ÍNDICE

1. INTRODUCCIÓN
2. REVISIÓN BIBLIOGRÁFICA
2.1. Antecedentes taxonómicos de la familia Amaryllidaceae en Chile 4
2.2. Antecedentes citológicos de la familia Amaryllidaceae
2.3. Antecedentes filogenéticos de la familia Amaryllidaceae
3. MATERIALES Y MÉTODOS
3.1. Material Vegetal10
3.2 Métodos Moleculares
3.2.1. Extracción de ADN
3.2.2. Integridad y Cuantificación de ADN
3.2.3. Amplificación de secuencias ITS mediante la técnica de PCR (reacción de polimerasa en cadena)
3.2.4. Análisis de secuencias ITS
3.2.5. Análisis filogenético
4. RESULTADOS
4.1. Verificación de Integridad y Cuantificación de ADN
4.2. Amplificación de secuencias ITS mediante la técnica de PCR
4.3. Estudios moleculares mediante métodos cladísticos 2 ²

4.4. Citología de los géneros nativos de Amaryllidaceae chilenas y
su relación con la filogenia
4.5. Características morfológicas de las especies nativas
de Amarylllidaceae chilenas
4.5.1. Escapo
4.5.2. Unifloria
4.5.3. Simetría floral
4.5.4. Forma del Perigonio
4.5.5. Paraperigonio
4.5.6. Estigma
5. DISCUSIÓN
5.1. Espaciadores Internos Transcritos (ITS)
5.2. Filogenia de los géneros nativos chilenos de Amaryllidaceae
combinando alineamientos ITS, morfología floral y citología39
6. CONCLUSIONES45
7 DIDLIGODATÍA
7. BIBLIOGRAFÍA
ANEXOC
ANEXOS

ÍNDICE DE CUADROS

CAPÍTULO 2

Cuadro 2.1. Cuadro comparativo de los generos de la familia Amaryllidaceae	
aceptados por Ravenna (2003), Flora del ConoSur (Darwinion 2010) y	
World Checklist of Selected Plant Familias of Kew	
(Govaerts et al. 2010)	7
CAPÍTULO 3	
Cuadro 3.1. Taxones utilizados en el análisis filogenético de secuencia	
de ADN nuclear-ribosomal (ITS)	10
OADÍTU O 4	
CAPÍTULO 4	
Cuadro 4.1. Concentración de ADN medido por espectrofotometría	19
Cuadro 4.2. Número cromosómico de algunas especies Sudamericanas	
de la familia Amaryllidaceae	25
Cuadro 4.3. Características morfológicas de las especies estudiadas	28

ÍNDICE DE FIGURAS

CAPÍTULO 3

Figura 3.1. Mapa localidades de colecta de las especies estudiadas	11
Figura 3.2. espaciadores internos de transcripción (ITS) del ADN ribosomal nuclear	13
Figura 3.3. Reacción de polimerasa en cadena	14
Figura 3.4. Ejemplo de alineación de secuencias de ADN de 85 sitios de nucleótidos (posiciones 1 a 85) para veintisiete taxones	15
CAPÍTULO 4	
Figura 4.1. Integridad del ADN comprobada con electrofóresis	18
Figura 4.2. Integridad del ADN comprobada con electrofóresis	19
Figura 4.3. Patrón de bandas obtenidas con el partidor de 100 pb	21
Figura 4.4. Patrón de bandas obtenidas con el partidor de 100 pb	21
Figura 4.5. Cladrograma de consenso más parsimonioso encontrado por análisis cladístico de las secuencias ITS de 5 géneros de Amaryllidaceae	
chilenas	22
Figura 4.6. Cladrograma de consenso más parsimonioso encontrado por	0.4
análisis cladístico de las secuencias ITS de Amaryllidaceae de Sudamérica	24
Figura 4.7. Cladrograma de consenso de secuencias ITS y número cromosómico diploide (2n) de las especies en estudio	26
Figura 4.8. Espata: A) 4 brácteas; B) 2 brácteas	32
Figura 4.9. Número de Flores: A) Plurifloria; B) Unifloria	33

Figura 4.10. Simetría Floral: A) Zigomorfía; B) Actinomorfía	33
Figura 4.11. Tipos de Perigonio: A) Infundifuliforme; B) Tubular	34
Figura 4.12. Paraperigonio: A) Fimbrias; B) Tubular lobulado	35
Figura 4.13. Estigma: A) Trífido; B) Capitado/trilobado	36
Figura 4.14: Cladograma de consenso obtenido por alineamiento de secuencias ITS, integrando caracteres morfológicos	37
Figura 4.15: Cladograma de consenso obtenido por alineamiento de secuencias ITS, integrando caracteres morfológicos	38