



Análisis molecular para la resolución del complejo *Liolaemus gravenhorstii* (Gray, 1845) (Squamata, Liolaemidae) e implicancias para su conservación

Tesis

Entregada a la
Universidad de Valparaíso,
en cumplimiento parcial de los requisitos
para optar al grado de

Magíster en Ciencias Biológicas mención Biodiversidad y Conservación
Instituto de Biología
Facultad de Ciencias

Por

Bojana Mabel Kuzmicic Burgos

Julio, 2025

INDICE DE CONTENIDOS

DECLARACIÓN ETICA DE TRABAJO	viii
RESUMEN	x
ABSTRACT.....	xi
1. PREÁMBULO.....	xii
2. HIPÓTESIS.....	xiv
3. OBJETIVOS	xiv
4. CAPÍTULO 1: Análisis molecular para la resolución del complejo <i>Liolaemus gravenhorstii</i> (Gray, 1845) (Squamata, Liolaemidae) e implicancias para su conservación	15
1. Introducción	15
2. Materiales y métodos	19
2.1. Muestreo	19
2.2. Muestreo molecular	21
2.3. Análisis Filogenéticos	22
2.4. Estructura poblacional	23
2.5. Aislamiento por distancia	25
2.6. Delimitación de especies.....	26
3. Resultados	27
3.1. Análisis filogenéticos.....	27
3.2. Estructura poblacional	30
3.3. Aislamiento por distancia	36
3.4. Delimitación de especies.....	37
4. Discusión.....	40
5. Conclusiones	50
Bibliografía	51
ANEXO 1.....	70
ANEXO 2.....	70
ANEXO 3.....	70

El uso de herramientas moleculares modernas ha sido especialmente útil en grupos que presentan eventos evolutivos complejos, con radiación acelerada e introgresión de linajes, que dificultan la delimitación de especies y la reconstrucción filogenética. *Liolaemus* es un género diverso de lagartijas de Sudamérica que representa esta complejidad y su taxonomía ha sido un desafío constante, lo que ha dificultado la delimitación y la asignación taxonómica precisa. Esto es particularmente evidente en el complejo *Liolaemus gravenhorstii*, donde la taxonomía actual, basada solo en caracteres morfológicos, no refleja adecuadamente la complejidad evolutiva de sus especies. En este estudio se utilizaron miles de polimorfismos de un solo nucleótido de muestras de las especies *L. bellii*, *L. cyanogaster*, *L. gravenhorstii*, *L. schroederi*, *L. moradoensis* y *L. fitzgeraldi* del complejo *gravenhorstii*, para caracterizar la historia evolutiva, dilucidar los límites entre linajes, detectar señales de mezcla genética y aportar conocimiento para la conservación de las especies. Los resultados revelan dos clados principales, un clado que agrupa a la mayoría de las poblaciones asignadas a *L. cyanogaster* bajo la taxonomía actual y un segundo clado que contiene el resto de las especies analizadas. Adicionalmente, los análisis identificaron seis agrupaciones genéticas para el complejo completo, dos de ellas para *L. cyanogaster* y cuatro para el resto de las especies. Estos resultados confirman la diferenciación genética de las especies morfológicamente similares *L. gravenhorstii*, *L. schroederi* y *L. cyanogaster*, pero no aportan evidencia molecular suficiente para un estatus de especiación completa entre *L. moradoensis* y *L. bellii*. La evidencia molecular confirma que la taxonomía morfológica tradicional no refleja la complejidad evolutiva del complejo, siendo necesario incorporar enfoques integrativos para resolver desafíos sistemáticos. En base a estos hallazgos presentamos una nueva distribución de las especies del complejo y se aporta información innovadora para futuras investigaciones.