



ANÁLISIS DE LA DIVERSIDAD GENÉTICA EN POBLACIONES FRAGMENTADAS Y CONTINUAS DE *ASPIDOSPERMA QUEBRACHO-BLANCO* (APOCYNACEAE) DEL CHACO SEMIÁRIDO

ANALYSIS OF GENETIC DIVERSITY IN FRAGMENTED AND CONTINUOUS POPULATIONS OF *ASPIDOSPERMA QUEBRACHO-BLANCO* (APOCYNACEAE) FROM THE SEMI-ARID CHACO

Noelia E. A. Almirón^{1*}  & Viviana G. Solís Neffa^{1,2} 

SUMMARY

Background and aims: The loss and fragmentation of the Chaco Forest due to deforestation could affect the genetic diversity of species. Previous analyses of *Aspidosperma quebracho-blanco*, an emblematic forest species of the region, suggested that populations in the northern Semi-arid Chaco of Argentina are of interest for *in situ* conservation and restoration. Thus, we analyzed the genetic diversity and structure of fragmented and continuous populations of *Aspidosperma quebracho-blanco* from this region to assess the risk of genetic erosion and the role of fragmented habitats in the conservation of this species.

M&M: Using 4 AFLP marker combinations, the genetic variability and structure of 49 individuals from 2 continuous and 3 fragmented populations of *A. quebracho-blanco* were analyzed. This analysis was conducted in the context of territorial forest planning, considering the distribution of protected areas, ecological corridors, land use, and the area of the forest fragments.

Results: The differences in the estimated genetic variability indices between the continuous and fragmented populations studied were not significant ($p_{He}=0.62$, $p_{Sh}=0.53$, $p_{%P}=0.68$). The genetic structure is moderate and correlates with the distance between populations. The most vulnerable populations are located in areas where land use is allowed.

Conclusions: Forest fragments are important for the conservation of *A. quebracho-blanco*. However, in the short term, ecological, and demographic factors may have a greater impact on the viability of its populations than genetic erosion caused by fragmentation.

KEY WORDS

AFLP, fragmentation, genetic structure, genetic variability.

RESUMEN

Introducción y objetivos: La pérdida y fragmentación del bosque chaqueño, provocadas por su deforestación, podría tener un impacto significativo en la diversidad genética de las especies que lo habitan. Análisis previos en *Aspidosperma quebracho-blanco*, una especie forestal emblemática de la región, han indicado que las poblaciones del norte del Chaco Semiárido de Argentina son cruciales para la conservación *in situ* y la restauración. Se analizó la diversidad y estructura genética de poblaciones fragmentadas y continuas de *A. quebracho-blanco* de esta región, a fin de evaluar el riesgo de erosión genética y el papel que desempeñan los hábitats fragmentados en la conservación de esta especie.

M&M: Se analizó la variabilidad y estructura genética de 49 individuos de *A. quebracho-blanco* en 2 poblaciones continuas y 3 fragmentadas, utilizando 4 combinaciones de marcadores AFLP. El estudio se llevó a cabo en relación con el ordenamiento territorial de los bosques, la distribución de áreas protegidas y corredores ecológicos, el uso del suelo y el tamaño de los fragmentos.

Resultados: Las diferencias de los índices de variabilidad genética estimados entre las poblaciones continuas y fragmentadas no fueron significativas ($p_{He}=0,62$; $p_{Sh}=0,53$; $p_{%P}=0,68$). La estructura genética es moderada y está correlacionada con la distancia entre poblaciones. Las poblaciones más vulnerables se encuentran en áreas donde se permite el uso del suelo.

Conclusiones: Los fragmentos boscosos podrían desempeñar un papel relevante en la conservación de *A. quebracho-blanco*, aunque, a corto plazo, los factores ecológicos y demográficos podrían influir más en la viabilidad de las poblaciones que la erosión genética causada por la fragmentación.

PALABRAS CLAVE

AFLP, estructura genética, fragmentación, variabilidad genética.

1. Laboratorio de Citogenética y Evolución Vegetal, Instituto de Botánica del Nordeste, Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas - Universidad Nacional del Nordeste, Corrientes, Argentina


2. Facultad de Ciencias Exactas y Naturales y Agrimensura, Universidad Nacional del Nordeste, Corrientes, Argentina

*emiliaalmiron@yahoo.com.ar

Citar este artículo

ALMIRÓN, N. E. A. & V. G. SOLÍS NEFFA. 2024. Análisis de la diversidad genética en poblaciones fragmentadas y continuas de *Aspidosperma quebracho-blanco* (Apocynaceae) del Chaco Semiárido. *Bol. Soc. Argent. Bot.* 59: 539-552.

DOI: <https://doi.org/10.31055/1851.2372.v59.n4.44896>

Recibido: 6 Mar 2024
Aceptado: 5 Sep 2024
Publicado en línea: 31 Dic 2024
Publicado impreso: 31 Dic 2024
Editora: Paola Gaiero 

ISSN versión impresa 0373-580X
ISSN versión on-line 1851-2372

INTRODUCCIÓN

El Gran Chaco es el bosque seco tropical continuo más grande del mundo y el segundo bioma más extenso de Sudamérica, con una gran importancia social, económica y ambiental (Olson *et al.*, 2001; Naumann, 2006; Sandoval & Barquez, 2013). Esta vasta región se ubica en el centro-sur de América del Sur, abarcando desde los 16° 55' S en la región tropical hasta los 33° 52' S, en la región templada, y desde los 67° 50' O hasta los 57° 52' O (Unidad de Manejo del Sistema de Evaluación Forestal-UMSEF, 2002). El Gran Chaco presenta un gradiente de temperatura decreciente de Norte a Sur y de humedad de Este a Oeste. Este gradiente, asociado a los diferentes climas y condiciones edáficas, da lugar a una variación en la vegetación desde bosques xerófitos en el Noroeste hasta bosques semidecíduos en el Sureste, lo que permite distinguir dos ecorregiones: Chaco Seco y Chaco Húmedo. Dentro del Chaco Seco, la mayor extensión y continuidad del bosque se encuentra en la subregión del Chaco Semiárido (Naumann, 2006; Morello *et al.*, 2012).

En las últimas décadas, la deforestación en el Gran Chaco ha aumentado pronunciadamente, alcanzando una de las tasas más altas a nivel mundial (Zalles *et al.*, 2021; Mosciario *et al.*, 2022). La pérdida y la fragmentación de los hábitats debido a actividades antrópicas pueden afectar gravemente la biodiversidad y el funcionamiento de los ecosistemas. La pérdida de hábitats puede conducir a la extinción de especies con distribuciones restringidas, mientras que la fragmentación impide que aquellas especies que requieren grandes superficies o que se distribuyen de manera dispersa mantengan poblaciones viables en fragmentos pequeños (May *et al.*, 2019). Estos procesos alteran los patrones florísticos y estructurales de las comunidades forestales, resultando en paisajes con parches de bosque dispersos en una matriz de tierras agrícolas o urbanas (Sousa *et al.*, 2017; Rivas & Navarro-Cerillo, 2024).

La fragmentación y pérdida de cobertura forestal en los bosques del Gran Chaco también pueden impactar en la diversidad genética de las especies forestales. La capacidad de adaptación de una especie a los cambios ambientales depende en gran medida de la variabilidad genética de sus

poblaciones. Sin embargo, la disminución del flujo genético debido al aislamiento de poblaciones fragmentadas puede favorecer la diferenciación genética entre ellas. Además, el aumento en los niveles de endogamia como consecuencia de la reducción del tamaño de las poblaciones puede incrementar la homocigosis y, en consecuencia, la expresión de alelos recesivos deletéreos, disminuyendo la aptitud y la viabilidad de las poblaciones afectadas (van Oosterhout *et al.*, 2022; Pinto *et al.*, 2023). Por lo tanto, comprender los procesos que estructuran la diversidad genética y los efectos del aislamiento debido a la fragmentación es fundamental para identificar poblaciones con mayor variabilidad genética, detectar riesgos de erosión genética en las especies e identificar áreas prioritarias para la conservación (Hoban *et al.*, 2020; Kyarizis *et al.*, 2021; Sistri *et al.*, 2021). Sin embargo, la información sobre el impacto de la fragmentación y la perturbación del bosque chaqueño en la variabilidad y la estructura genética de las especies forestales es aún limitada.

Aspidosperma quebracho-blanco Schlttdl. (Apocynaceae), comúnmente conocido como quebracho blanco, es una de las especies forestales más emblemáticas y abundantes del Gran Chaco, especialmente en la región del Chaco Semiárido. Su distribución se extiende desde Bolivia y Paraguay, parte de Brasil y Uruguay, hasta el centro-norte de Argentina, donde alcanza su mayor extensión, ocupando altitudes que van desde el nivel del mar hasta los 800 m s.n.m. (Rondina *et al.*, 2008; Botelho *et al.*, 2021; Almirón *et al.*, 2022). *Aspidosperma quebracho-blanco* es una especie autocompatible y se reproduce tanto por semillas como por brotes de raíces gemíferas. Además, presenta una notable plasticidad fenotípica, puede alcanzar alturas de hasta 20 m, produce abundante polen y sus semillas son anemócoras (Barchuk & Díaz, 1999; Barchuk & Díaz, 2000). Los individuos son longevos y de crecimiento lento, pudiendo permanecer en estado juvenil por más de una década (Barchuk & Díaz, 1999). En las últimas décadas, los bosques donde habita *A. quebracho-blanco* han sufrido una significativa fragmentación, reduciéndose a áreas protegidas o perturbadas debido a la sobreexplotación de los recursos naturales, la expansión de la frontera agropecuaria y el sobrepastoreo en gran parte de su rango de distribución.

Desde el punto de vista genético-poblacional, estudios previos utilizando marcadores AFLP han demostrado que la diversidad genética de *A. quebracho-blanco* es relativamente baja en comparación con la de *Aspidosperma polyneuron* Müll. Arg. (Damasceno *et al.*, 2011) y otras especies forestales de la región (Pometti *et al.*, 2012, 2016, 2018). Los análisis de la estructura genética realizados en poblaciones argentinas de *A. quebracho-blanco* han identificado la existencia de tres grupos genéticos que reúnen a las poblaciones del centro-oeste, a las del sur y nor-nordeste del Gran Chaco argentino. Además, análisis combinados de diversidad genética y modelado de nicho ecológico en poblaciones argentinas de *A. quebracho-blanco* sugieren que el norte del Chaco Semiárido es una zona de interés para la conservación *in situ* y la restauración de las poblaciones de esta especie debido a su moderada diversidad genética y a la estabilidad de las variables climáticas óptimas para la especie a futuro (Almirón *et al.*, 2022).

En este contexto, en el presente estudio se analiza la diversidad y estructura genética de las poblaciones de *A. quebracho-blanco* en bosques fragmentados y continuos del norte del Chaco Semiárido de Argentina, con el objetivo de evaluar el riesgo de erosión genética y el papel de las poblaciones en hábitats fragmentados en la conservación de la especie. En base a lo expuesto, se espera que las poblaciones en áreas fragmentadas sean consideradas para futuros planes de conservación.

MATERIALES Y MÉTODOS

Área de estudio

El área de estudio se ubica en la ecorregión del Chaco Semiárido, en el oeste de la provincia de Formosa, Argentina (Fig. 1). La selección de fragmentos de bosque de diversos tamaños se llevó a cabo mediante el análisis de imágenes satelitales, seguido de la verificación en campo para confirmar la presencia de individuos adultos de *A. quebracho-blanco* (Tabla 1). Se consideraron como adultos a aquellos árboles que se encontraban en edad reproductiva, es decir, que presentaban flores o frutos al momento de la colecta.

Obtención y análisis datos

Se procesó la base de datos obtenida utilizando cuatro combinaciones de cebadores selectivos:

EcoRI-AAG/MseI-AAA, *EcoRI-AAG/MseI-AAG*, *EcoRI-AAG/MseI-AAT* y *EcoRI-ACA/MseI-AAG*. Los procedimientos de laboratorio para la obtención de datos genéticos y la construcción de la matriz de presencia-ausencia se describen en Almirón *et al.* (2022). Se analizaron 49 individuos distribuidos en 5 poblaciones ubicadas en las áreas determinadas anteriormente. Dos de las poblaciones (8 y 9; Fig. 1) fueron consideradas con bajo nivel de intervención debido a que estaban localizadas en la Reserva Natural Formosa o en su proximidad y a la ausencia de actividades antrópicas cercanas al momento del muestreo. Las otras tres poblaciones (5, 6 y 7; Fig. 1) se encuentran en áreas con actividad agropecuaria, que han experimentado desmontes parciales o totales, por lo que se clasificaron como poblaciones en ambientes fragmentados. Para delimitar la superficie de cada fragmento boscoso, se consideró la interrupción de la cobertura vegetal por la Ruta Provincial 81, caminos con más de 15 m de ancho, y/o áreas sin vegetación debido a desmonte total o presencia de cuerpos de agua.

El conjunto de *loci* fue procesado utilizando el software Bayescan (<http://www-leca.ujf-grenoble.fr/logiciels.htm>), que determina mediante la probabilidad posterior si un locus dado esta bajo selección. Se utilizó la configuración estándar de 20 corridas piloto con 5000 iteraciones y un *burn-in* de 50 000. Se consideró un tamaño de muestra de 5000 y un intervalo de *thinning* de 20. Los valores atípicos con un valor *q* inferior al 5% se consideraron como *outliers* y se eliminaron de la matriz de presencia-ausencia.

Análisis genético-poblacional

Para cada población, se calcularon los siguientes estadísticos descriptivos de variabilidad genética: número de bandas exclusivas (NBE), heterocigosis esperada con el factor de corrección para muestras pequeñas para marcadores dominantes (*uHe*), índice de Shannon (*Sh*) y porcentaje de *loci* polimórficos (%P). Los datos fueron procesados utilizando el programa GenAlEx 6.3 (Peakall & Smouse, 2012).

Para estimar la estructura genética de las poblaciones de *A. quebracho-blanco*, se utilizó el método de agrupamiento bayesiano implementado en el programa STRUCTURE versión 2.2 (Pritchard *et al.*, 2000). Se analizó el rango de posibles grupos (*K*) de 2 a 6, realizando

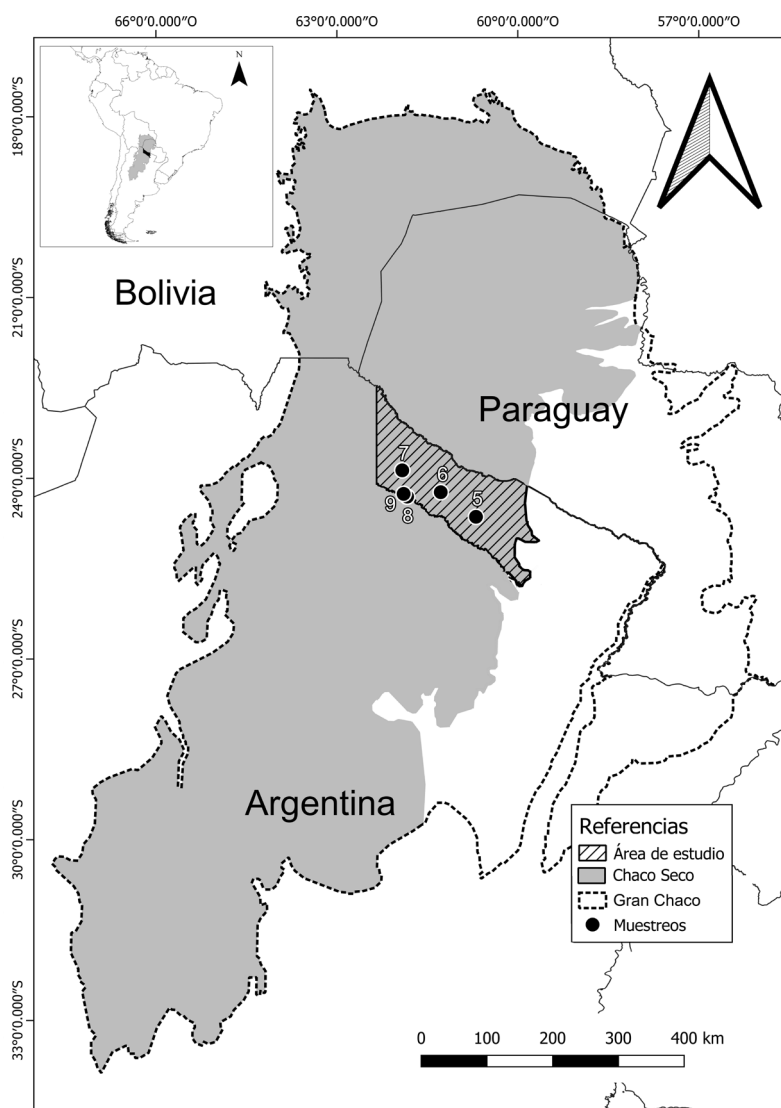


Fig. 1. Área de estudio. En gris se representa la región del Chaco Seco, mientras que el área de estudio se señala con líneas diagonales. Cada círculo de color negro representa una población muestreada (5 al 9).

3 repeticiones independientes por cada estimación de K para verificar la consistencia de los resultados. El software se configuró para individuos agrupados o mezclados (“admixed”) en cada población, calculando su proporción de pertenencia a cada grupo con un modelo de frecuencias correlacionadas. Las iteraciones de las Cadenas de Markov de Monte Carlo (MCMC) y el proceso de *burn-in* se fijaron en 1.000.000 y 100.000 respectivamente. Las demás configuraciones de STRUCTURE se mantuvieron por defecto. El mejor valor de ΔK

se estimó mediante el método de Evanno *et al.* (2005) utilizando el programa STRUCTURE HARVESTER versión 6.94 (Earl & von Holdt, 2012). El método de Evanno *et al.* (2005) basado en la tasa de cambio de segundo orden de la función de verosimilitud con respecto a K , tiende a asignar un número de grupos más cercano al verdadero K para la mayoría de las situaciones.

Aspidosperma quebracho-blanco es un organismo tetraploide con diferentes sistemas de reproducción por lo que se estimó

Tabla 1. Información de las poblaciones de *Aspidosperma quebracho-blanco* analizadas. Abreviaturas= ID: código de la población; N: número de individuos; OTBN: ordenamiento territorial de bosques nativos según la ley nacional N° 26.331. Se identifica con * al personal de apoyo que ayudó a identificar los individuos colectados.

ID	N	Localidad	Latitud (S)	Longitud (O)	Coleccionista y número de colección	OTBN/descripción del lugar	Área (aproximada)
5	8	Argentina, Formosa, Patiño	24°36'39,20"	60°44'30"	Almirón N. E. A, V. Solís Neffa, W. Medina* y S. Contreras 02	Categoría: Verde Zona muy degradada A 108 km de la Reserva Natural Formosa	205 ha
6	10	Argentina, Formosa, Bermejo	24°13'18"	61°17'26,10"	Almirón N. E. A, V. Solís Neffa, W. Medina* y S. Contreras 03	Categoría: Amarillo Presencia de desmontes, peladares y caminos pero con continuidad A 50 km de la Reserva Natural Formosa A 6,58 km del corredor ecológico	1.398 ha
7	6	Argentina, Formosa, Matacos	23°52'5,40"	61°54'58,10"	Almirón N. E. A, V. Solís Neffa, W. Medina* y S. Contreras 04	Categoría: Verde Forma parte del Corredor Ecológico Presencia de desmonte. A 5 km de Ingeniero Juárez y a 43 km de la Reserva Natural Formosa	147 ha
8	15	Argentina, Formosa, Reserva Natural Formosa	24°18'58,1"	61°44'2,7"	Almirón N.E.A, V. Solís Neffa, W. Medina* y S. Contreras 05	Categoría: Rojo Área Protegida	9.005 ha
9	10	Argentina, Formosa, Bermejo.	24°15'31"	61°53'35,8"	Almirón N.E.A, V. Solís Neffa, W. Medina* y S. Contreras 07	Categoría: Verde Forma parte del corredor ecológico	>9.005 ha

la diferenciación genética entre poblaciones mediante los estadísticos jerárquicos Rho, que son independientes de estas características. Además, se realizó un análisis molecular de la varianza (AMOVA) empleando el software Genodive versión 3.05 (Meirmans, 2020). La significancia de Rho para los *loci* individuales se determinó mediante 999 permutaciones de alelos entre las muestras. A partir de los valores de Rho_{ST} entre poblaciones se evaluó el ordenamiento de las mismas, mediante un Análisis de Coordenadas Principales (PCoA) empleando el software GenAlEx 6.5 (Peakall & Smouse, 2012).

Evaluación del riesgo de erosión genética

A fin de estimar el riesgo de erosión genética de *A. quebracho-blanco*, los patrones de variabilidad y estructura genética de las poblaciones fragmentadas (poblaciones 5, 6 y 7; Fig. 1) se compararon con aquellos observados en los ambientes con bajo nivel de intervención (poblaciones 8 y 9; Fig. 1). Se evaluaron posibles diferencias en los valores de uHe , Sh y $\%P$ entre poblaciones en ambientes perturbados y con bajo nivel de intervención. La significancia estadística de las diferencias se estimó mediante el test de Student para muestras independientes. Primero

se verificó la normalidad de los datos utilizando el test de Shapiro-Wilk (Shapiro & Wilk, 1965), seguido de la estimación de la homogeneidad de las varianzas mediante el test de Bartlett (Snedecor & Cochran, 1989). Los cálculos se realizaron con R (ver. 1.4.1106; R Core Team, 2019).

Además, se analizó la correlación entre las distancias genéticas (Rho_{ST}) y geográficas (en km) entre pares de poblaciones utilizando el test de Mantel (Mantel, 1967), con 999 permutaciones en el programa GenAlEx 6.5 (Peakall & Smouse, 2012). Finalmente, a fin de estimar el riesgo de erosión genética de *A. quebracho-blanco*, así como de identificar las poblaciones con componentes de variabilidad genética no representados en sitios protegidos, se evaluó la asociación espacial de la variabilidad genética de cada población estudiada con el mosaico de ordenamiento territorial (OTBN-Ministerio de Ambiente y Desarrollo Sostenible-<https://sinia.ambiente.gob.ar>, Enero 2024), áreas protegidas, corredores biológicos propuestos para el Gran Chaco (Secretaría de Ambiente y desarrollo sustentable de la Nación y Administración de Parques Nacionales, 2014) y uso del suelo en plantaciones y áreas urbanas (Karra *et al.*, 2021). Se integró el índice de Shannon de cada población en una base de Sistema de Información Geográfica (SIG) para facilitar el análisis espacial y la visualización de los índices en relación con los diferentes usos del suelo empleando el software QGIS 3.4.2-Madeira (QGIS Development Team, 2018). Posteriormente, se analizaron los atributos de cada punto: área de bosque, distancia mínima a la Reserva Natural Formosa, distancia mínima al corredor ecológico y descripción breve del lugar a cada uno de los puntos. La distancia espacial lineal mínima de cada población al área protegida y al corredor ecológico se midió con Google Earth Pro V. 7.3.4.8248. Además, se evaluó la correlación entre la superficie de los fragmentos de bosque y cada índice de variabilidad genética estimada de las poblaciones de *A. quebracho-blanco* mediante un análisis de correlación de Spearman con R (ver. 1.4.1106; R Core Team, 2019). Finalmente, los sitios de origen de las muestras se clasificaron como protegidos o desprotegidos de los disturbios antrópicos.

RESULTADOS

Análisis genético-poblacional

El análisis de los perfiles de AFLP de 49 individuos de *A. quebracho-blanco* permitió identificar un total de 505 bandas, con tamaños comprendidos entre los 600 y 1500 pb. Un *locus outlier* fue identificado y eliminado de los análisis posteriores. La población 6 presentó los valores más altos de variabilidad genética ($uHe = 0,20 \pm 0,01$; $Sh = 0,31 \pm 0,01$; %P = 70,10 %), mientras que la población 8 mostró los valores más bajos ($uHe = 0,13 \pm 0,01$; $Sh = 0,20 \pm 0,01$; %P = 53,86 %). Todas las poblaciones presentaron bandas exclusivas, con un rango de 1 banda en la población 5 a 26 bandas en la población 6 (Tabla 2).

El análisis bayesiano realizado con STRUCTURE identificó cuatro grupos ($K = 4$, Figs. 2 y 3). El primer y segundo grupo incluyen a las poblaciones en ambientes fragmentados (5 y 6, 7 respectivamente). El tercer y cuarto grupo están formados por una población en ambientes continuos cada uno (poblaciones 8 y 9, respectivamente). El AMOVA reveló que el mayor porcentaje de la variación (76%) se encuentra dentro de las poblaciones. La diferenciación genética fue mayor entre poblaciones ($Rho_{ST} = 0,20$; Tabla 3), variando desde 0,04 entre las poblaciones 5 y 6 a 0,14 entre las poblaciones 5 y 8 (Material suplementario, Anexo 1). La diferenciación entre poblaciones fragmentadas/continuas fue baja y no significativa ($Rho_{CT} = 0,04$, $p = 0,10$). El PCoA mostró que las tres primeras coordenadas explican el 90,81%

Tabla 2. Resumen de la variabilidad genética de las poblaciones de *A. quebracho-blanco* analizadas con 504 *loci* de 4 combinaciones de AFLP. Abreviaturas= N: tamaño de la muestra; NBE: número de bandas exclusivas; uHe : heterocigosis esperada no sesgada (Peakall & Smouse, 2007); Sh : índice de Shannon; %P: porcentaje de *loci* polimórficos; \pm : error estándar.

ID	N	NBE	uHe	Sh	%P
5	8	1	0,16 \pm 0,01	0,23 \pm 0,01	51,49
6	10	26	0,20 \pm 0,01	0,31 \pm 0,01	70,10
7	6	16	0,18 \pm 0,01	0,26 \pm 0,01	57,23
8	15	7	0,13 \pm 0,01	0,20 \pm 0,01	53,86
9	10	5	0,19 \pm 0,01	0,27 \pm 0,01	59,80
Promedio			0,19 \pm 0,01	0,31 \pm 0,01	85,15

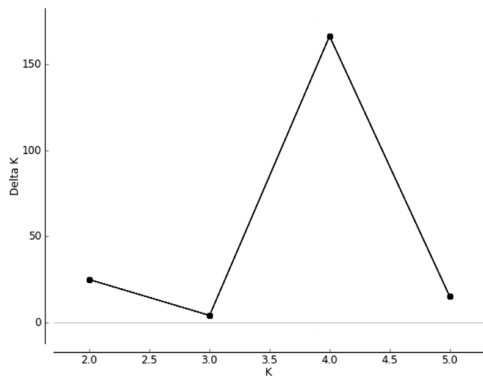


Fig. 2. Gráfico de la estimación del número más probable de grupos (K) por el mejor valor de ΔK mediante el método de Evanno *et al.* (2005) utilizando el programa STRUCTURE HARVESTER versión 6.94 (Earl & von Holdt, 2012).

de la variación total. La primera coordenada (52,97%) separa a las poblaciones 5 y 6 del resto, mientras que la coordenada 2 (21,57%) separa a las poblaciones 8 y 9 de la población 7 (Fig. 4).

Evaluación de riesgo de erosión genética

Las diferencias de los valores de u_{He} , Sh y $\%P$ entre las poblaciones en ambientes con bajo nivel de intervención (poblaciones 8 y 9) y aquellas en ambientes fragmentados (poblaciones 5, 6 y 7) no fueron significativas ($p_{He} = 0,62$, $p_{Sh} = 0,53$, $p_{\%P} = 0,68$; Material suplementario, Anexo 2). El análisis de la asociación espacial de la variabilidad genética de las poblaciones con respecto al OTBN, el uso del suelo, las áreas protegidas y los corredores ecológicos mostró que las poblaciones situadas en zonas de categorías II (población 6) y III (poblaciones 5, 7 y 9), con mayor uso de suelo, presentaron valores levemente mayores de variabilidad genética en comparación a la población 4 ubicada en el área de reserva (categoría I o roja; Fig. 5, Tabla 2). La distancia mínima entre las poblaciones en ambientes fragmentados (5, 6, y 7) y el área protegida (Reserva Natural Formosa) osciló entre 43 y 108 km.

El test de Mantel reveló una relación positiva y significativa entre la distancia geográfica y la

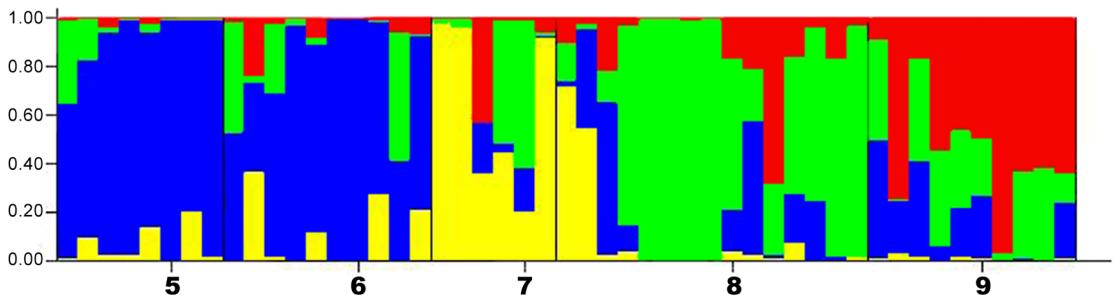


Fig. 3. Agrupaciones Bayesianas inferidas por STRUCTURE a partir de los datos de AFLP de *Aspidosperma quebracho-blanco*. Cada individuo está representado por una barra vertical. Las barras están divididas en $K=4$ componentes (distintos colores), que representan la proporción del genoma de cada individuo asignada a un grupo genético. Las poblaciones estudiadas se indican con su número correspondiente en el eje de las x.

Tabla 3. Resumen del AMOVA para las poblaciones de *A. quebracho-blanco* analizadas. Abreviaturas= df: Grados de libertad; SSD: suma de cuadrados; MS: media cuadrática; CV: componente de la varianza; %: porcentaje del total de la varianza; Rhost: índice de diferenciación entre poblaciones; Rhocht: índice de diferenciación entre grupo de poblaciones fragmentados/continuos. * $p < 0,05$.

Categorías	df	SSD	MS	CV	% de variación	Rhost	p^*
Dentro poblaciones	44	5397,93	122,68	122,68	80		
Entre poblaciones	3	1055,60	351,87	25,34	16,4	Rhost= 0,20	0,01
Fragmentados/continuos	1	554,91	554,91	6,10	0,04	Rhocht= 0,04	0,10

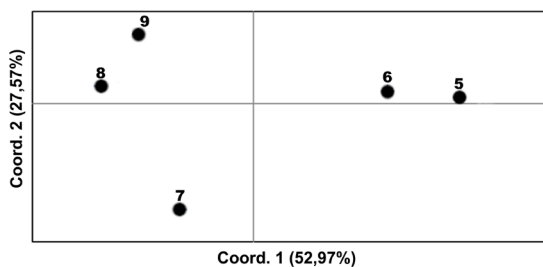


Fig. 4. Gráfico bidimensional resultante del Análisis de Coordenadas Principales basado en datos AFLP de poblaciones de *Aspidosperma quebracho-blanco* del Chaco Semiárido. Los números representan los ID de las poblaciones analizadas.

distancia genética entre las poblaciones de *A. quebracho-blanco* estudiadas ($r = 0,40$; $p = 0,04$). Sin embargo, el análisis de correlación entre la

superficie de los fragmentos de bosques y los valores de la variabilidad genética de las poblaciones no fue significativo (Material suplementario, Anexo 3).

DISCUSIÓN

En los últimos decenios, los cambios no regulados en el uso y cobertura del suelo han incrementado la pérdida y fragmentación de bosques a nivel mundial, lo que representa una de las principales causas de la pérdida de biodiversidad y podría también afectar la diversidad genética de las especies (Pflüger *et al.*, 2019; Exposito-Alonso *et al.*, 2022; Pinto *et al.*, 2023). Sin embargo, la respuesta genética de las especies de plantas a la pérdida y fragmentación del hábitat puede variar según diversos factores, destacándose sus características

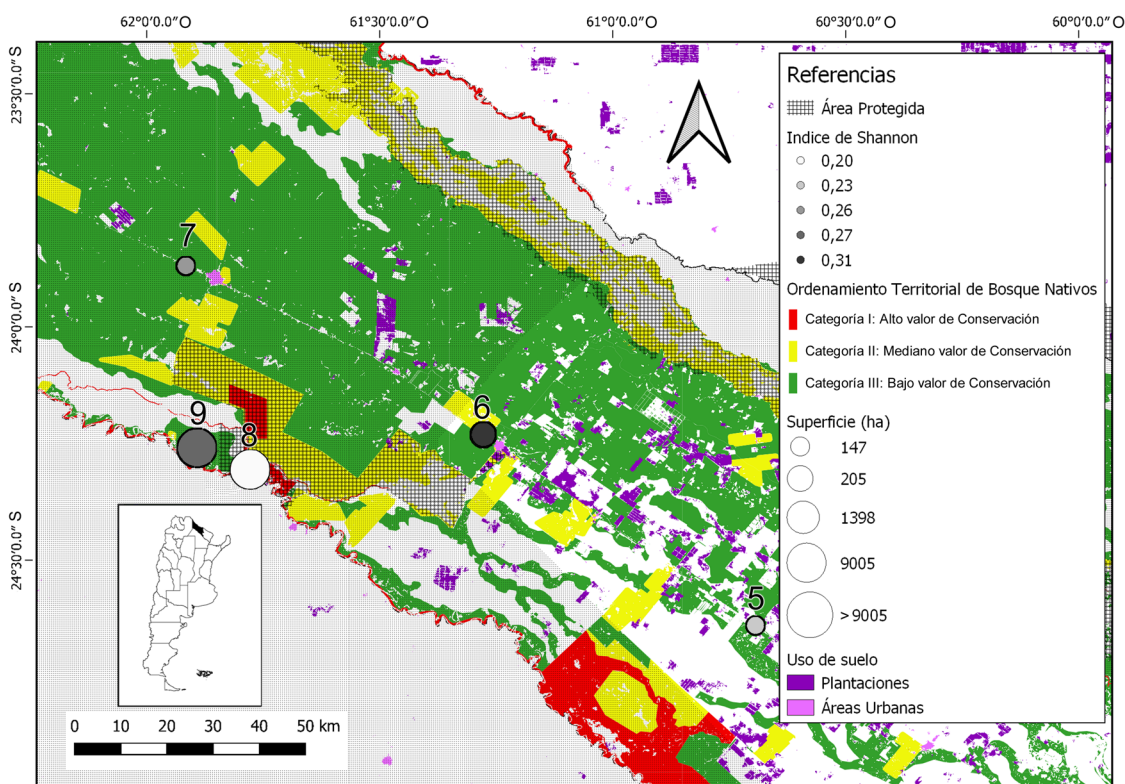


Fig. 5. Distribución espacial de la variabilidad genética de las poblaciones de *A. quebracho-blanco* del Chaco semiárido con respecto a uso de suelo, áreas protegidas, corredores ecológicos y ordenamiento de bosques nativos (OTBN). Cada población se representa con un círculo. Los números de identificación de las poblaciones analizadas se detallan en números arábigos por arriba de los círculos. La variabilidad genética se representa en colores y el área de bosque con el tamaño de los círculos.

reproductivas (González *et al.*, 2019; De Kort *et al.*, 2021). Las especies autoincompatibles tienen más probabilidades de perder diversidad genética debido a la deriva genética que las especies autocompatibles (Honnay & Jacquemyn, 2007; Aguilar *et al.*, 2008). Asimismo, las especies arbóreas, debido a su longevidad, perderían menos variabilidad genética en respuesta a la fragmentación del hábitat en comparación con las herbáceas, ya que la deriva genética afectaría a un menor número de generaciones debido a su mayor tiempo de persistencia en los fragmentos remanentes (Kramer *et al.*, 2008; De Kort *et al.*, 2021). Además, la plasticidad fenotípica permite a las plantas leñosas adaptarse mejor a las condiciones ambientales cambiantes en escalas temporales más cortas (Chaturvedi *et al.*, 2024). Por último, debido a su gran tamaño y alta producción de polen y semillas, el flujo genético potencial es elevado en plantas leñosas perennes, especialmente en las especies anemófilas, lo que contrarrestaría la pérdida de variabilidad genética debido a la fragmentación del hábitat (De Kort *et al.*, 2021).

Todas estas características presentes en *A. quebracho-blanco* podrían contrarrestar la pérdida de variabilidad genética de las poblaciones debido a la fragmentación del hábitat. Los resultados obtenidos en este trabajo evidenciaron que la variabilidad genética de las poblaciones de bosques fragmentados del Chaco Semiárido no difiere significativamente de la variabilidad genética de las poblaciones de ambientes poco intervenidos. Además, los valores de los índices de variabilidad genética de las poblaciones fragmentadas aquí obtenidos ($uHe = 0,16-0,20$; $Sh = 0,23-0,31$ y $\%P = 51,49-70,10\%$) son similares a los valores promedio ($uHe = 0,14$; $Sh = 0,26$ y $\%P = 99,80\%$) para el total de las poblaciones analizadas en el Gran Chaco Argentino (Almirón *et al.*, 2022).

Por otra parte, el flujo génico es un componente clave de la estructura poblacional, determinando el grado en que las poblaciones de una especie constituyen unidades evolutivas independientes (Wright, 1940; Slatkin, 1985, 1994). Los resultados de este trabajo mostraron que la estructuración genética de las poblaciones analizadas de *A. quebracho-blanco* del Chaco Semiárido es mayor ($Rho_{ST} = 0,20$) que la observada entre poblaciones dentro de los grupos bayesianos a escala regional ($Rho_{ST} = 0,13$; Almirón *et al.*, 2022) o entre

poblaciones fragmentadas y continuas ($Rho_{CT} = 0,04$). La estructuración genética, evidenciada por AMOVA, STRUCTURE y Rho_{ST} , sugiere que el flujo génico debido al movimiento de polen y semillas entre las poblaciones estudiadas es moderado. Asimismo, el aislamiento por distancia revelado por el test de Mantel y el PCoA sugiere que el flujo génico es mayor entre las poblaciones vecinas.

Los factores ecológicos y la distribución espacial de las poblaciones influyen en el comportamiento de búsqueda de alimento de los polinizadores, afectando la distancia de dispersión del polen (Siegel *et al.*, 2024). En hábitats fragmentados, los polinizadores podrían favorecer el apareamiento entre individuos distantes geográficamente (Dick *et al.*, 2008). En *A. quebracho-blanco*, las flores dependen de la polinización de otras especies simpátricas que comparten los mismos polinizadores (Lin & Bernardello, 1999), principalmente mariposas nocturnas (Noctuidae, Pyraloidea), las cuales pueden recorrer grandes distancias (hasta 24 km en una hora, Jacobson, 1965; Silva Barros *et al.*, 2020; Ge *et al.*, 2021). Estas características reproductivas de *A. quebracho-blanco* contribuirían al mantenimiento del flujo génico, aunque moderado, entre las poblaciones fragmentadas. Este hecho sumado a que la variabilidad genética detectada en las poblaciones fragmentadas no está relacionada con el tamaño de los fragmentos, pero sí con la distancia entre dichas poblaciones, sugiere que las poblaciones fragmentadas podrían desempeñar un papel crucial en la conservación de la diversidad genética de *A. quebracho-blanco* al servir como importantes peldaños para el movimiento de polinizadores, polen y semillas a escala de paisaje. No obstante, aunque por el momento las poblaciones fragmentadas de *A. quebracho-blanco* mantienen valores de diversidad genética similares a los de las poblaciones en áreas poco intervenidas, la continua extracción desmedida de los recursos del bosque podría interrumpir las interacciones entre plantas y polinizadores (Quesada *et al.*, 2004). Dado que los polinizadores son vulnerables a la reducción y fragmentación del hábitat (Siegel *et al.*, 2024), la reducción consecuente del número y diversidad de polinizadores podría afectar negativamente la conservación de la diversidad genética de las poblaciones fragmentadas de *A. quebracho-blanco*.

Asimismo, los resultados del análisis de la

asociación espacial de la variabilidad genética respecto al mosaico de ordenamiento territorial, las áreas protegidas, los corredores biológicos y el uso del suelo sugieren que las poblaciones de *A. quebracho-blanco* que se encuentran en o próximas a zonas de categoría I (dentro de un radio de ~40 km) pueden considerarse como de bajo riesgo genético. Sin embargo, aquellas poblaciones que se encuentran a más de 40 km de un área protegida en zonas con bosques de mediano valor de conservación (categoría II) o en zonas donde se permite el desmonte parcial para el desarrollo agropecuario (categoría III) estarían en mayor riesgo de sufrir las consecuencias negativas de la fragmentación o el aislamiento.

Los resultados aquí obtenidos sugieren que, a corto plazo (antes de la próxima generación, una o dos décadas), los factores ecológicos y demográficos podrían tener un impacto mayor en la viabilidad genética de las poblaciones de *A. quebracho-blanco*. En tanto que a largo plazo (varias generaciones, quizás siglos), la degradación genética debida a la fragmentación del hábitat podría tener un efecto más evidente. No obstante, considerando que el área de distribución potencial de *A. quebracho-blanco* se ha reducido más del 50% debido a cambios en el uso y la cobertura del suelo en combinación con el cambio climático, y que las áreas protegidas no representan un porcentaje significativo del área de distribución de la especie (Almirón *et al.*, 2022), resulta prioritario disminuir la presión sobre los bosques remanentes. Estudios en el Chaco Árido indican que pueden existir al menos 340 renovals respecto a 7 adultos/ha en ambientes conservados (Nai Bregaglio *et al.*, 2001). Sin embargo, los bancos de plántulas poseen una gran mortandad por sus requerimientos durante el establecimiento de los individuos (Barchuk *et al.*, 2005). A su vez, la regeneración también se ve afectada negativamente por los diferentes disturbios de la región (incendios, desmontes, etc.; Tálamo *et al.*, 2013). Por lo tanto, es crucial desarrollar planes de manejo y conservación *in situ* para recuperar y sostener a largo plazo la viabilidad de las poblaciones de *A. quebracho-blanco*.

En este sentido, diversos autores han propuesto medidas para la conservación y manejo de las poblaciones de esta especie (Britos & Barchuk, 2013; Torres Basso, 2014; Botelho *et al.*, 2021; Almirón *et al.*, 2022). Se ha sugerido el diseño

de una red de áreas protegidas bien gestionadas y distribuidas en diversos hábitats que permitan el mantenimiento funcional de los ecosistemas (Dinerstein *et al.*, 2017). Asimismo, la inclusión de sistemas productivos, en particular los forestales, en el marco de un manejo sustentable, resulta de gran importancia para la conservación de los bosques y los valores ambientales de las unidades de gestión (Grupo de Trabajo de la UICN-CMAP sobre OMEC, 2021). Las evidencias del flujo génico, aunque moderado, detectadas en este trabajo entre las poblaciones de *A. quebracho-blanco* en áreas protegidas y fragmentadas del Chaco Semiárido sugieren que los fragmentos de bosques podrían jugar un papel relevante en la conservación de la diversidad genética de *A. quebracho-blanco*. Por lo tanto, la preservación de fragmentos de bosques interconectados entre sí y con las unidades de conservación (existentes y futuras), garantizaría la existencia de fragmentos capaces de sustentar las poblaciones de *A. quebracho-blanco* en las áreas agrícolas.

Finalmente, los resultados aquí discutidos se basan a un tamaño poblacional (N) bajo (Bonin *et al.*, 2007). Debido a que el tamaño poblacional es un parámetro crucial que influye significativamente en la precisión de las estimaciones de diversidad genética, es necesario realizar muestreos más exhaustivos para reafirmar las conclusiones aquí obtenidas.

CONCLUSIONES

Los resultados obtenidos demostraron que la variabilidad genética de las poblaciones estudiadas de *A. quebracho-blanco* en bosques continuos y fragmentados del norte del Chaco Semiárido de Argentina no difiere significativamente, y que el flujo genético entre ellas es moderado. Los resultados también sugieren que, a corto plazo, los factores ecológicos y demográficos tendrían un mayor impacto en la viabilidad genética de las poblaciones; mientras que el efecto de la degradación genética debida a la fragmentación sería más evidente a largo plazo. Asimismo, las poblaciones de *A. quebracho-blanco* que se encuentran en zonas de muy alto valor de la conservación o próximas a áreas protegidas y/o a corredores ecológicos pueden considerarse

de bajo riesgo genético. Todos los resultados sugieren que los fragmentos de bosques entre áreas protegidas podrían desempeñar un papel relevante en la conservación de la diversidad genética de *A. quebracho-blanco*.

CONTRIBUCIÓN DE LOS AUTORES

NEAA: Conceptualización, Recursos, Análisis formal, Validación, Redacción - borrador original-revisión-edición; VSN: Conceptualización, Recursos, Adquisición de fondos, Redacción - revisión y edición.

AGRADECIMIENTOS

Este trabajo fue financiado por PICT 2019 2286 (ANPCyT-FONCyT), PICTO-UNNE 2019- 016 (ANPCyT-FONCyT/ UNNE), PI 18P001 y 22P006 (Secretaría General de Ciencia y Técnica de la Universidad Nacional del Nordeste). V.G. Solís Neffa es miembro de la Carrera del Investigador Científico del CONICET.

BIBLIOGRAFÍA

AGUILAR, R., M. QUESADA, L. ASHWORTH, D. Y. HERRERIAS & J. LOBO 2008. Genetic consequences of habitat fragmentation in plant populations: susceptible signals in plant traits and methodological approaches. *Mol. Ecol.* 17: 5177-5188.
<https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2008.03971.x>

ALMIRÓN, N. E. A., G. M. VIA DO PICO, A. COSACOV, E. N. PAREDES, ... & V. G. S. NEFFA. 2022. The geography of *Aspidosperma quebracho-blanco* vulnerability, an emblematic species of the South American Gran Chaco. *For. Ecol. Manag.* 523: 120503.
<https://doi.org/10.1016/j.foreco.2022.120503>

BARCHUK A. H., A. VALIENTE-BANUET & M. P. DÍAZ. 2005. Effect of shrubs and seasonal variability of rainfalls in the establishment of *Aspidosperma quebracho-blanco* Schlecht in two edaphically contrasting environments. *Ecol. Austral.* 30: 695-705.
<https://doi.org/10.1111/j.1442-9993.2005.01511.x>

BARCHUK, A. H. & M. P. DÍAZ. 1999. Regeneration and structure of *Aspidosperma quebracho-blanco* Schld. in the Arid Chaco (Córdoba, Argentina). *For. Ecol. Manag.* 118: 31-36.
[https://doi.org/10.1016/S0378-1127\(98\)00484-8](https://doi.org/10.1016/S0378-1127(98)00484-8)

BARCHUK, A. H. & M. P. DÍAZ. 2000. Vigor de Crecimiento y Supervivencia de plantaciones de *Aspidosperma quebracho-blanco* y de *Prosopis chilensis* en el Chaco árido. *Quebracho* 8: 17-29.

BONIN, A., D. EHRICH & S. MANEL. 2007. Statistical analysis of amplified fragment length polymorphism data: a toolbox for molecular ecologists and evolutionists. *Mol. Ecol.* 16: 3737-3758.
<https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2007.03435.x>

BOTELHO, T. S. G., G. M. PAGGI & M. A. FARINACCIO. 2021. Genetic diversity and fragmentation of *Aspidosperma quebracho-blanco* (Apocynaceae) natural habitats, conservation issues in chaco forest and savanna biomes. *Darwiniana* 9: 115-129. <http://dx.doi.org/10.14522/darwiniana.2021.91.932>

BRITOS, A. H. & A. H. BARCHUK. 2013. Dinámica de la cobertura vegetal y los usos de la tierra a través de modelos de no-equilibrio. *Rev. Teledetec.* 40: 88-109.

CHATURVEDI, R. K., S. K. PANDEY, A. TRIPATHI, L. GOPARAJU, ... & J. S. SINGH. 2024. Variations in the plasticity of functional traits indicate the differential impacts of abiotic and biotic factors on the structure and growth of trees in tropical dry forest fragments. *Front. Plant Sci.* 14: 1181293.
<https://doi.org/10.3389/fpls.2023.1181293>

DAMASCENO, J. O., E. A. RUAS, L. A. RODRIGUES, C. F. RUAS, ... & P. M. RUAS. 2011. Genetic differentiation in *Aspidosperma polyneuron* (Apocynaceae) over a short geographic distance as assessed by AFLP markers. *Genet. Mol. Res.* 10: 1180-1187.
<https://doi.org/10.4238/vol10-2gmr1126>

DE KORT, H., J. G. PRUNIER, S. DUCATEZ, O. HONNAY, ... & S. BLANCHET. 2021. Life history, climate and biogeography interactively affect worldwide genetic diversity of plant and animal populations. *Nat. Comm.* 12: 516.
<https://doi.org/10.1038/s41467-021-20958-2>

DICK, C. W., O. J. HARDY, F. A. JONES & R. J. PETIT. 2008. Spatial scales of pollen and seed-mediated gene flow in tropical rain forest trees. *Trop. Plant. Biol.* 1: 2023. <https://doi.org/10.1007/s12042-007-9006-6>

DINERSTEIN, E., D. OLSON, A. JOSHI, C. VYNNE, ... & M. SALEEM. 2017. An ecoregion-based

- approach to protecting half the terrestrial realm. *BioScience* 67: 534-545.
<https://doi.org/10.1093/biosci/bix014>
- EARL, D. A. E. & B. M. VON HOLDT. 2012. Structure Harvester: a website and program for visualizing STRUCTURE output and implementing the Evanno method. *Conserv. Genet. Resour.* 4: 359-361.
<https://doi.org/10.1007/s12686-011-9548-7>
- EVANNO, G., S. REGNAUT & J. GOUDET. 2005. Detecting the number of clusters of individuals using the software structure: a simulation study. *Mol. Ecol.* 14: 2611-2620.
<https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2005.02553.x>
- EXPOSITO-ALONSO, M., T. R. BOOKER, L. CZECH, L. GILLESPIE, ... & E. ZESS. 2022. Genetic diversity loss in the Anthropocene. *Science* 377: 1431-1435. <https://doi.org/10.1126/science.abn564>
- GE, S. S., L. M. HE, W. HE, R. YAN, ... & K. M. WU. 2021. Laboratory-based flight performance of the fall armyworm *Spodoptera frugiperda*. *J. Integr. Agric.* 20: 707-714. [https://doi.org/10.1016/S2095-3119\(20\)63166-5](https://doi.org/10.1016/S2095-3119(20)63166-5)
- GONZÁLEZ, A. V., V. GÓMEZ-SILVA, M. J. RAMÍREZ & FONTÚRBEL, F. E. 2019. Meta-analysis of the differential effects of habitat fragmentation and degradation on plant genetic diversity. *Biol. Conserv.* 34: 711-720. <https://doi.org/10.1111/cobi.13422>
- GRUPO DE TRABAJO DE LA UICN-CMAP SOBRE OMEC. 2021. *Reconocimiento y reporte de otras medidas efectivas de conservación basadas en áreas*. UICN, Gland.
<https://doi.org/10.2305/IUCN.CH.2019.PATRS.3.es>
- HOBAN, S., M. BRUFORD, J. D. U. JACKSON, M. LOPES-FERNANDES, ... & L. LAIKRE. 2020. Genetic diversity targets and indicators in the CBD post-2020 Global Biodiversity Framework must be improved. *Biol. Conserv.* 248: 108654.
<https://doi.org/10.1016/j.biocon.2020.108654>
- HONNAY, O. & H. JACQUEMYN. 2007. Susceptibility of common and rare species to the genetic consequences of habitat fragmentation. *Conserv. Biol.* 21: 823-831.
<https://doi.org/10.1111/j.1523-1739.2006.00646.x>
- HUNZIKER, A. T. 1946. Raíces gemíferas en algunas plantas leñosas argentinas. *Revista Argen. Agron.* 13: 57-54.
- JACOBSON, L. A. 1965. Mating and Oviposition of the Pale Western Cutworm, *Agrotis orthogonia* Morrison (Lepidoptera: Noctuidae), in the Laboratory. *Can. Entomol.* 97: 994-1000.
- KARRA, K., C. KONTGIS, Z. STATMAN-WEIL, J. C. MAZZARIELLO, ... & S. P. BRUMBY. 2021. Global land use/land cover with Sentinel 2 and deep learning. En: *2021 International Geoscience and Remote Sensing Symposium IGARSS*, pp. 4704-4707. Institute of Electrical and Electronics Engineers, Bruselas.
<https://doi.org/10.1109/IGARSS47720.2021.9553499>
- KRAMER, A. T., J. L. ISON, M. V. ASHLEY & H. F. HOWE. 2008. The paradox of forest fragmentation genetics. *Conserv. Biol.* 22: 878-885.
<https://doi.org/10.1111/j.1523-1739.2008.00944.x>
- KYRIAZIS, C. C., R. K. WAYNE & K. E. LOHMUELLER. 2021. Strongly deleterious mutations are a primary determinant of extinction risk due to inbreeding depression. *Evol. Lett.* 5: 33-47. <https://doi.org/10.1002/evl3.209>
- LIN, S. & G. BERNARDELLO. 1999. Flower structure and reproductive biology in *Aspidosperma quebracho-blanco* (Apocynaceae), a tree pollinated by deceit. *Int. J. Plant Sci.* 160: 869-878.
<https://doi.org/10.1086/314187>
- MANTEL, N. 1967. The detection of disease clustering and a generalized regression approach. *Cancer Res.* 27: 209-220.
- MAY, F.; B. ROSENBAUM, F. M. SCHURR & J. M. CHASE. 2019. The geometry of habitat fragmentation: Effects of species distribution patterns on extinction risk due to habitat conversion. *Ecol. Evol.* 9: 2775-2790. <https://doi.org/10.1002/ece3.4951>
- MEIRMANS, P. G. 2020. GENODIVE version 3.0: Easy-to-use software for the analysis of genetic data of diploids and polyploids. *Mol. Ecol. Resour.* 20: 1126-1131.
<https://doi.org/10.1111/1755-0998.13145>
- MORELLO, J., S. D. MATTEUCCI, A. F. RODRIGUEZ, M. E. SILVA, ... & P. LLANA. 2012. *Ecorregiones y complejos ecosistémicos de Argentina*. Orientación Gráfica Editora, Buenos Aires.
- MOSCIARO, M. J., N. C. CALAMARI, P. L. PERI, N. F. MONTES, ... & J. VOLANTE. 2022. Future scenarios of land use change in the Gran Chaco: How far is zero-deforestation? *Reg. Environ. Change.* 22: 115.
<https://doi.org/10.1007/s10113-022-01965-5>
- NAI BREGAGLIO, M., U. KARLIN & R. COIRINI. 2001. Efecto del desmonte selectivo sobre la regeneración de la masa forestal y la producción de pasturas, en el Chaco Árido de la provincia de Córdoba, Argentina. *Multequina* 10: 17-24.

- NAUMANN, M. 2006. *Atlas del Gran Chaco Sudamericano. Sociedad Alemana de Cooperación Técnica (GTZ). ErreGé & Asoc., Buenos Aires.*
- OLSON, D. M., E. DINERSTEIN, E. D. WIKRAMANAYAKE, N. D. BURGESS, ... & K. R. KASSEM. 2001. Terrestrial Ecoregions of the World: A New Map of Life on Earth: A new global map of terrestrial ecoregions provides an innovative tool for conserving biodiversity. *BioSci.* 51: 933-938. [https://doi.org/10.1641/0006-3568\(2001\)051\[0933:TEOTWA\]2.0.CO;2](https://doi.org/10.1641/0006-3568(2001)051[0933:TEOTWA]2.0.CO;2)
- PEAKALL, R. & SMOUSE, P. E. 2012. GenAIEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research – an update. *Bioinformatics* 28: 2537-2539. <https://doi.org/10.1111/j.1471-8286.2005.01155.x>
- PFLÜGER, F. J., J. SIGNER & N. BALKENHOL. 2019. Habitat loss causes non-linear genetic erosion in specialist species. *Glob. Ecol. Conserv.* 17: e00507. <https://doi.org/10.1016/j.gecco.2018.e00507>
- PINTO, A. V., B. HANSSON, I. PATRAMANIS, H. E. MORALES & C. VAN OOSTERHOUT. 2023. The impact of habitat loss and population fragmentation on genomic erosion. *Conserv. Genet.* 25: 49-57. <https://doi.org/10.1007/s10592-023-01548-9>
- POMETTI, C. L., C. F. BESSEGA, J. C. VILARDI & B. O. SAIDMAN. 2012. Landscape genetic structure of natural populations of *Acacia caven* in Argentina. *Tree Genet. Genomes* 8: 911-924. <https://doi.org/10.1007/s11295-012-0479-6>
- POMETTI, C. L., C. F. BESSEGA, J. C. VILARDI, M. EWENS & B. O. SAIDMAN. 2016. Genetic variation in natural populations of *Acacia visco* (Fabaceae) belonging to two subregions of Argentina using AFLP. *Plant Syst. Evol.* 302: 901-910. <https://doi.org/10.1007/s00606-016-1306-6>
- POMETTI, C. L., C. F. BESSEGA, A. CIALDELLA, M. EWENS, ... & J. C. VILARDI. 2018. Spatial genetic structure within populations and management implications of the South American species *Acacia aroma* (Fabaceae). *PLoS ONE* 13: e0192107. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0192107>
- PRITCHARD, J. K., M. STEPHENS & P. DONNELLY. 2000. Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics* 155: 945-959. <https://doi.org/10.1534/genetics.116.195164>
- QGIS DEVELOPMENT TEAM. 2018. QGIS Geographic Information System. Open Source Geospatial Foundation Project. Disponible en: <https://qgis.org>.
- QUESADA, M., K. E. STONER, J. A. LOBO, D. Y. HERRERIAS, ... & V. ROSAS GUERRERO. 2004. Effects of Forest Fragmentation on Pollinator Activity and Consequences for Plant Reproductive Success and Mating Patterns in Bat pollinated Bombacaceous Trees. *Biotropica* 36: 131-138. <https://doi.org/10.1111/j.1744-7429.2004.tb00305.x>
- R CORE TEAM. 2019. R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. Disponible en: <http://www.R-project.org/>.
- RIVAS, C. A. & NAVARRO CERRILLO, R. M. 2024. Forest fragmentation and connectivity in South American dry forests. *Biodivers. Conserv.* 33:3015-3037. <https://doi.org/10.1007/s10531-024-02894-x>
- RONDINA, R. V. D., A. L. BANDONI & J. COUSSIO. 2008. Especies medicinales argentinas con potencial actividad analgésica. *Dominguezia* 24: 47-69.
- SANDOVAL, M. L. & R. M. BARQUEZ. 2013. The Chacoan bat fauna identity: patterns of distributional congruence and conservation implications. *Rev. Chil. Hist. Nat.* 86: 75-94. <http://dx.doi.org/10.4067/S0716-078X2013000100007>
- SECRETARÍA DE AMBIENTE Y DESARROLLO SUSTENTABLE DE LA DE NACIÓN Y ADMINISTRACIÓN DE PARQUES NACIONALES. 2014. Corredores Ecológicos para el Chaco argentino, definición y pautas metodológicas para su implementación. Subsecretaría de Planificación y Política Ambiental. Argentina, Buenos Aires. Disponible en https://visorgranchaco.org/wp-content/uploads/2015/08/Corredores_Chaco_Argentina.pdf
- SHAPIRO, S. S. & M. B. WILK. 1965. Analysis of variance test for normality (complete samples). *Biometrika* 52: 591-611.
- SIEGEL, T. D., W. J. COOPER, R. E. FORKNER, W. F. LAURANCE, ... & D LUTHER. 2024. Forest fragmentation effects on mutualistic interactions: frugivorous birds and fruiting trees. *Oikos*: e10383. <https://doi.org/10.1111/oik.10383>
- SILVA BARROS, L., P. T. YAMAMOTO, P. MERTEN & S. E. NARANJO. 2020. Sublethal Effects of Diamide Insecticides on Development and Flight Performance of *Chloridea virescens* (Lepidoptera: Noctuidae): Implications for Bt Soybean Refuge Area Management. *Insects* 11: 269. <https://doi.org/10.3390/insects11050269>
- SISTRÌ, G., M. MENCHETTI, L. SANTINI, L. PASQUALI, ... & L. DAPPORTO. 2021. The

- isolated *Erebia pandrose* Apennine population is genetically unique and endangered by climate change. *Insect Conserv. Divers.* 15: 136-148. <https://doi.org/10.1111/icad.12538>
- SOUSA, T. R., F. R. C. COSTA, T. V. BENTOS, N. LEAL FILHO, ... & I. O. RIBEIRO. 2017. The effect of forest fragmentation on the soil seed bank of Central Amazonia. *For. Ecol. Manag.* 393: 105-112. <https://doi.org/10.1016/j.foreco.2017.03.020>
- SLATKIN, M. 1985. Rare alleles as indicators of gene flow. *Evolution* 39: 53-65. <https://doi.org/10.1111/j.1558-5646.1985.tb04079.x>
- SLATKIN, M. 1994. Gene flow and population structure. En: REAL, L. (ed.), *Ecological Genetics*, pp. 3-18. Princeton University Press, Nueva Jersey. <https://doi.org/10.1515/9781400887262-003>
- SNEDECOR, G. W. & W. G. COCHRAN. 1989. *Statistical Methods*. 8th ed. Iowa State University press, Ames.
- TÁLAMO A., J. LÓPEZ DE CASENAVE, M. NÚÑEZ-REGUEIRO & S. M. CAZIANI. 2013. Regeneración de plantas leñosas en el Chaco semiárido argentino: relación con factores bióticos y abióticos en micrositios creados por el aprovechamiento forestal. *Bosque* 34: 53-62
- TORRES BASSO, M. B. 2014. Estudio de la diversidad genética poblacional *Aspidosperma Quebracho-blanco* Schltld. en Chaco Árido. Tesis Doctoral, Universidad Nacional de Córdoba, Argentina. Disponible en: <https://rdu.unc.edu.ar/handle/11086/11661>
- UNIDAD DE MANEJO DEL SISTEMA DE EVALUACIÓN FORESTAL -UMSEF. 2002. *Cartografía y Superficie de Bosque Nativo de Argentina*. Dirección de Bosques, Secretaría de Ambiente y Desarrollo Sustentable, Ministerio de Salud y Ambiente. Buenos Aires.
- VAN OOSTERHOUT, C.V., S. A. SPEAK, T. BIRLEY, C. BORTOLUZZI, ... & H. E. MORALES. 2022. Genomic erosion in the assessment of species extinction risk and recovery potential. *bioRxiv*: 2022-09. <https://doi.org/10.1101/2022.09.13.507768>
- WRIGHT, S. 1940. Breeding structure of populations in relation to speciation. *Am. Nat.* 74: 232-248. <https://doi.org/10.1086/280891>
- ZALLES, V., M. C. HANSEN, P. V. POTAPOV, D. PARKER, ... & I. KOMMAREDY. 2021. Rapid expansion of human impact on natural land in South America since 1985. *Sci. Adv.* 7: eabg1620. <https://doi.org/10.1126/sciadv.abg1620>