



# CARTELES

# SESIÓN CA32. Sistemática

Viernes 09 de Septiembre de 2016, Patio de la Autonomía, Palacio de Minería

## Mampara

- 280 **Análisis de caracteres morfológicos foliares para la delimitación taxonómica de tres especies del género *Quercus* sección *Quercus* (Fagaceae) (ID\_1411)**  
Oscar Angel de Luna Bonilla, Saddam Morales Saldaña y Susana Valencia Ávalos
- 281 **Análisis filogenético de las especies americanas de *Albizia* (Mimosoideae, Ingeae) (ID\_1307)**  
G. C. Avilés-Peraza, R. Duno-de Stefano, I. Ramirez-Morillo, G. Carnevali Fernandez-Concha y R Riina
- 282 **Análisis taxonómico del género *Cologania* (Leguminosae) (ID\_1275)**  
Gabriel Flores Franco y Alfonso Delgado Salinas
- 283 **Estrategias moleculares para la clasificación filogenética de una colección de musgos mexicanos (ID\_1089)**  
Heliana Guadalupe Hernández Paredes, Analilia Arroyo Becerra y Miguel Angel Villalobos López
- 284 **Estudio taxonómico y reconstrucción del genoma del cloroplasto, en especies de la sección *Scorodoniae* de *Salvia* (Lamiaceae) (ID\_883)**  
Edgar Ismael Olvera-Mendoza, J. Mark Porter, Grant Godden y Sabina Irene Lara-Cabrera
- 285 **Evidencia de hibridación natural entre *Pinus lumholtzii* y *Pinus oocarpa* mediante análisis estadísticos de variación morfológica (ID\_1150)**  
Jorge Alberto Pérez de la Rosa y Francisco Javier Pérez Rodríguez
- 286 **Patrones de morfología floral en *E. tithymaloides* apoyan la hipótesis de especie-anillo (ID\_1304)**  
N. Ivalu Cacho
- 287 **Perspectivas sistemáticas de *Echeveria* (Crassulaceae) en un contexto taxonómico-integrativo (ID\_1675)**  
Francisco Vergara Silva
- 288 **Posición filogenética de las especies de *Tillandsia* L. (Bromeliaceae, Poales) mexicanas (ID\_1238)**  
Xochitl Granados Aguilar, Carolina Granados Mendoza, Sabina Donadío, María Flores-Cruz, Hágster, E., Julian R. Starr, Miguel Castañeda Zárate, Carlos Castillejos Cruz; Susana Magallón y Gerardo A. Salazar
- 289 **Reconstrucción filogenética de *Disocactus* (Cactaceae) y delimitación de los géneros hermanos con datos de secuencia de cpDNA (ID\_853)**  
Miguel Angel Cruz Espindola, Teresa Terrazas y Salvador Arias
- 290 **Relaciones filogenéticas de especies vivientes y fósiles entre las eudicotiledóneas tempranamente divergentes (ID\_1440)**  
Andrea Monserrath López Martínez
- 291 **Sistemática de *Sedum* sección *Sedastrum* (Crassulaceae) (ID\_980)**  
Raúl M. Ramírez-Ulloa, Pablo Carrillo-Reyes, Aarón Rodríguez y José Arturo de Nova
- 292 **Sistemática y filogenia de los complejos *Hechtia guatemalensis* Mez y *Hechtia tillandsioides* (André) L.B. Sm. (Hechtioideae: Bromeliaceae) (ID\_1167)**  
Katya Romero-Soler, Ivón Ramírez-Morillo, German Carnevali-F., Juan Pinzón-Esquivel, Claudia Hornung-Leoni y Néstor Raigoza-Flores
- 293 ***Vanilla planifolia* y sus parientes silvestres en la Península de Yucatán, México: Análisis sistemático. (ID\_1688)**  
Sara Villanueva-Viramontes, Mariana Hernández-Apolinar, Germán Carnevali Fernández-Concha, Alfredo Dorantes-Euán, Gabriel R. Dzib y Jaime Martínez-Castillo



## Análisis de caracteres morfológicos foliares para la delimitación taxonómica de tres especies del género *Quercus* sección *Quercus* (Fagaceae)

Oscar Angel de Luna Bonilla, Saddam Morales Saldaña y Susana Valencia Ávalos

Explorar y analizar diversos caracteres foliares que permitan reconocer a *Quercus* sp., *Q. magnoliifolia* y *Q. resinosa* y así contribuir al conocimiento del género *Quercus*. Fueron digitalizadas 226 hojas de ejemplares de herbario para su análisis mediante morfometría geométrica, aclaradas nueve hojas para la descripción detallada su arquitectura foliar y descrito el indumento de las láminas mediante el uso del microscopio electrónico de barrido.

Mediante el uso de la morfometría geométrica, arquitectura foliar y derivados epidérmicos se llegó a la discriminación de tres morfologías claras dentro de la sección *Quercus* (*Quercus magnoliifolia*, *Quercus resinosa* y *Quercus* sp.) que presentaban problemas de identidad al ser determinadas. Conclusiones: Existe evidencia cuantitativa y cualitativa de tres morfologías en estas especies de difícil identidad taxonómica. Diferentes análisis en combinación permiten robustecer las hipótesis de identidad, además de permitir delimitaciones más claras entre especies.

(ID\_1411)

---

## Análisis filogenético de las especies americanas de *Albizia* (Mimosoideae, Ingeae)

G. C. Avilés-Peraza, R. Duno-de Stefano, I. Ramírez-Morillo, G. Carnevali Fernandez-Concha y R Riina

Los géneros *Balizia*, *Hesperalbizia* y *Pseudosamanea* (Leguminosae, Mimosoideae, Ingeae) fueron segregados del género pantropical *Albizia* a partir del estudio de caracteres morfológicos (Barneby y Grimes, 1996). Por su parte Rico Arce et al. (2008) sostienen que *Albizia* es un grupo monofilético con gran variabilidad morfológica que debe incluir los segregados de Barneby y Grimes (1996). Con el objetivo de contrastar ambas hipótesis, se presenta un análisis filogenético molecular de *Albizia*, con énfasis en las especies mexicanas y centroamericanas, utilizando el marcador plastídico trnK y los marcadores nucleares ETS e ITS. Se obtuvo material botánico recolectado en Yucatán o cultivado en el Jardín Botánico Regional Roger Orellana y de herbarios nacionales e internacionales. Se obtuvieron 27 secuencias de *Albizia* y 20 de la tribu Ingeae las cuales fueron ensambladas con el programa Sequencher y alineadas con el programa Muscle, a través de la plataforma PhyDe. El muestreo fue complementado con secuencias de Genbank. Posteriormente, se realizaron análisis filogenéticos basados en parsimonia (Winclada) y métodos bayesianos (MrBayes). Los árboles filogenéticos obtenidos en todos los análisis realizados confirman que *Albizia* es polifilético. Varias especies americanas de *Albizia* conforman un clado que posiblemente requiere un nuevo nombre genérico. Las especies correspondientes a los géneros segregados por Barneby y Grimes (1996) conforman clados monofiléticos bien apoyados en la mayoría de los análisis (bootstrap > 90% en parsimonia y probabilidad posterior de 100% en el análisis de inferencia bayesiana). *Balizia* es el grupo hermano del género *Hydrochorea* y a su vez del género *Abarema* p.p. Mientras que *Hesperalbizia* es el grupo hermano de *Lysiloma*. Las relaciones de las especies paleotropicales no están completamente resueltas, sin embargo en los análisis de inferencia bayesiana se dividen dos grandes clados que representan las especies de Asia y África.

(ID\_1307)

---

## Análisis taxonómico del género *Cologania* (Leguminosae)

Gabriel Flores Franco y Alfonso Delgado Salinas

Se presenta un análisis taxonómico del género *Cologania* de la familia Leguminosae, un miembro de la tribu Phaseoleae (Bronn) DC., subtribu Glycininae y de la subfamilia Papilionoideae. La variabilidad de la inflorescencia, la forma de las flores y frutos, así como su nomenclatura incierta ha creado problemas para delimitar a las especies y entender su relación. Se realizó una revisión bibliográfica sobre estudios taxonómicos y de nomenclatura relacionados con el género *Cologania*, observaciones de campo y colecta de ejemplares de herbario, observaciones de caracteres micromorfológicos como polen y semillas y la revisión de aproximadamente 3000 ejemplares de 26 herbarios tanto nacionales como del extranjero. Las especies de *Cologania* se distribuyen principalmente en las cordilleras montañosas, desde el suroeste de Estados Unidos, México, Centroamérica y Sudamérica. El centro de mayor diversidad de las especies, 18 de las 19 reconocidas en este análisis se encuentran en México. Solo *C. ovalifolia* crece en Sudamérica hasta el centro de Argentina. Cuatro nuevas especies son reconocidas y descritas para México, y siete nuevas combinaciones son propuestas a nivel de variedad, estableciéndose en basónimos de *Cologania*. Una de las principales aportaciones de este análisis destaca la exploración y uso de otros caracteres que antes no se habían utilizado, de esta forma se pudo resolver los problemas presentados por la gran variabilidad morfológica de algunas de las especies, así como los problemas nomenclaturales, obteniendo finalmente la diversidad del género y destacando los principales caracteres morfológicos con los cuales se pueden reconocer a las especies de este género.

(ID\_1275)

---

## Estrategias moleculares para la clasificación filogenética de una colección de musgos mexicanos

Heliana Guadalupe Hernández Paredes, Analilia Arroyo Becerra y Miguel Angel Villalobos López

Un impedimento taxonómico es la correcta identificación de una muestra vegetal de una manera rápida, repetible y confiable. Este problema fue la razón más importante para el desarrollo del Barcoding, un método basado en la extracción de una secuencia estandarizada de ADN que se puede aislar fácilmente. El objetivo de este estudio fue clasificar filogenéticamente, una colección de musgos que se recolectaron en diferentes zonas de la región Puebla, Tlaxcala y el Estado de México con condiciones sobresalientes de tolerancia a estrés abiótico, principalmente sequía, salinidad y frío, para conocer la distribución de las briofitas, su diversidad e historia evolutiva. Se elaboró un registro fotográfico de la colección de musgos y se seleccionaron 14 muestras al azar para posteriormente realizar la extracción de ADN y amplificar por PCR la región correspondiente al marcador molecular rbcL. Las secuencias obtenidas se analizaron bajo un protocolo para la construcción de árboles filogenéticos utilizando software basado en la máxima verosimilitud (Maximum Likelihood). Se realizó la identificación de las secuencias mediante BLAST (Basic Local Alignment Search Tool), del NCBI (National Center for Biotechnology Information), para su posterior alineación y análisis mediante los programas Mega6 y jModelTest2 que permitieron la construcción de los árboles filogenéticos con el programa PhyML3 y Figtree. Se obtuvieron los árboles filogenéticos de las catorce muestras de la colección de musgos, lo que permitió su clasificación taxonómica, conociendo hasta el género de once musgos, mientras que de dos musgos solo se determinó el orden y al menos la clase de un musgo. Las muestras se distribuyen entre las familias: Rhytidiaceae, Ditrichaceae, Bryaceae, Dicranaceae, Polytrichaceae y Grimmiaceae. La metodología tradicional basada en la morfología llega a ser 37% más caro que la identificación por técnicas moleculares, por lo que es importante el desarrollo de nuevas estrategias que ayuden a minimizar recursos.

(ID\_1089)

---



## Estudio taxonómico y reconstrucción del genoma del cloroplasto, en especies de las sección *Scorodoniae* de *Salvia* (Lamiaceae)

Edgar Ismael Olvera-Mendoza, J. Mark Porter, Grant Godden y Sabina Irene Lara-Cabrera

*Salvia* subgénero *Calosphace* cuenta con aproximadamente 500 especies, clasificadas en 104 secciones, solo las secciones *Lavanduloides*, *Membranaceae*, *Polystachyae* y *Purpureae* han sido recientemente evaluadas con evidencia morfológica y molecular. En este trabajo se presenta la reevaluación morfológica de la *Scorodoniae* endémica de México y análisis del genoma de cloroplasto mediante el uso de nuevas tecnologías de secuenciación (NGS) para una muestra de especies. *Scorodoniae* cuenta quince especies de arbustos o rara vez hierbas perennes de hasta 3.5 m de altura; con presencia variable de tricomas simples, glandulares-capitados y dendríticos en las distintas estructuras; lámina foliar ovada, ovado-lanceolada o lanceolada elíptica, haz bullado-rugoso y flores de 6 a 23 mm. El análisis del genoma del cloroplasto se realizó para seis especies de *Scorodoniae* (*S. aequidistans*, *S. breviflora*, *S. dugessi*, *S. melissodora*, *S. occidua* y *S. ramosa*), cuatro especies de supuesta cercanía filogenética; *Uricae* (*S. amarissima* y *S. urica*) y *Sigmoideae* (*S. inconspicua* y *S. nepetoides*) además de tres especies filogenéticamente distantes *S. areolata*, *S. lasiantha* y *S. semiatrata*. El ensamblaje de las secuencias se llevó a cabo mediante el software BWA, gatk, Picard y SAMtools. El genoma de cloroplasto para las especies evaluadas muestran una estructura típica de angiospermas, con una estructura larga (LSC) y una corta (SSC) separadas por un par de regiones invertidas repetidas (IRs), exhibiendo una longitud que va de los 141,500 pb a 150,400 pb. La mayoría de los genes no muestran variación, incluso algunos propuestos para estudios filogenéticos a nivel de especies (psbA, trnK, trnY, trnE, trnT, trnG, trnM, trnL, trF, trnM y trnW, trnV, rrn16, rrn4.5, rrn5, trnR, trnN). Las cinco regiones más polimórficas son: ndhF, petB, petD ycf1 y ycf2, los cuales proponemos para estudios de diversidad genética y propuestas filogenéticas en especies estrechamente relacionadas.

(ID\_883)

---

## Evidencia de hibridación natural entre *Pinus lumholtzii* y *Pinus oocarpa* mediante análisis estadísticos de variación morfológica

Jorge Alberto Pérez de la Rosa y Francisco Javier Pérez Rodríguez

México es el país con el mayor número de especies del género *Pinus* y Jalisco con 21 es uno de los estados más diversos en la nación. En esta región se han encontrado individuos disyuntos con características aparentemente intermedias entre *Pinus lumholtzii* y *P. oocarpa*. Con el propósito de esclarecer las relaciones entre ambos taxa, se realizó un estudio morfo métrico elaborando una matriz de datos con 23 variables macro y microscópicas de las hojas y conos femeninos, una muestra de 122 individuos de las especies conocidas y de los organismos intermedios, de los cuales 72 fueron colectados en nueve localidades del occidente de entidad y el resto fueron tomados de trabajos previos. Los datos fueron examinados mediante el Análisis de Componentes Principales y el Análisis Canónico Discriminante. Se encontró en el campo que los árboles con características intermedias son escasos por lo que se obtuvieron muestras de casi todos los árboles; la mayor parte de la variación se encontró en las acículas así como las dimensiones de la apófisis de los conos femeninos. La representación gráfica de los individuos evidencia las diferencias entre los parentales así como la posición intermedia de lo que aquí llamamos híbridos. Otros factores que nos llevan a concluir la presencia de interacción génica son: la escasa presencia de semillas por cono, poca regeneración natural, el bajo número de individuos por localidad y la polinización que ocurre en la temporada de lluvias (junio-julio), que obviamente es un inconveniente para lograr una buena fecundación. La especie que reúne los anteriores atributos es conocida como *Pinus luzmariae* (= *Pinus oocarpa* var. *trifoliata*).

(ID\_1150)

---

## Patrones de morfología floral en *E. tithymaloides* apoyan la hipótesis de especie-anillo

N. Ivalu Cacho

Las especies-anillo son sistemas en los que una población ancestral diverge a lo largo de dos frentes de tal modo que las formas terminales han evolucionado ciertas barreras al libre intercambio de genes. Por representar situaciones de divergencia reciente y en las que conocemos el componente espacial de la misma, las especies-anillo constituyen sistemas biológicos únicos para estudiar el proceso de especiación. En esta charla revisito el complejo de *Euphorbia tithymaloides*, una especie con poblaciones distribuidas en México y el Caribe. Presentaré la evidencia molecular que apoya este sistema como una especie-anillo en plantas, y datos nuevos sobre morfología floral, en el contexto de la divergencia geográfica de esta especie. Los datos sobre morfología floral son consistentes con la hipótesis de que *Euphorbia tithymaloides* es una especie-anillo en plantas.

(ID\_1304)

---

## Perspectivas sistemáticas de *Echeveria* (Crassulaceae) en un contexto taxonómico-integrativo

Francisco Vergara Silva

El género *Echeveria* incluye aproximadamente 150 taxones, de los cuales cerca del 93% son endémicos y microendémicos a México, presenta una morfología muy compleja así como una distribución geográfica muy amplia que incluye una gran variedad de hábitats. Se exploraron las relaciones filogenéticas del género mediante una muestra representativa de 52 taxones utilizando tres locus, dos del cloroplasto (*matK* y *rbcl*) y uno nuclear (*ITS2*) y se evaluó la capacidad de éstos marcadores para discriminar entidades a nivel de especie en un contexto basado en caracteres, los marcadores antes mencionados, han sido propuestos como secuencias candidatas a utilizarse como códigos de barras genéticos en plantas. La diagnosis molecular fue utilizada en conjunto con información morfológica y biogeográfica para cotejar la clasificación actual del género y de algunas de sus entidades. El cladograma obtenido, utilizado como guía para la extracción de sitios moleculares diagnósticos, coincide parcialmente con la clasificación actual del género, en particular para las series *Angulatae*, *Gibbiflorae*, *Paniculatae*, *Pruinosae*, *Thyrsiflorae* y *Valvatae*, que se recobran como grupos monofiléticos; mientras que las series *Longistylae* y *Secundae* son recobradas como parafiléticas. Las restantes series se presentan como polifiléticas con respecto a la clasificación actual (*Echeveria*, *Nudae*, *Mucronatae* y *Urbinae*). Las combinaciones de *matK*+*ITS2* y *rbcl*+*matK*+*ITS2* garantizan el 100% de identificación de las especies, lo cual los convierte en candidatos a utilizarse como códigos de barras genéticos en *Echeveria*. Se señalan posibles modificaciones a la clasificación actual de *Echeveria* y del estatus taxonómico de algunas de sus entidades con base en el contraste de diagnosis molecular, morfológica y biogeográfica.

(ID\_1675)

---



## Posición filogenética de las especies de *Tillandsia* L. (Bromeliaceae, Poales) mexicanas

Xochitl Granados Aguilar, Carolina Granados Mendoza, Sabina Donadío, María Flores-Cruz, Hágsater, E., Julian R. Starr, Miguel Castañeda Zárate, Carlos Castillejos Cruz; Susana Magallón y Gerardo A. Salazar

*Tillandsia* (Bromeliaceae) es uno de los géneros de monocotiledóneas más ricos en especies de México con ca. 190 spp. y un nivel de endemismo del 74%. Barfuss et al. 2005 identificaron un linaje (clado K) integrado mayoritariamente por especies de *Tillandsia* México-Centroamericanas, sin embargo, aún se desconoce la posición filogenética de la mayoría de las especies de *Tillandsia mexicanas* en el contexto filogenético global de Bromeliaceae. Nuestros objetivos son: 1) determinar la posición filogenética del mayor número posible de especies de *Tillandsia mexicanas* que aún no han sido incorporadas a estudios filogenéticos; 2) determinar el tamaño y composición del clado K identificado previamente por Barfuss et. al. 2005; y 3) establecer la posición filogenética de las especies de *Tillandsia endémicas* a México. Para ello realizamos un análisis de máxima verosimilitud de secuencias de ADN de la región del cloroplasto matK-trnK, el marcador molecular más ampliamente utilizado en *Tillandsia*. Se confirmó la monofilia de la subfamilia Tillandsioideae, sin embargo, ninguno de los subgéneros actualmente reconocidos para *Tillandsia*, ni el género mismo, fueron recuperados como monofiléticos. Noventa y cuatro de las 112 especies de *Tillandsia mexicanas* aquí analizadas se agruparon dentro del clado K (56 spp. endémicas a México), pertenecientes mayoritariamente al subgénero *Tillandsia* y en menor proporción (7%) al subgénero *Allardtia*. Las otras 18 especies mexicanas se recuperaron fuera del clado K, asociadas a especies centro- y sudamericanas de los subgéneros *Allardtia*, *Phytarrhiza*, *Pseudalcantarea* y *Tillandsia*. Nuestro contexto filogenético indica una fuerte estructura geográfica sugiriendo que la historia evolutiva del clado K se desarrolló principalmente en México y Centroamérica. La gran variación ambiental existente en los bosques húmedos de montaña tropical de México pudo haber promovido altas tasas de especiación en el grupo resultando en la gran diversidad específica actual de *Tillandsia* en México.

(ID\_1238)

---

## Reconstrucción filogenética de *Disocactus* (Cactaceae) y delimitación de los géneros hermanos con datos de secuencia de cpDNA

Miguel Angel Cruz Espindola, Teresa Terrazas y Salvador Arias

El género *Disocactus* es nativo de México y América Central e incluye 11 especies en cuatro subgéneros: D. subg. *Ackermannia*, D. subg. *Aporocactus*, D. subg. *Disocactus* y D. subg. *Nopalxochia*. Se realizó la reconstrucción filogenética con datos de secuencias de DNA usando el criterio de máxima parsimonia e inferencia bayesiana, para explorar la monofilia del género, de los subgéneros y su posición dentro de Hylocereeae. Seis marcadores de cloroplasto (matK, psbA-trnH, rpl16, trnL-F, trnQ-rps16, ycf1) fueron secuenciados para 10 especies de *Disocactus*, 18 representantes de los géneros restantes de Hylocereeae, con particular énfasis en *Epiphyllum* y *Pseudorhopsalis* para conocer su posible relación. Nuestro análisis filogenético no apoya la monofilia de *Disocactus* como actualmente está definido, ni de los subgéneros. Se recupera el clado *Disocactus* s.str. con 13 especies, que incluye a *Epiphyllum anguliger*, *E. crenatum* y *E. lepidocarpum*. Se observan tres subclados al interior y se recuperan tres relaciones de hermandad fuertemente apoyadas: *D. eichlamii* y *D. quezaltecus*, *D. biformis* y *D. nelsonii*, *D. ackermannii* y *D. phyllanthoides*. *D. speciosus* subsp. *aurantiacus* no se recupera en el clado de *D. speciosus*. Encontramos que *Epiphyllum* y *Pseudorhopsalis* son identificados como géneros hermanos de *Disocactus*. Basados en los resultados obtenidos, una nueva circunscripción para *Disocactus* es propuesta.

(ID\_853)

---

# Relaciones filogenéticas de especies vivientes y fósiles entre las eudicotiledóneas tempranamente divergentes

Andrea Monserrath López Martínez

El objetivo principal del proyecto es investigar las relaciones filogenéticas de representantes vivientes y fósiles con órganos reproductivos preservados tridimensionalmente entre los linajes tempranamente divergentes de Eudicotiledoneae (Ranunculales, Proteales, Sabiales, Trochodendrales, Buxales y Gunnerales) y una representación de los principales linajes de Pentapetales, i. e., Superrosidae (representado por Saxifragales), Dilleniales, Caryophyllales y Asteridae (representado por Cornales), mediante datos de secuencias moleculares y caracteres morfológicos. Para llevar a cabo el presente estudio se realizó un muestreo taxonómico que incluyó un total de 63 especies vivientes y 17 fósiles. Para los representantes vivientes se descargaron secuencias de GenBank de tres marcadores de cloroplasto (aptB, rbcL y matK). Las secuencias obtenidas se alinearon automáticamente con MAFFT y posteriormente de manera manual con Mesquite v. 3.04. Se construyó una matriz de caracteres sobre estructura y morfología floral mediante la revisión de base de datos ya disponible para los linajes de eudicotiledóneas tempranamente divergentes (Magallón, 1999), de ejemplares de herbario y material fresco. Los datos morfológicos de fósiles se obtuvieron a partir de publicaciones que tenían descripciones e imágenes de ejemplares fosilizados preservados tridimensionalmente en las que se observaba su estructura floral a gran detalle. Para la construcción de árboles filogenéticos implementamos métodos bajo los diferentes criterios de estimación filogenética, incluyendo parsimonia, y paramétricos, tanto de máxima verosimilitud (Stamatakis, 2006) como de inferencia bayesiana (Ronquist et al., 2012), combinando modelos de sustitución molecular, con el modelo Mk para datos morfológicos discretos (Lewis, 2001). Puesto que en los fósiles no se encuentra preservado su ADN, solo fueron incluidos en los análisis filogenéticos considerando únicamente sus caracteres morfológicos. La matriz de evidencia total (fósiles y vivientes) contiene un total de 4514 caracteres moleculares 79 caracteres morfológicos de estructuras reproductivas, distribuidos de la siguiente manera: dos sobre la agregación de la flor; nueve de organización floral; cuatro el perianto; 29 de los estambres, incluyendo la morfología polínica; 22 del gineceo; nueve del fruto y semilla; tres de tricomas; y por último uno de los nectarios. Se obtuvieron hipótesis filogenéticas con base en datos de secuencias moleculares, datos de morfología floral y combinando ambos, con la finalidad de evaluar el nivel de congruencia entre las diferentes estimaciones filogenéticas y fuentes de información. Las relaciones filogenéticas entre los vivientes utilizando solo datos moleculares mostraron congruencia con estudios previos (Hoot et al., 1999; Su et al., 2016), con un alto soporte bootstrap y probabilidad posterior. La adición de fósiles y de caracteres morfológicos de vivientes no cambio las relaciones filogenéticas de taxa vivientes usando sólo caracteres moleculares.

(ID\_1440)

## Sistemática de *Sedum* sección *Sedastrum* (Crassulaceae)

Raúl M. Ramírez-Ulloa, Pablo Carrillo-Reyes, Aarón Rodríguez y José Arturo de Nova

La familia Crassulaceae forma un grupo natural. No obstante, la delimitación genérica es complicada. El caso más drástico es el género *Sedum* L., el más grande de la familia, con una amplia distribución geográfica. Algunos botánicos han propuesto la segregación de algunas especies en géneros independientes, uno ellos es *Sedastrum*, descrito por Rose en 1905 y actualmente reconocido como una sección de *Sedum*. Las características morfológicas que definen a *Sedastrum* son la pubescencia, densas rosetas basales, tallos de hojas carnosas, inflorescencia paniculada y carpelos ovados con una concavidad en la base. Con el objetivo de evaluar su relación filogenética, se realizó un estudio sistemático de *Sedum* sección *Sedastrum* con base en secuencias de ADN. Las regiones utilizadas para ello fueron la sección transcrita externa (ETS) e interna (ITS) del ADNn y el intrón rpS16 del ADNc. Se realizaron análisis de Máxima Verosimilitud para los datos por separado y en conjunto, se calculó el soporte bootstrap y adicionalmente mediante Inferencia Bayesiana. Nuestros resultados sugieren que *Sedastrum* es un grupo natural definido por la combinación de caracteres usados en su circunscripción original. No obstante, su relación con otros linajes norteamericanos de *Sedum* no está totalmente resuelta. Por otra parte, se discute la utilidad de los caracteres tradicionalmente usados como diagnósticos.

(ID\_980)





## Sistemática y filogenia de los complejos *Hechtia guatemalensis* Mez y *Hechtia tillandsioides* (André) L.B. Sm. (Hechtioideae: Bromeliaceae)

Katya Romero-Soler, Ivón Ramírez-Morillo, German Carnevali-F., Juan Pinzón-Esquivel, Claudia Hornung-Leoni y Néstor Raigoza-Flores

*Hechtia* Klotzsch es el único género de la subfamilia Hechtioideae, con aproximadamente 70 especies de plantas terrestres o litófitas y dioicas, que poseen una distribución restringida al área biogeográfica Megaméxico III (Desierto Chihuahuense hasta el norte de Nicaragua), siendo el 95% de ellas endémicas a México. Recientemente, Ramírez et al. (en prep) proponen que las especies del género se agrupan en nueve alianzas, propuesta sustentada en información morfológica, molecular y biogeográfica. Este proyecto propone investigar si dos de las alianzas hasta ahora más ancestrales en las hipótesis filogenéticas, son grupos naturales (monofilia), como son las relaciones entre las especies que conforman dichas alianzas, así como una revisión taxonómica de estas. Esta investigación se llevó a cabo mediante el uso de análisis filogenéticos usando toda la evidencia posible, molecular (núcleo y cloroplasto), macro y micro morfología, así como anatomía foliar, aplicando análisis de parsimonia e inferencia bayesiana. Los resultados preliminares indican que el clado formado por las especies de los complejos *Hechtia guatemalensis* y *Hechtia tillandsioides* son monofileticos, siendo las especies del área del Golfo de México (complejo *H. tillandsioides*), caracterizadas por la presencia de hojas serradas y cientos de flores pediceladas y papiráceas. Mientras que las especies centroamericanas del complejo *H. guatemalensis*, presentan cientos de flores sésiles y ovario ínfero. Adicionalmente, los resultados indican la existencia de un mayor número de especies dentro de las entidades registradas hasta el momento, análisis más robustos podrían ayudarnos a identificar especies crípticas dentro de estos complejos.

(ID\_1167)

---

## *Vanilla planifolia* y sus parientes silvestres en la Península de Yucatán, México: Análisis sistemático.

Sara Villanueva-Viramontes, Mariana Hernández-Apolinar, Germán Carnevali Fernández-Concha, Alfredo Dorantes-Euán, Gabriel R. Dzib y Jaime Martínez-Castillo

*Vanilla planifolia* Andrews es una especie amenazada. Se distribuye naturalmente en las selvas tropicales perennifolias y subperennifolias del sureste de México y algunas zonas de Centro América. En estado silvestre es difícil de diferenciar de otras especies del género *Vanilla* debido a la dificultad de encontrar individuos con estructuras reproductivas. Los objetivos de este estudio fueron: 1) probar el uso de marcadores moleculares ISSR para la discriminación genética de individuos silvestres de *V. planifolia* y los pertenecientes a otras especies de *Vanilla* presentes en la Península de Yucatán, México; y 2) realizar una inferencia filogenética de *Vanilla* con ITS. Se analizaron 88 individuos silvestres de *Vanilla* spp. e individuos modelo de cuatro especies reportadas para la región (*V. planifolia*, *V. insignis*, *V. odorata* y *V. sp. nov. aff. phaeantha*) y una especie potencialmente presente en la península (*V. pompona*). Las muestras se caracterizaron mediante ISSR con tres métodos de agrupamiento: Structure, Neighbor-Joining y PCoA. La filogenia mediante ITS se realizó con tres diferentes paradigmas: Máxima verosimilitud, Parsimonia y una inferencia Bayesiana. Los ISSR discriminaron claramente a los individuos silvestres de *V. planifolia* (con una estructura genética al interior). Se encontraron cinco grupos genéticos que corresponden con las especies estudiadas. Los ITS recuperaron la monofilia de *Vanilla* y de los complejos Afrocaribeño y Americano. Tanto ISSR como ITS recuperaron a *V. planifolia* e identificaron patrones congruentes entre las relaciones genéticas. Los análisis moleculares sugieren la presencia de *V. pompona* y de una nueva especie de *Vanilla* en la Península de Yucatán.

(ID\_1688)

---