Ingeniería Forestal. Universidad de Talca, Chile. 2005

GALAZ JL. Plan Nacional de Conservación del Tricahue, *Cyanoliseus patagonus bloxami* Olson, 1995, en Chile. Santiago, Chile, Corporación Nacional Forestal, CONAF, 2005. 51p.

GLADE A. Proyecto de conservación y manejo del Loro Tricahue. Informe temporada 1984 – 1985. Doc. De trabajo nº 55. Chile, Conaf. 1985. 22 pp.

GLADE A. Libro Rojo de los Vertebrados Terrestres de Chile. Corporación Nacional Forestal, Santiago, Chile. 1993. 22 p.

GODOY J. La Genética, los Marcadores Moleculares y la Conservación de Especies. Ecosistemas 18(1):23-33. 2009.

GONZÁLEZ G. Campaña Monitoreo del loro Tricahue. Anexo C del Proyecto Optimización Central Hidroeléctrica La Confluencia. Hidroeléctrica la Higuera, Santiago, Chile. 21pp. 2006.
GONZÁLEZ G. Características del Ciclo Reproductivo del Loro Tricahue *(Cyanoliseus patagonus bloxami)*. 2007.

GONZÁLEZ-HEIN G, GONZÁLEZ J, DÍAZ MC. Detección de levaduras en cloaca de dos especies psitácidas nativas en un centro de rehabilitación en Chile. Arch Med Vet 42, 105-108, 2010.

HALL, TA. BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for windows 95/98/NT. Nucleic Acids Symposium Series 41, 95-98. 1999.

HANSSON B, AKESSON M, SLATE J, PEMBERTON JM: Linkage Mapping Reveals Sex-dimorphic Map Distances in a Passerine Bird. Proceedings of the Royal Society B. Biological Sciences, 272:2289-2298, 2005.

HARRIS G. A guide to the birds and mammals of coastal Patagonia. Princeton University Press, Princeton. 1998.

HUANG Y, ZHAO Y, HALEY CS, HU S, HAO J, WU C, LI N. A Genetic and Cytogenetic Map for the Duck (*Anas platyrhynchos*). Genetic, 173:287-296, 2006.

HYDROCHILE. Apéndice FA-1 Tricahue. Cyanoliseus patagonus bloxami (Olson). 2009.

ÍÑIGO-ELÍAS E & ENKERLIN E. Amenazas, estrategias e instrumentos para la conservación de las aves. En: Conservación de aves experiencias en México. Primera edición, D. F., México, CIPAMEX, 2002. pp. 86- 132.

JARAMILLO, A. Aves de Chile. 2ª ed. Barcelona, Lynx, 2009. 240p.

JOSEPH L. Beginning an end to 63 years of uncertainty: The Neotropical parakeets known as *Pyrrhura picta* and *P. leucotis* comprise more than two species. Proceedings of the Academy of Natural Sciences of Philadelphia 150:279–292. 2000.

JOSEPH L. Geographical variation, taxonomy and distribution of some Amazonian Pyrrhura parakeets. Ornitologia Neotropical 13:337–363. 2002.

JONES & HUNTER. Experimental evidence of mutual Inter and intrasexual selection favouring a Crested Auklet ornament. Animal Behavior 57, 521-528, 1999.

KLAUKE N, MASELLO J, QUILLDFELT P, SEGELBACHER G. Isolation of tetranucleotide microsatellite loci in the burrowing parrot (Cyanoliseus patagonus). J Ornithol 150:921–924, 2009.

LEY Nº 19.473 CHILE. Ley de Caza y su Reglamento. Legislación sobre Fauna Silvestre. Ministerio de Agricultura, Servicio agrícola y Ganadero, Santiago, Chile, noviembre, 2008. 98p.

MCCARTHY C. Chromas: versión 2.4. Technelysium PTY, Australia. 1996.

MANRÍQUEZ P. Censo y algunos antecedentes del Loro Tricahue *Cyanoliseus patagonus byroni* en la precordillera andina de la la Sexta Región. Boletín Técnico Nº 11. CONAF 41 pp. 1984.

MARTÍNEZ D & GONZÁLEZ G. Las aves de Chile, nueva guía de campo. Ediciones del Naturalista, Imprenta Salesianos, Santiago. 2004.

MASELLO J, PAGNOSSIN G, PALLEIRO G, QUILLFELDT P. Use of miniature security cameras to record behavior of burrow-nesting birds. Vogelwarte 41:150–154, 2001.

MASELLO J & QUILLFELDT P. Chick Growth and Breeding Success of the burrowing Parrot. The Condor 104:574–586, 2002.

MASELLO J, SRAMKOVA A**,** QUILLFELDT P, EPPLEN J, LUBJUHN T. Genetic monogamy in burrowing parrots *Cyanoliseus patagonus*? Journal of Avian Biology 33: 99–103, 2002.

MASELLO J & QUILLFELDT P. Body size, body condition and ornamental feathers of Burrowing Parrots: variations between years and sexes, assortative mating and influences on breeding success. Emu 103:149- 161, 2003.

MASELLO J, PAGNOSSIN ML, LUBJUHN T, QUILLFELDT P. Ornamental non-carotenoid red feathers of wild burrowing parrots. Ecological Research 19: 421–432, 2004.

MASELLO J & QUILLFELDT P. Are haematological parameters related to body condition, ornamentation and breeding success in wild burrowing parrots *Cyanoliseus patagonus*? Journal Avian Biol. 35: 445-454, 2004a.

MASELLO J & QUILLFELDT P. Consequence of La Niña phase of ENSO for the sourvival and growth of nestling Burrowing Parrots on the Atlantic coast of South America. Emu 104: 337-346, 2004b.

MASELLO J & QUILLFELDT P. La colonia de loros Barranqueros en la costa rionegrina de El Cóndor. Un patrimonio mundial. En: MASERA Ricardo. Las Mesetas Patagónicas que Caen al Mar: La Costa Rionegrina. Gobierno de Río Negro, Argentina, 2006. pp. 349- 371.

MASELLO J, PAGNOSSIN ML, SOMMER C, QUILLFELDT P. Population size, provisioning frequency, flock size and foraging range at the largest known colony of Psittaciformes: the Burrowing Parrots of the north-eastern Patagonian coastal cliffs. Emu 106: 69–79, 2006a.

MASELLO J, CHOCONI G, SEHGAL R, TELL L, QUILLFELDT P. Blood and Intestinal Parasites in Wild Psittaciformes: A Case Study of Burrowing Parrots *(Cyanoliseus patagonus)* ORNITOLOGIA NEOTROPICAL 17: 515–529, 2006b.

MASELLO J, SOMMER C, QUILLFELDT P. La colonia de loros más grande del mundo Los loros Barranqueros de la Patagonia. Hablemos de Loros: 50- 57, 2006c.

MASELLO J, LUBJUHN T, QUILLFELDT P. Hidden Dichromatism in the Burrowing Parrot (*Cyanoliseus Patagonus*) as Revealed by Spectrometric Colour Analysis. Hornero 24(1):47–55, 2009.

MASELLO J, QUILLFELDT P, MUNIMANDA G, KLAUKE N, SEGELBACHER G, SCHAEFER M, FAILLA M, CORTÉS M, MOODLEY Y. The high Andes, gene flow and a stable hybrid zone shape the genetic structure of a wide-ranging South American parrot. Frontiers in Zoology 8:16, junio 2011.

MASELLO J & QUILLFELDT P. ¿Cómo reproducirse exitosamente en un ambiente cambiante? Biología reproductiva del Loro Barranquero (*Cyanoliseus patagonus*) en el Noreste de la Patagonia. Hornero 27(1):73–88, 2012.

MILLER M, BIANCHI C, MULLINS T, HAIG S. Associations between forest fragmentation patterns and genetic structure in Pfrimer's Parakeet (*Pyrrhura pfrimeri*), an endangered endemic to central Brazil's dry forests Conserv Genet:14(2):333-343, Abril 2013.

MOLLER AP & BIRKHEAD TR. The evolution of plumage brightness in birds is related to extra-pair paternity. Evolution 48:1089–1100, 1994.

NATIONAL GEOGRAPHIC. Complete Birds of the World. USA, National Geographic Society. 2009. 384p.

NICHOLAS KB & NICHOLAS HB Jr. GeneDoc: Analysis and Visualization of Genetic Variation. 1997.

NORES & YZURIETA. Especiación en las Sierras Pampeanas de Córdoba y San Luis (Argentina), con descripción de siete nuevas subespecies de aves. Hornero, 88-102, N° Extraordinario, 1983.

NYLANDER JA. MrModeltest version 2.2. Evolutionary Biology Centre, Uppsala University, Uppsala. 2004. [en línea] <http://www.abc.se/~nylander/ > [consulta: junio 2012].

O'BRIEN SJ, WEINBERG J, LYONS LA. Comparative Genomics: Lessons from Cats. Trends Genet 13:393-399, 1997.

OLSON SL. Types and nomenclature of two Chilean parrots from the voyage of HMS Blonde (1825). Bull Br Ornithol Club 115(4):235–239, 1995.

OWENS IPF & HARTLEY IR. Sexual dimorphism in birds: why are there so many different forms of dimorphism? Proceedings of the Royal Society of London B 265:397–407, 1998.

POLZIN T & DANESCHMAND SV. On Steiner trees and minimum spanning trees in hypergraphs. Operations Research Letters 31:12-20, 2003.

PRESTI F & WASKO A. A review of microsatellite markers and their application on genetic diversity studies in parrots. Open Journal of Genetics 4:69–77, 2014.

RALLS K & Ballou J. Genetic Status and Management of California Condors. The Condor 106(2): 215-228, Mayo 2004.

RAMBAUT A & DRUMMOND AJ. Tracer v1.5. 2004. [en línea] <http:// evolve.zoo.ox.ac.uk/software.html>.

RIBAS C, JOSEPH L, MIYAKI C. Molecular Systematics and Patterns of Diversification in Pyrrhura (*Psittacidae*), with Special Reference to the Picta-Leucotis Complex. The Auk 123(3): 660-680, Julio 2006.

RINGLER E. The use of cross-species testing of microsatellite markers and sibship analysis in ex situ population management. Conservation Genet Resour 4:815–819, abril 2012.

ROCHA M & GASCA J. Ecología Molecular de la Conservación. En: EGUIARTE L, SOUZA V, AGUIRRE X. Ecología Molecular. México. Secretaría de Medio Ambiente y Recursos Naturales, Instituto Nacional de Ecología, Universidad Nacional Autónoma de México y Comisión Nacional para el Conocimiento y uso de la Biodiversidad. 2007. pp. 251- 278.

ROJAS M. Estudio de la Interacción entre Las Poblaciones de Loro Tricahue *Cyanoliseus patagonus bloxami*, y la Actividad Agrícola en las Comunas de Vicuña y Monte Patria Región de Coquimbo, Chile. Santiago, Chile, Servicio Agrícola y Ganadero, SAG, 2008. 188p.

ROMANOV Michael et al. The value of avian genomics to the conservation of wildlife. BMC Genomics 10(2): 10, 2009.

RONQUIST F & HUELSENBECK JP. MrBayes 3: Bayesian phylogenetic inference under mixed models. Bioinformatics 19:1572, 2003.

ROTTMANN J & LÓPEZ CALLEJA. Estrategia Nacional de Conservación de Aves. Serie técnica 1. Servicio Agrícola y Ganadero, División de Protección de los Recursos Naturales. 1992.

ROZAS J, SÁNCHEZ-Del BARRIO JC, MESSEGUER X, ROZAS R. DnaSP DNA polymorphism analyses by the coalescent and other methods. Bioinformatics 19: 2496–2497, 2003.

RUSSELLO M & AMATO G. Ex situ population management in the absence of pedigree information. Mol Ecol 13: 2829-2840, Octubre 2004.

RYDER OA. Conservation Genomics: Applying whole Genome studies to Species Conservation Efforts. Cytogenet. Genome Res 108:6-15, 2005.

SAG, SERVICIO AGRÍCOLA Y GANADERO. Centro de Rehabilitación de Fauna Silvestre [en línea] <http://www.sag.cl/ambitos-de-accion/vida-silvestre/136/registros> [consulta: enero 2015].

SCHNEIDER SD, ROESSLI D, EXCOFFIER L. Arlequin: A software for population genetic data. Genetics and Biometry Laboratory, University of Geneva, Switzerland. 2000.

SNYDER N, MCGOWAN P, GILARDI J, GRAJAL A. "Parrots Status Survey and Conservation Action Plan 2000-2004". IUCN, Gland, Switzerland y Cambridge, UK. 2000.

STAPLEY J, BIRKHEAD TR, BURKE T, SLATE J. A Linkage Map of the Zebra finch (*Taeniopygia guttata*) Provides New Insights into Avian Genome Evolution. Genetics 179:651-667, 2008.

TAMURA K, PETERSON D, PETERSON N, STECHER G, NEI M, KUMAR S. MEGA5: Genética Evolutiva Molecular Análisis utilizando máxima verosimilitud, Evolutiva Distancia, y métodos de máxima parsimonia. Mol. Biol. Evol. 28: 2731-2739, 2011.

VARGAS R & SQUEO F. Historia Natural del Loro Tricahue en el Norte de Chile. Ediciones Universidad de La Serena, La Serena, Chile. 2014. 100pp.

VÁZQUEZ E, CASTANEDA S, GARRIDO T, GUTIERREZ T. Avances Metodológicos para el Estudio Conjunto de la Información Genética, Genealógica y Geográfica en Análisis Evolutivos y de Distribución. Rev. chil. hist. nat. 82 (2): 277-297, 2009.

VIEILLOT LJP. Psittacus patagonus, Nouveau Dictionnaire d'histoire naturelle, nouv. éd, 25 Buenos Aires, 1818. 367 p.

VILLA A & GONZÁLEZ G. Informe Final Proyecto Conservación del Loro Tricahue (*Cyanoliseus patagonus byroni*) en la VII Región del Maule, Chile. CONAF Talca, 1993. 93 p.

VILLA A. Conservación del Loro Tricahue (*Cyanoliseus patagonus byroni*) en la Región del Maule, Chile. La Conservación de la Fauna Nativa de Chile, Logros y Perspectivas. Ministerio de Agricultura, Corporación Nacional Forestal. Valverde, V (ed.), 1998. 19- 25 p.

WHITE T, COLLAR N, MOORHOUSE R, SANZ V, STOLEN E, BRIGHTSMITH D. Psittacine reintroductions: Common denominators of succes. Biological Conservation 148: 106- 115, 2012.

WILGENBUSCH JC, WARREN, DL, SWOFFORD DL. AWTY: A system for graphical exploration of MCMC convergence in Bayesian phylogenetic inference. 2004 [en línea] <http://ceb.csit.fsu.edu/awty>.

WRIGHT T, RODRIGUEZ A, FLEISCHER R. Vocal dialects, sex-biased dispersal, and microsatellite population structure in the parrot Amazona auropalliata. Molecular Ecology 14:1197-1205, 2005.

WÜSTER W, CROOKES S, INEICH I, MANÉ Y, POOK CE, TRAPE J-F, BROADLEY DG. The phylogeny of cobras inferred from mitochondrial DNA sequences: Evolution of venom spitting and the phylogeography of the African spitting cobras (Serpentes: Elapidae: *Naja nigricollis complex*). Molecular Phylogenetic and Evolution 45: 437-453, 2007.

WWF, WORLD WILDLIFE FOUND. Draining the Amazon of wildlife. [en línea] <http://wwf.panda.org/what_we_do/where_we_work/amazon/problems/other_threats/wildlife_trade_amazon/ > [consulta: junio 2011].

ANEXO

Número de acceso a GenBank para cada marcador molecular utilizado en los ejemplares de *Cyanoliseus patagonus*: genotipos andinus, patagonus 1 y patagonus 2, por Masello *et al*, 2011.

Muestra	Genotipo	cytochrom *b* (Cytb)	cytochrom oxidase subunit 1 (CO1)	ATPase subunits 6/8
4727	andinus	GQ232267	GQ232198	GQ232149
4728	andinus	HQ670799	HQ670895	HQ670997
4704	andinus	GQ232262	GQ232204	GQ232145
4705	andinus	GQ232266	GQ232199	HQ670991
4708	andinus	HQ670795	HQ670891	HQ670992
4709	andinus	HQ670796	HQ670892	HQ670993
4717	andinus	HQ670797	HQ670893	HQ670994
4720	andinus	GQ232259	GQ232201	HQ670995
4731	andinus	HQ670800	HQ670896	HQ670998
4732	andinus	HQ670801	HQ670897	HQ670999
4736	andinus	HQ670802	HQ670898	HQ671000
4585	andinus	GQ232250	GQ232192	GQ232137
4588	andinus	GQ232253	GQ232189	GQ232142
4693	andinus	HQ670794	HQ670890	HQ670990
4695	andinus	GQ232265	GQ232200	GQ232148
4721	andinus	HQ670798	HQ670894	HQ670996
43_1	patagonus 2	HQ670855	HQ670955	HQ671061
43_6	patagonus 2	HQ670856	HQ670956	HQ671062
4581	patagonus 2	HQ670765	HQ670859	HQ670959
4582	patagonus 2	HQ670766	HQ670860	HQ670960
4583	patagonus 2	HQ670767	HQ670861	HQ670961
4381	patagonus 1	GQ232222	GQ232175	GQ232112
5059	patagonus 1	GQ232233	GQ232187	GQ232121
5060	patagonus 1	GQ232234	GQ232188	GQ232133
6051	patagonus 1	HQ670846	HQ670946	HQ671052
4902	patagonus 1	HQ670824	HQ670923	HQ671026
4903	patagonus 1	HQ670825	HQ670924	HQ671027
4904	patagonus 1	GQ232247	GQ232161	GQ232128
4837	patagonus 1	GQ232216	GQ232170	GQ232107
4838	patagonus 1	HQ670818	HQ670916	HQ671020
5904	patagonus 1	HQ670834	HQ670934	HQ671040
6158	patagonus 1	HQ670848	HQ670948	HQ671054
6159	patagonus 1	HQ670849	HQ670949	HQ671055
4911	patagonus 1	GQ232220	GQ232173	GQ232111
4912	patagonus 1	GQ232248	GQ232155	GQ232129
4913	patagonus 1	HQ670826	HQ670925	HQ671028
4914	patagonus 1	HQ670827	HQ670926	HQ671029
4928	patagonus 1	HQ670828	HQ670927	HQ671030
4598	andinus	HQ670771	HQ670866	HQ670965

4600	andinus	HQ670772	HQ670867	HQ670966
4601	patagonus 2	HQ670773	HQ670868	HQ670967
4602	andinus	GQ232258	HQ670869	HQ670968
4606	patagonus 2	HQ670774	HQ670870	HQ670969
4607	patagonus 2	HQ670775	HQ670871	HQ670970
4608	patagonus 2	HQ670776	HQ670872	HQ670971
4609	andinus	HQ670777	HQ670873	HQ670972
4610	patagonus 2	GQ232251	GQ232193	GQ232139
4611	patagonus 2	GQ232255	GQ232191	GQ232144
4612	patagonus 2	GQ232252	GQ232195	GQ232140
4615	patagonus 2	HQ670778	HQ670874	HQ670973
4616	patagonus 2	HQ670779	HQ670875	HQ670974
4619	andinus	HQ670780	HQ670876	HQ670975
4620	patagonus 2	HQ670781	HQ670877	HQ670976
4621	andinus	HQ670782	HQ670878	HQ670977
4624	andinus	HQ670783	HQ670879	HQ670978
4625	patagonus 2	HQ670784	HQ670880	HQ670979
4626	patagonus 2	HQ670785	HQ670881	HQ670980
4630	andinus	HQ670786	HQ670882	HQ670981
4632	patagonus 1	HQ670787	HQ670883	HQ670982
4633	andinus	GQ232261	GQ232203	GQ232150
4635	andinus	HQ670788	HQ670884	HQ670983
4636	andinus	HQ670789	HQ670885	HQ670984
4652	andinus	GQ232263	GQ232197	HQ670985
4653	andinus	HQ670790	HQ670886	HQ670986
4687	andinus	HQ670791	HQ670887	HQ670987
4688	patagonus 1	HQ670792	HQ670888	HQ670988
4689	andinus	HQ670793	HQ670889	HQ670989
4590	patagonus 2	GQ232256	GQ232194	GQ232138
4592	patagonus 1	GQ232254	GQ232190	GQ232143
4594	andinus	HQ670768	HQ670862	HQ670962
4595	patagonus 2	GQ232257	HQ670863	GQ232136
4596	patagonus 2	HQ670769	HQ670864	HQ670963
4597	andinus	HQ670770	HQ670865	HQ670964
4740	patagonus 1	GQ232239	GQ232158	GQ232122
4742	patagonus 2	GQ232208	GQ232163	GQ232100
4744	patagonus 2	HQ670803	HQ670899	HQ671001
4745	patagonus 1	HQ670804	HQ670900	HQ671002
4746	patagonus 2	HQ670805	HQ670901	HQ671003
4748	patagonus 2	HQ670806	HQ670902	HQ671004
4762	patagonus 2	GQ232211	GQ232166	HQ671007
4763	patagonus 1	HQ670809	HQ670905	HQ671008
6116	patagonus 2	HQ670847	HQ670947	HQ671053
5988	patagonus 2	HQ670839	HQ670939	HQ671045
5989	patagonus 2	HQ670840	HQ670940	HQ671046
5990	patagonus 1	HQ670841	HQ670941	HQ671047
5991	patagonus 1	HQ670842	HQ670942	HQ671048
4802	patagonus 2	GQ232244	HQ670912	HQ671016

4808	patagonus 1	HQ670815	HQ670913	HQ671017
4522	patagonus 1	GQ232237	GQ232154	GQ232130
4848	patagonus 2	HQ670819	HQ670917	HQ671021
4864	patagonus 1	GQ232238	GQ232156	GQ232131
4866	patagonus 1	HQ670820	HQ670918	HQ671022
4786	patagonus 2	HQ670812	HQ670909	HQ671013
4787	patagonus 2	HQ670813	HQ670910	HQ671014
4788	patagonus 1	GQ232242	GQ232157	GQ232124
4789	patagonus 1	GQ232243	GQ232159	GQ232125
4790	patagonus 1	HQ670814	HQ670911	HQ671015
5052	patagonus 1	GQ232231	GQ232184	GQ232118
5053	patagonus 2	GQ232232	GQ232185	GQ232119
5054	patagonus 2	HQ670832	GQ232186	HQ671039
5056	patagonus 2	HQ670833	HQ670933	GQ232120
4900	patagonus 1	GQ232218	GQ232171	GQ232109
4901	patagonus 1	HQ670823	GQ232172	HQ671025
6034	patagonus 1	HQ670843	HQ670943	HQ671049
6035	patagonus 1	HQ670844	HQ670944	HQ671050
6036	patagonus 2	HQ670845	HQ670945	HQ671051
4869	patagonus 2	GQ232245	GQ232160	GQ232126
4871	patagonus 1	HQ670821	HQ670919	HQ671023
5930	patagonus 2	HQ670835	HQ670935	HQ671041
5931	patagonus 1	HQ670836	HQ670936	HQ671042
5932	patagonus 2	HQ670837	HQ670937	HQ671043
4773	patagonus 2	HQ670810	HQ670906	HQ671009
4774	patagonus 1	GQ232241	HQ670907	HQ671010
4775	patagonus 2	GQ232212	GQ232167	GQ232103
5033	patagonus 1	GQ232225	GQ232178	HQ671034
5034	patagonus 1	GQ232224	GQ232177	GQ232114
5036	patagonus 1	GQ232226	GQ232180	GQ232116
5037	patagonus 2	HQ670831	HQ670931	HQ671035
4816	patagonus 2	GQ232214	GQ232168	GQ232105
4823	patagonus 1	HQ670816	HQ670914	HQ671018
4824	patagonus 1	GQ232215	GQ232169	GQ232106
4825	patagonus 1	HQ670817	HQ670915	HQ671019
4755	patagonus 1	GQ232209	GQ232164	GQ232101
4756	patagonus 1	GQ232210	GQ232165	GQ232102
4757	patagonus 1	HQ670807	HQ670903	HQ671005
4758	patagonus 2	HQ670808	HQ670904	HQ671006
4885	patagonus 1	HQ670822	HQ670920	HQ671024
4887	patagonus 2	GQ232235	HQ670921	GQ232134
4889	patagonus 1	GQ232236	HQ670922	GQ232135
5934	patagonus 1	HQ670838	HQ670938	HQ671044
4380	patagonus 2	HQ670763	HQ670857	HQ670957
4386	patagonus 2	GQ232223	GQ232176	GQ232113
4519	patagonus 1	HQ670764	HQ670858	HQ670958
5042	patagonus 2	GQ232227	HQ670932	HQ671036
5043	patagonus 1	GQ232228	GQ232181	HQ671037

5044	patagonus 2	GQ232229	GQ232182	HQ671038
5045	patagonus 2	GQ232230	GQ232183	GQ232117
4778	patagonus 1	HQ670811	HQ670908	HQ671011
4779	patagonus 2	GQ232221	GQ232174	HQ671012

Haplotipos obtenidos y los individuos que los conforman por marcador

Marcador: ATP 6/8

H	n	Individuos
1	61	4727cpa 4717cpa 4731cpa 4732cpa 4736cpa 4585cpa 4588cpa 4695cpa 4721cpa 43_1cp2 4581cp2 4582cp2 4583cp2 4381cp1 6158cp1 4598cpa 4601cp2 4602cpa 4606cp2 4610cp2 4611cp2 4612cp2 4615cp2 4616cp2 4619cpa 4620cp2 4621cpa 4625cp2 4626cp2 4630cpa 4632cp1 4633cpa 4635cpa 4636cpa 4687cpa 4689cpa 4590cp2 4595cp2 4596cp2 4597cpa 4744cp2 4746cp2 4748cp2 4762cp2 5988cp2 5989cp2 4864cp1 5052cp1 5053cp2 4869cp2 4773cp2 4775cp2 5034cp1 5037cp2 4758cp2 4887cp2 4380cp2 5042cp2 5043cp1 5045cp2 4779cp2
2	1	4728cpa
3	6	4704cpa 4708cpa 4709cpa 4693cpa 4652cpa 4653cpa
4	1	4705cpa
5	1	4720cpa
6	15	43_6cp2 4607cp2 4608cp2 6116cp2 4802cp2 4848cp2 4787cp2 4788cp1 4789cp1 5054cp2 6036cp2 5930cp2 5932cp2 5036cp1 5044cp2
7	44	5059cp1 5060cp1 4902cp1 4903cp1 4904cp1 4837cp1 4838cp1 5904cp1 6159cp1 4911cp1 4912cp1 4913cp1 4914cp1 4928cp1 4592cp1 4740cpa 4763cp1 5990cp1 5991cp1 4808cp1 4522cp1 4866cp1 4790cp1 5056 4900cp1 4901cp1 6034cp1 6035cp1 4871cp1 5931cp1 4774cp1 5033cp1 4816cp2 4823cp1 4824cp1 4825cp1 4755cp1 4756cp1 4757cp1 4885cp1 4889cp1 5934cp1 4386cp2 4519cp1
8	2	6051cp1 4778cp1
9	3	4600cpa 4609cpa 4594cpa
10	1	4624cp2
11	1	4688cp1
12	1	4742cp2
13	1	4745cp1
14	1	4786cp2
15	7	5022Cpb 5028Cpb 5031Cpb 38_11Cpb 37_10Cpb 37_5Cpb K1A_ATP68F
16	21	[5023Cpb 37_2Cpb A1A_ATP68F B1A_ATP68F C3A_ATP68F C5A_ATP68F D1A_ATP68F D4A_ATP68F E2A_ATP68F G3A_ATP68F H2A_ATP68F H4A_ATP68F I1A_ATP68F I2A_ATP68R I3A_ATP68F I4A_ATP68F K2A_ATP68F L1A_ATP68F L5A_ATP68F L6A_ATP68R L7A_ATP68F
17	7	5027Cpb 37_17Cpb J1A_ATP68F J2A_ATP68F M1A_ATP68F M4A_ATP68F N2A_ATP68F
18	1	5030Cpb
19	2	B2A_ATP68F D2A_ATP68F
20	1	C2A_ATP68F
21	2	C4A_ATP68F K4A_ATP68F
22	1	E1A_ATP68F
23	1	G2A_ATP68F

Marcador: COI

H	n	Individuos
1	13	4727Cpa 4728Cpa 4717Cpa 4720Cpa 4732Cpa 4736Cpa 4721Cpa 4602Cpa 4621Cpa 4630Cpa 4633Cpa 4635Cpa 4636Cpa
2	17	4704Cpa 4705Cpa 4708Cpa 4709Cpa 4585Cpa 4588Cpa 4693Cpa 4695Cpa 4598Cpa 4619Cpa 4624Cpa 4652Cpa 4653Cpa 4687Cpa 4688Cp1 4689Cpa 4597Cpa
3	1	4731Cpa
4	60	43_1Cp2 43_6Cp2 4581Cp2 4582Cp2 4583Cp2 6051Cp1 6158Cp1 6159Cp1 4601Cp2 4606Cp2 4607Cp2 4608Cp2 4610Cp2 4611Cp2 4612Cp2 4615Cp2 4616Cp2 4620Cp2 4625Cp2 4626Cp2 4590Cp2 4592Cp1 4595Cp2 4596Cp2 4744Cp2 4745Cp1 4746Cp2 4748Cp2 4762Cp2 4763Cp1 6116Cp2 5988Cp2 5989Cp2 5991Cp1 4802Cp2 4848Cp2 4786Cp2 4787Cp2 4788Cp1 5052Cp1 5054Cp2 6036Cp2 4869Cp2 5930Cp2 5932cp2 4773cp2 4775cp2 4816cp2 4755cp1 4756CP1 4757CP1 4885CP1 4380CP2 4386CP2 5042CP2 5043CP1 5044CP2 5045CP2 4778CP1 4779CP2
5	36	4381Cp1 5059Cp1 5060Cp1 4902Cp1 4903Cp1 4904Cp1 4838Cp1 5904Cp1 4911Cp1 4912Cp1 4913Cp1 4914Cp1 4928Cp1 4632Cp1 4740Cp1 5990Cp1 4808Cp1 4522Cp1 4864Cp1 4866Cp1 4789Cp1 4790Cp1 4900Cp1 4901Cp1 6034Cp1 6035Cp1 4871Cp1 5931Cp1 4774cp1 5033cp1 5034cp1 4823cp1 4824cp1 4825cp1 4889CP1 5934CP1
6	1	4837Cp1
7	3	4600Cpa 4609Cpa 4594Cpa
8	3	4742Cp2 5053Cp2 4758Cp2
9	3	5056Cp2 5037cp2 4887Cp2
10	1	4519CP1
11	17	5022Cpb 5028Cpb 5031Cpb 38_11Cpb 37_10Cpb 37_5Cpb H1C_COIF H2C_COIF H4C_COIF I3C_COIF I5C_COIR J3C_COIF K1C_COIF L2C_COIF L3C_COIF L5C_COIF N3C_COIR
12	48	5023Cpb 5027Cpb 5030Cpb 37_17Cpb 37_2Cpb A1C_COIF B1C_COIR B2C_COIF B3C_COIR B4C_COIF B5C_COIF B6C_COIF C2C_COIF C3C_COIF C4C_COIF C5C_COIF D1C_COIF D2C_COIF D3C_COIF D4C_COIF D5C_COIF E1C_COIF E2C_COIF E3C_COIF F1C_COIF F2C_COIF G1C_COIF G2C_COIF G3C_COIF H3C_COIF I1C_COIF I4C_COIR J1C_COIF J2C_COIF J4C_COIF J5C_COIF K2C_COIF K3C_COIF K4C_COIF L1C_COIF L4C_COIF L6C_COIF M1C_COIF M3C_COIF M4C_COIF N1C_COIF N2C_COIF N5C_COIF
13	1	C1C_COIF

Marcador: Cytb

H	n	Individuos
1	31	4727Cpa 4728Cpa 4704Cpa 4705Cpa 4708Cpa 4709Cpa 4717Cpa 4720Cpa 4731Cpa 4732Cpa 4736Cpa 4585Cpa 4588Cpa 4693Cpa 4695Cpa 4721Cpa 4598Cpa 4602Cpa 4619Cpa 4621Cpa 4624Cpa 4630Cpa 4633Cpa 4635Cpa 4636Cpa 4652Cpa 4653Cpa 4687Cpa 4688Cp1 4689Cpa 4597Cpa
2	8	43_1Cp2 4742Cp2 5053Cp2 4773cp2 4758cp2 4380cp2 4386cp2 5042cp2
3	1	43_6Cp2
4	22	4581Cp2 4583Cp2 4601Cp2 4606Cp2 4610Cp2 4611Cp2 4612Cp2 4615Cp2 4616Cp2 4620Cp2 4625Cp2 4626Cp2 4590Cp2 4595Cp2 4596Cp2 4746Cp2 4748Cp2 4762Cp2 5988Cp2 5989Cp2 4775cp2 4779cp2
5	1	4582Cp2
6	49	4381Cp1 5059Cp1 5060Cp1 6051Cp1 4902Cp1 4903Cp1 4838Cp1 5904Cp1 4911Cp1 4912Cp1 4913Cp1 4928Cp1 4607Cp2 4592Cp1 4740Cp1 4744Cp2 4763Cp1 6116Cp2 5990Cp1 5991Cp1 4802Cp2 4808Cp1 4522Cp1 4848Cp2 4864Cp1 4786Cp2 4787Cp2 4788Cp1 4789Cp1 5054Cp2 5056Cp2 6036Cp2 4869Cp2 4871Cp1 5930Cp2 5932cp2 5037cp2 4816cp2 4823cp1 4824cp1 4825cp1 4887cp2 4889cp1 5934cp1 4519cp1 5043cp2 5044cp2 5045cp2 4778cp1
7	12	4904Cp1 4837Cp1 4914Cp1 4866Cp1 4900Cp1 6034Cp1 6035Cp1 5931Cp1 4774cp1 5033cp1 5034cp1 5036cp1
8	8	6158Cp1 6159Cp1 4745Cp1 5052Cp2 4755cp1 4756cp1 4757cp1 4885cp1
9	3	4600Cpa 4609Cpa 4594Cpa
10	1	4608Cp2
11	1	4632Cp1
12	1	4790Cp1
13	1	4901Cp1
14	10	5022Cpb 5023Cpb 5027Cpb 5028Cpb 5030Cpb 5031Cpb 38_11Cpb 37_10Cpb 37_17Cpb 37_5Cpb
15	1	[37_2Cpb
16	7	A1b_CytbF B1b_CytbF B6b_CytbF C1b_CytbF C4b_CytbF C5b_CytbF E2b_CytbF
17	32	B2b_CytbF B3b_CytbF B4b_CytbF B5b_CytbR C2b_CytbF C3b_CytbF D1b_CytbF D2b_CytbF D3b_CytbF D5b_CytbF E1b_CytbF F1_3_Cytb_F F1b_CytbF H1b_CytbF I2b_CytbF I3b_CytbF I4b_CytbF J1b_CytbF J2b_CytbF J3b_CytbF J4b_CytbF J5b_CytbF K1b_CytbF K2b_CytbF K4b_CytbF L2b_CytbF L3b_CytbF L5b_CytbR L6b_CytbF L7b_CytbF N1b_CytbF N5b_CytbF
18	1	E3b_CytbF
19	1	H2b_CytbF
20	1	I1b_CytbF
21	2	L1b_CytbF L4b_CytbF
22	1	M4b_CytbF

Cantidad de individuos según haplotipos obtenidos en Chile por loreras para cada marcador

ATP6/8

Lorera	H: 15	H: 16	H: 17	H: 18	H: 19	H: 20	H: 21	H: 22	H: 23	Total
Tofo Norte	0	2	0	0	0	0	0	0	0	**2**
Bramadero	0	4	0	0	0	0	0	0	0	**4**
Santa Gracia	2 (S: 0; M: 2)	5 (S: 4; M: 1)	1(S: 0; M: 1)	0	0	0	0	0	0	**8**
San Carlos I	2 (S: 0; M: 2)	1 (S: 0; M: 1)	2(S: 2; M: 0)	1(S:0 ; M: 1)	0	0	0	0	0	**6**
San Carlos II	3 (S: 1; M: 2)	1 (S: 1; M: 0)	1(S: 0; M: 1)	0	0	0	1(S:1 ; M: 0)	0	0	**6**
Samo Alto	0	0	2	0	0	0	0	0	0	**2**
El Espinal	0	0	1	0	0	0	0	0	0	**1**
Pascuala I	0	2	0	0	1	0	0	0	0	**3**
Pascuala II	0	1	0	0	0	0	0	1	0	**2**
El Azufre	0	0	0	0	0	0	0	0	0	**0**
Portillo	0	1	0	0	0	0	0	0	1	**2**
La Capilla	0	1	0	0	1	0	0	0	0	**2**
Santa Clara	0	2	0	0	0	0	1	0	0	**3**
El Enemigo	0	1	0	0	0	1	0	0	0	**2**
Total	**7**	**21**	**7**	**1**	**2**	**1**	**2**	**1**	**1**	**43**

Con la Lorera El Azufre no se logró obtener secuencias con este marcador. S corresponden a los individuos muestreados en este estudio, M corresponden a los individuos obtenidos del estudio de Masello *et al* (2011).

COI

Lorera	H: 11	H: 12	H: 13	Total
Tofo Norte	3	1	0	**3**
Bramadero	2	2	0	**4**
Santa Gracia	5(S: 3; M: 2)	5(S: 3; M: 2)	0	**10**
San Carlos I	3(S: 1; M: 2)	6(S: 4; M: 2)	0	**9**
San Carlos II	3(S: 1; M: 2)	4(S: 3; M: 1)	0	**7**
Samo Alto	0	3	0	**3**
El Espinal	1	3	0	**4**
Pascuala I	0	5	0	**5**
Pascuala II	0	4	0	**4**
El Azufre	0	1	0	**1**
Portillo	0	3	0	**3**
La Capilla	0	6	0	**6**
Santa Clara	0	4	1	**6**
El Enemigo	0	1	0	**1**
Total	**17**	**48**	**1**	**66**

S corresponden a los individuos muestreados en este estudio, M corresponden a los individuos obtenidos del estudio de Masello *et al* (2011).

Cytb

Lorera	H: 14	H: 15	H: 16	H: 17	H: 18	H: 19	H: 20	H: 21	H: 22	Total
Tofo Norte	0	0	0	1	0	1	0	0	0	**2**
Bramadero	0	0	0	3	0	0	1	0	0	**4**
Santa Gracia	3(S: 0; M: 3)	1(S: 0; M: 1)	0	5(S: 5; M: 0)	0	0	0	2(S: 2; M: 0)	0	**11**
San Carlos I	4(S: 0; M: 4)	0	0	5(S: 5; M:0)	0	0	0	0	0	**9**
San Carlos II	3(S: 0; M: 3)	0	0	3(S: 3; M: 0)	0	0	0	0	0	**6**
Samo Alto	0	0	0	0	0	0	0	0	1	**1**
El Espinal	0	0	0	2	0	0	0	0	0	**2**
Pascuala I	0	0	0	4	0	0	0	0	0	**4**
Pascuala II	0	0	1	1	1	0	0	0	0	**3**
El Azufre	0	0	0	2	0	0	0	0	0	**2**
Portillo*	0	0	0	0	0	0	0	0	0	**0**
La Capilla	0	0	2	4	0	0	0	0	0	**6**
Santa Clara	0	0	3	2	0	0	0	0	0	**5**
El Enemigo	0	0	1	0	0	0	0	0	0	**1**
Total	**10**	**1**	**7**	**32**	**1**	**1**	**1**	**2**	**1**	**56**

Con la Lorera Portillo no se logró obtener secuencias con este marcador. S corresponden a los individuos muestreados en este estudio, M corresponden a los individuos obtenidos del estudio de Masello *et al* (2011).

Localidades de cada individuo chileno muestreado según haplotipos por cada marcador

Marcador: ATP 6/8

	Haplotipo: 15	individuos: 07		
	Nombre	Localidad (Lorera)	Región	País
1	5022Cpb	Quebrada San Carlos I	IV	Chile
2	5028Cpb	Quebrada San Carlos I	IV	Chile
3	5031Cpb	Quebrada San Carlos II	IV	Chile
4	38_11Cpb	Quebrada San Carlos II	IV	Chile
5	37_10Cpb	Santa Gracia	IV	Chile
6	37_5Cpb	Santa Gracia	IV	Chile
7	K1A_ATP68F	Vicuña (San Carlos II)	IV	Chile

	Haplotipo: 16	individuos: 21		
	Nombre	Localidad (Lorera)	Región	País
1	5023Cpb	Quebrada San Carlos I	IV	Chile
2	37_2Cpb	Santa Gracia	IV	Chile
3	A1A_ATP68F	San Clemente (El Enemigo)	VII	Chile
4	B1A_ATP68F	San Clemente (La capilla)	VII	Chile
5	C3A_ATP68F	San Clemente (Santa Clara)	VII	Chile
6	C5A_ATP68F	San Clemente (Santa Clara)	VII	Chile
7	D1A_ATP68F	San Fernando (Pascuala I)	VI	Chile
8	D4A_ATP68F	San Fernando (Pascuala I)	VI	Chile
9	E2A_ATP68F	San Fernando (Pascuala II)	VI	Chile
10	G3A_ATP68F	San Fernando (Portillo)	VI	Chile
11	H2A_ATP68F	La Higuera (El Tofo norte)	IV	Chile
12	H4A_ATP68F	La Higuera (El Tofo norte)	IV	Chile
13	I1A_ATP68F	La Higuera (Bramadero)	IV	Chile
14	I2A_ATP68R	La Higuera (Bramadero)	IV	Chile
15	I3A_ATP68F	La Higuera (Bramadero)	IV	Chile
16	I4A_ATP68F	La Higuera (Bramadero)	IV	Chile
17	K2A_ATP68F	Vicuña (San Carlos II)	IV	Chile
18	L1A_ATP68F	La Serena (Santa Gracia)	IV	Chile
19	L5A_ATP68F	La Serena (Santa Gracia)	IV	Chile
20	L6A_ATP68R	La Serena (Santa Gracia)	IV	Chile
21	L7A_ATP68F	La Serena (Santa Gracia)	IV	Chile

	Haplotipo: 17	individuos: 07		
	Nombre	Localidad (Lorera)	Región	País
1	5027Cpb	Quebrada San Carlos II	IV	Chile
2	37_17Cpb	Santa Gracia	IV	Chile
3	J1A_ATP68F	Vicuña (San Carlos I)	IV	Chile
4	J2A_ATP68F	Vicuña (San Carlos I)	IV	Chile
5	M1A_ATP68F	Río Hurtado (Samo Alto)	IV	Chile
6	M4A_ATP68F	Río Hurtado (Samo Alto)	IV	Chile
7	N2A_ATP68F	Río Hurtado (El Espinal)	IV	Chile

	Haplotipo: 18	individuos: 01		
	Nombre	Localidad (Lorera)	Región	País
1	5030Cpb	Quebrada San Carlos I	IV	Chile

	Haplotipo: 19	individuos: 02		
	Nombre	Localidad (Lorera)	Región	País
1	B2A_ATP68F	San Clemente (La capilla)	VII	Chile
2	D2A_ATP68F	San Fernando (Pascuala I)	VI	Chile

	Haplotipo: 20	individuos: 01		
	Nombre	Localidad (Lorera)	Región	País
1	C2A_ATP68F	San Clemente (Santa Clara)	VII	Chile

	Haplotipo: 21	individuos: 02		
	Nombre	Localidad (Lorera)	Región	País
1	C4A_ATP68F	San Clemente (Santa Clara)	VII	Chile
2	K4A_ATP68F	Vicuña (San Carlos II)	IV	Chile

	Haplotipo: 22	individuos: 01		
	Nombre	Localidad (Lorera)	Región	País
1	E1A_ATP68F	San Fernando (Pascuala II)	VI	Chile

	Haplotipo: 23	individuos: 01		
	Nombre	Localidad (Lorera)	Región	País
1	G2A_ATP68F	San Fernando (Portillo)	VI	Chile

Marcador: COI

	Haplotipo: 11	individuos: 17		
	Nombre	Localidad Lorera)	Región	País
1	5022Cpb	Quebrada San Carlos I	IV	Chile
2	5028Cpb	Quebrada San Carlos I	IV	Chile
3	5031Cpb	Quebrada San Carlos II	IV	Chile
4	38_11Cpb	Quebrada San Carlos II	IV	Chile
5	37_10Cpb	Santa Gracia	IV	Chile
6	37_5Cpb	Santa Gracia	IV	Chile
7	H1C_COIF	San Clemente (Santa Clara)	IV	Chile
8	H2C_COIF	La Higuera (El Tofo norte)	IV	Chile
9	H4C_COIF	La Higuera (El Tofo norte)	IV	Chile
10	I3C_COIF	La Higuera (Bramadero)	IV	Chile
11	I5C_COIR	La Higuera (Bramadero)	IV	Chile
12	J3C_COIF	Vicuña (San Carlos I)	IV	Chile
13	K1C_COIF	Vicuña (San Carlos II)	IV	Chile
14	L2C_COIF	La Serena (Santa Gracia)	IV	Chile
15	L3C_COIF	La Serena (Santa Gracia)	IV	Chile
16	L5C_COIF	La Serena (Santa Gracia)	IV	Chile
17	N3C_COIR	Río Hurtado (El Espinal)	IV	Chile

	Haplotipo: 12	individuos: 48		
	Nombre	Localidad	Región	País
1	5023Cpb	Quebrada San Carlos I	IV	Chile
2	5027Cpb	Quebrada San Carlos I	IV	Chile
3	5030Cpb	Quebrada San Carlos II	IV	Chile
4	37_17Cpb	Santa Gracia	IV	Chile
5	37_2Cpb	Santa Gracia	IV	Chile
6	A1C_COIF	San Clemente (El Enemigo)	VII	Chile
7	B1C_COIR	San Clemente (La Capilla)	VII	Chile
8	B2C_COIF	San Clemente (La Capilla)	VII	Chile
9	B3C_COIR	San Clemente (La Capilla)	VII	Chile
10	B4C_COIF	San Clemente (La Capilla)	VII	Chile
11	B5C_COIF	San Clemente (La Capilla)	VII	Chile
12	B6C_COIF	San Clemente (La Capilla)	VII	Chile
13	C2C_COIF	San Clemente (Santa Clara)	VII	Chile
14	C3C_COIF	San Clemente (Santa Clara)	VII	Chile
15	C4C_COIF	San Clemente (Santa Clara)	VII	Chile
16	C5C_COIF	San Clemente (Santa Clara)	VII	Chile

17	D1C_COIF	San Fernando (Pascuala I)	VI	Chile
18	D2C_COIF	San Fernando (Pascuala I)	VI	Chile
19	D3C_COIF	San Fernando (Pascuala I)	VI	Chile
20	D4C_COIF	San Fernando (Pascuala I)	VI	Chile
21	D5C_COIF	San Fernando (Pascuala I)	VI	Chile
22	E1C_COIF	San Fernando (Pascuala II)	VI	Chile
23	E2C_COIF	San Fernando (Pascuala II)	VI	Chile
24	E3C_COIF	San Fernando (Pascuala II)	VI	Chile
25	E1C_COIF	San Fernando (Pascuala II)	VI	Chile
26	F2C_COIF	San Fernando (El Azufre)	VI	Chile
27	G1C_COIF	San Fernando (Portillo)	VI	Chile
28	G2C_COIF	San Fernando (Portillo)	VI	Chile
29	G3C_COIF	San Fernando (Portillo)	VI	Chile
30	H3C_COIF	La Higuera (El Tofo norte)	IV	Chile
31	I1C_COIF	La Higuera (Bramadero)	IV	Chile
32	I4C_COIR	La Higuera (Bramadero)	IV	Chile
33	J1C_COIF	Vicuña (San Carlos I)	IV	Chile
34	J2C_COIF	Vicuña (San Carlos I)	IV	Chile
35	J4C_COIF	Vicuña (San Carlos I)	IV	Chile
36	J5C_COIF	Vicuña (San Carlos I)	IV	Chile
37	K2C_COIF	Vicuña (San Carlos II)	IV	Chile
38	K3C_COIF	Vicuña (San Carlos II)	IV	Chile
39	K4C_COIF	Vicuña (San Carlos II)	IV	Chile
40	L1C_COIF	La Serena (Santa Gracia)	IV	Chile
41	L4C_COIF	La Serena (Santa Gracia)	IV	Chile
42	L6C_COIF	La Serena (Santa Gracia)	IV	Chile
43	M1C_COIF	Río Hurtado (Samo Alto)	IV	Chile
44	M3C_COIF	Río Hurtado (Samo Alto)	IV	Chile
45	M4C_COIF	Río Hurtado (Samo Alto)	IV	Chile
46	N1C_COIF	Río Hurtado (El Espinal)	IV	Chile
47	N2C_COIF	Río Hurtado (El Espinal)	IV	Chile
48	N5C_COIF	Río Hurtado (El Espinal)	IV	Chile

	Haplotipo: 13	individuos: 01		
	Nombre	Localidad	Región	País
1	C1C_COIF	San Clemente (Santa Clara)	VII	Chile

Marcador: Cytb

	Haplotipo: 14	individuos: 10		
	Nombre	Localidad (lorera)	Región	País
1	5022Cpb	Quebrada San Carlos I	IV	Chile
2	5023Cpb	Quebrada San Carlos I	IV	Chile
3	5027Cpb	Quebrada San Carlos I	IV	Chile
4	5028Cpb	Quebrada San Carlos I	IV	Chile
5	5030Cpb	Quebrada San Carlos II	IV	Chile
6	5031Cpb	Quebrada San Carlos II	IV	Chile
7	38_11Cpb	Quebrada San Carlos II	IV	Chile
8	37_10Cpb	Santa Gracia	IV	Chile
9	37_17Cpb	Santa Gracia	IV	Chile
10	37_5Cpb	Santa Gracia	IV	Chile

	Haplotipo: 15	individuos: 1		
	Nombre	Localidad (lorera)	Región	País
1	37_2Cpb]	Santa Gracia	IV	Chile

	Haplotipo: 16	individuos: 07		
	Nombre	Localidad (lorera)	Región	País
1	A1b_CytbF	San clemente (El Enemigo)	VII	Chile
2	B1b_CytbF	San Clemente (La Capilla)	VII	Chile
3	B6b_CytbF	San Clemente (La Capilla)	VII	Chile
4	C1b_CytbF	San Clemente (Santa Clara)	VII	Chile
5	C4b_CytbF	San Clemente (Santa Clara)	VII	Chile
6	C5b_CytbF	San Clemente (Santa Clara)	VII	Chile
7	E2b_CytbF	San Fernando (Pascuala II)	VI	Chile

	Haplotipo: 17	individuos: 32		
	Nombre	Localidad (lorera)	Región	País
1	B2b_CytbF	San Clemente (La Capilla)	VII	Chile
2	B3b_CytbF	San Clemente (La Capilla)	VII	Chile
3	B4b_CytbF	San Clemente (La Capilla)	VII	Chile
4	B5b_CytbR	San Clemente (La Capilla)	VII	Chile
5	C2b_CytbF	San Clemente (Santa Clara)	VII	Chile
6	C3b_CytbF	San Clemente (Santa Clara)	VII	Chile
7	D1b_CytbF	San Fernando (Pascuala I)	VI	Chile
8	D2b_CytbF	San Fernando (Pascuala I)	VI	Chile
9	D3b_CytbF	San Fernando (Pascuala I)	VI	Chile

10	D5b_CytbF	San Fernando (Pascuala I)	VI	Chile
11	E1b_CytbF	San Fernando (Pascuala II)	VI	Chile
12	F1_3_Cytb_F	San Fernando (El Azufre)	VI	Chile
13	F1b_CytbF	San Fernando (El Azufre)	VI	Chile
14	H1b_CytbF	La Higuera (El Tofo Norte)	IV	Chile
15	I2b_CytbF	La Higuera (Bramadero)	IV	Chile
16	I3b_CytbF	La Higuera (Bramadero)	IV	Chile
17	I4b_CytbF	La Higuera (Bramadero)	IV	Chile
18	J1b_CytbF	Vicuña (San Carlos I)	IV	Chile
19	J2b_CytbF	Vicuña (San Carlos I)	IV	Chile
20	J3b_CytbF	Vicuña (San Carlos I)	IV	Chile
21	J4b_CytbF	Vicuña (San Carlos I)	IV	Chile
22	J5b_CytbF	Vicuña (San Carlos I)	IV	Chile
23	K1b_CytbF	Vicuña (San Carlos II)	IV	Chile
24	K2b_CytbF	Vicuña (San Carlos II)	IV	Chile
25	K4b_CytbF	Vicuña (San Carlos II)	IV	Chile
26	L2b_CytbF	La Serena (Santa Gracia)	IV	Chile
27	L3b_CytbF	La Serena (Santa Gracia)	IV	Chile
28	L5b_CytbR	La Serena (Santa Gracia)	IV	Chile
29	L6b_CytbF	La Serena (Santa Gracia)	IV	Chile
30	L7b_CytbF	La Serena (Santa Gracia)	IV	Chile
31	N1b_CytbF	Río Hurtado (El Espinal)	IV	Chile
32	N5b_CytbF	Río Hurtado (El Espinal)	IV	Chile

	Haplotipo: 18	individuos: 01		
	Nombre	Localidad (lorera)	Región	País
1	E3b_CytbF	San Fernando (Pascuala II)	VI	Chile

	Haplotipo: 19	individuos:01		
	Nombre	Localidad (lorera)	Región	País
1	H2b_CytbF	La Higuera (El Tofo Norte)	IV	Chile

	Haplotipo: 20	individuos: 01		
	Nombre	Localidad (lorera)	Región	País
1	I1b_CytbF	La Higuera (Bramadero)	IV	Chile

	Haplotipo: 21	individuos: 02		
	Nombre	Localidad (lorera)	Región	País
1	L1b_CytbF	La Serena (Santa Gracia)	IV	Chile
2	L4b_CytbF	La Serena (Santa Gracia)	IV	Chile

	Haplotipo: 22	individuos: 01		
	Nombre	Localidad (lorera)	Región	País
1	M4b_CytbF	Río Hurtado (Samo Alto)	IV	Chile