



# **PRESENTACIONES ORALES**

# SESIÓN OR21. Sistemática

Viernes 09 de Septiembre de 2016, Salón C-9, Palacio de Minería, 10:10-13:30

- 10:10 - 10:30 **Evaluación del complejo *Mandevilla mexicana*, utilizando filogenia, morfología y modelado de nicho (ID\_351)**  
Leonardo O. Alvarado-Cárdenas, Lucio Lozada Pérez, César R. Martínez-González, Joselín Cadena y Jaime Jiménez
- 10:30 - 10:50 **Filogenia del complejo *Bouteloua repens* (Poaceae: Chloridoideae) basada en datos moleculares (ID\_448)**  
Geraldine Murillo Pérez
- 10:50 - 11:10 **Diversidad, taxonomía y filogenia del género *Aristolochia* subsección *Pentandrae* (ID\_457)**  
Anna Paizanni Guillén, José Manuel Ramírez Amezcua, Sebastian Müller, Juan Carlos Montero Castro, Stefan Wanke y Marie-Stéphanie Samain
- 11:30 - 11:50 **Perspectivas sistemáticas de *Echeveria* (Crassulaceae) en un contexto taxonómico-integrativo (ID\_781)**  
Luis Emilio de la Cruz López
- 11:50 - 12:10 ***Hechtia* Klotszch (Hechtioideae: Bromeliaceae) en Megaméxico III: una propuesta de relaciones filogenéticas y de su historia evolutiva (ID\_787)**  
Ivón Mercedes Ramírez-Morillo, Germán Carnevali, Juan Pablo Pinzón Esquivel, Katya Romero-Soler, Nestor Raigoza-Flores, Claudia Hornung-Leoni, Jacinto Treviño-Carreón y José Luis Tapia-Muñoz
- 12:10 - 12:30 **Filogenética del clado *Secundiflorae* (Miconieae, Melastomataceae) (ID\_1039)**  
Gilberto Ocampo Acosta, Frank Almeda, Fabián Michelangeli y Darin Penneys
- 12:30 - 12:50 **Sistemática del complejo *Rondeletia* L. (Rubiaceae) (ID\_1176)**  
Alejandro Torres-Montufar, Helga Ochoterena y Thomas Borsch
- 12:50 - 13:10 **Clasificación filogenética vs. inflación taxonómica: ejemplos de la subtribu *Spiranthinae* (Orchidaceae) en Mesoamérica (ID\_1271)**  
Gerardo A. Salazar
- 13:10 - 13:30 **Análisis morfológico y anatómico del complejo *Myriopteris lendigera* (Pteridaceae) en México (ID\_1444)**  
Yarely Pérez Atilano, Arturo Sánchez González, Teresa Terrazas y Alejandra Vasco



## Evaluación del complejo *Mandevilla mexicana*, utilizando filogenia, morfología y modelado de nicho

Leonardo O. Alvarado–Cárdenas, Lucio Lozada Pérez, César R. Martínez-González, Joselín Cadena y Jaime Jiménez

*Mandevilla* es uno de los taxones más diversos de Apocynaceae con más de 170 especies. El género cuenta con numerosas aportaciones sistemáticas, pero aún quedan muchos aspectos taxonómicos que evaluar. Entre ellos está el de los complejos de especies, como el que forman *M. foliosa*, *M. stans*, *M. apocynifolia* y *M. mexicana* (complejo *M. mexicana* (CMM)). Estas especies se han señalado como un grupo con una morfología muy similar, por lo que la aplicación de diferentes herramientas proporcionará evidencia para su resolución. Este trabajo trata de resolver el CMM, utilizando los marcadores de ITS, matK, psbA-trnH y rps16 para probar la monofilia de las especies. También se aplicó un análisis fenético y modelado de nicho para evaluar, en conjunto, la cohesión entre los individuos de cada una de las especies. El análisis de máxima parsimonia a los 4 marcadores combinados encontró 9 árboles, pero ninguna de las especies se resolvió como monofilética. El fenograma, basado en UPGMA, mostró que *M. apocynifolia* se separan del resto, mientras *M. stans* y *M. foliosa* se encuentran combinados. *Mandevilla mexicana* se distinguen del resto, pero algunos individuos de *M. foliosa* no se diferencian de ésta. Los modelos de nicho y el análisis de similitud ambiental muestran que *M. apocynifolia*-*M. mexicana* y *M. foliosa*-*M. stans* resultaron significativamente similares. Por lo tanto, *M. mexicana*, *M. apocynifolia* son taxones distintos y que presenta una cohesión morfológica y ecológica entre sus individuos. *Mandevilla foliosa* y *M. stans* son conespecíficas y no muestran una separación filogenética, morfológica o ecológica, por lo que se subordina *M. stans* a sinonimia de *M. foliosa*. Aquí se destaca el uso de diferentes fuentes de evidencia para la evaluación de los límites de las especies, lo que permite tener una valoración integral en el reconocimiento de los taxones.

(ID\_351)

---

## Filogenia del complejo *Bouteloua repens* (Poaceae: Chloridoideae) basada en datos moleculares

Geraldine Murillo Pérez

*Bouteloua* es uno de los géneros de gramíneas nativas más importantes de los pastizales Mexicanos, tanto por su alto valor forrajero como por su amplia distribución. Representa un grupo monofilético formado por 57 especies, e incluye al complejo *Bouteloua repens*, un grupo con especies morfológicamente muy similares, y que presenta altos niveles de poliploidía e hibridación. Debido a que estas especies forman parte de ecosistemas altamente amenazados, la delimitación clara de las especies con una clasificación basada en relaciones filogenéticas, así como el conocimiento de los procesos que condujeron su evolución, son una herramienta indispensable para determinar el valor biológico de cada especie y de sus especies hermanas. Así, el objetivo del presente trabajo fue determinar las relaciones filogenéticas entre las especies del complejo *Bouteloua repens*, establecer su monofilia y dilucidar algunos de los factores que condujeron a su evolución. Para ello, se realizó un muestreo a lo largo del rango de distribución de todas las especies del complejo, incluyendo colectas depositadas en los herbarios HUAA, IEB y MEXU, así como colectas realizadas durante el proyecto. Un análisis preliminar con pocas muestras (Máxima Parsimonia e Inferencia Bayesiana), sugiere la no monofilia del complejo y no resuelve a las especies incluidas en él, como grupos naturales. Se requiere ampliar el número de muestras de todas las especies del complejo para estimar sus relaciones interespecíficas y determinar qué factores han intervenido en su evolución. Morfológicamente, las especies *B. alamosana*, *B. americana* y *B. repens* se distinguen fácilmente por sus características diagnósticas, no obstante, *B. radicata* y *B. williamsii* presentan morfologías muy similares y de acuerdo a los análisis realizados podrían ser ecotipos, y por lo tanto representar una sola especie.

(ID\_448)

---

## **Diversidad, taxonomía y filogenia del género *Aristolochia* subsección Pentandrae**

**Anna Paizanni Guillén, José Manuel Ramírez Amezcua, Sebastian Müller, Juan Carlos Montero Castro, Stefan Wanke y Marie-Stéphanie Samain**

Diversidad, taxonomía y filogenia del género *Aristolochia* subsección Pentandrae (Aristolochiaceae) El género *Aristolochia* es el más extenso de la familia Aristolochiaceae, encontrándose en áreas tropicales y subtropicales. En México *Aristolochia* está presente con 70 especies correspondientes a dos subgéneros (*Siphisia* y *Aristolochia*). La subsección Pentandrae es la que tiene mayor riqueza de especies de *Aristolochia* en México, situada en la sección *Gymnolobus*, propuesta por Duchartre (1854, 1864), la cual pertenece a *Aristolochia* subgénero *Aristolochia*. El clado que comprende a Pentandrae está caracterizado por dos sinapomorfias: 5 estambres y 5 carpelos (ginostemo con 5 lóbulos estigmáticos), mientras que las otras especies mexicanas tienen 6 estambres y 3 carpelos. A pesar de que Pentandrae es uno de los grupos con mayor riqueza de especies en México, es el menos estudiado de todo el género *Aristolochia*. Se distribuye desde el sur de Estados Unidos a Colombia (Isla San Andrés), incluyendo Guatemala, Belice, Honduras (Islas Cisne) y las Antillas, pero es casi en su totalidad endémica de México, resultando en un total de 43 especies conocidas hasta la fecha. Adicionalmente, y parte de los resultados de este trabajo, se publicó un manuscrito con cuatro especies nuevas. En este trabajo se presenta un estudio taxonómico de Pentandrae, que será la base para su monografía (actualización de las descripciones). Además, se presenta la filogenética con base en secuencias de ADN de las regiones de cloroplasto trnK-matK-trnK-psbA, rpl16 intron y dos espaciadores: rpl32-trnL(UAG) y psbJ-petA. En donde se incluyeron el 73 % de las especies y 23 accesiones como grupo externo. El resultado de los análisis de probabilidad posterior (Mr. Bayes) y Máxima Verosimilitud de las regiones de cloroplasto concatenadas de matK y rpl16 intron fueron las que presentaron mayor soporte. Se confirma la monofilia de Pentandrae y dentro de esta subsección se soportan tres clados, los cuales tienen relación con caracteres morfológicos, distribución, hábitat y altitud.

(ID\_457)

---

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

**Luis Emilio de la Cruz López**

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 parafileticas. 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\_781)

---



## ***Hechtia* Klotszch (Hechtioideae: Bromeliaceae) en Megaméxico III: una propuesta de relaciones filogenéticas y de su historia evolutiva**

**Ivón Mercedes Ramírez-Morillo, Germán Carnevali, Juan Pablo Pinzón Esquivel, Katya Romero-Soler, Nestor Raigoza-Flores, Claudia Hornung-Leoni, Jacinto Treviño-Carreón y José Luis Tapia-Muñoz**

*Hechtia* es el único miembro de la subfamilia Hechtioideae y aunque presente en la región de Megaméxico III, el 95% de su ca. 85 especies están en México. Se caracteriza porque sus plantas son hierbas terrestres, arrosetadas, dioicas, con hojas suculentas y bien espinosas, usualmente con largas inflorescencias, razones que han impedido una buena herborización que faciliten su estudio. Reunimos datos morfológicos de un 60% de las especies (ambos sexos), así como información de anatomía foliar y secuencias de regiones de cloroplasto y nucleares, e hicimos análisis filogenéticos con herramientas cladísticas, con el objetivo de responder las siguientes preguntas básicas: ¿Es *Hechtia* monofilético? ¿Quién es su grupo hermano? Internamente, ¿son monofiléticas las alianzas que hemos propuesto con base en caracteres morfológicos, ecológicos y biogeográficos? ¿Cuáles factores están relacionados con los patrones de diversificación del género? Los resultados preliminares sugieren que: *Hechtia* es monofilético, lo cual no es sorprendente ya que el género posee una combinación única de caracteres: flores unisexuales, dioecia y estigma sésil; Tillandsioideae es su grupo hermano; sólo tres de las nueve alianzas que proponemos se recuperan como monofiléticas: un clado basal con dos alianzas hermanas, caracterizado por inflorescencia central, nativas del sur de Megaméxico (Alianza *H. guatemalensis*) y vertiente del Golfo de México (Alianza *H. tillandsioides*); una tercera alianza (*H. glomerata*), conformada por especies con inflorescencia lateral, nativas de la vertiente del Atlántico, desde Honduras a Tamaulipas (México). El resto de las especies analizadas quedan agrupadas en un clado poco resuelto (Core *Hechtia*), mismas que comparten inflorescencia central, y que son nativas de varias regiones biogeográficas dentro de Megaméxico III. La evidencia sugiere que la diversificación de *Hechtia* está asociada a pulsos de invasiones a nuevas áreas y subsecuentes extinciones locales por parte de algunos clados, lo que ha obscurecido la señal filogenética en el marco biogeográfico.

(ID\_787)

---

## **Filogenética del clado Secundiflorae (Miconieae, Melastomataceae)**

**Gilberto Ocampo Acosta, Frank Almeda, Fabián Michelangeli y Darin Penneys**

El clado Secundiflorae (Miconieae, Melastomataceae) tiene 30 especies distribuidas desde el sur de México hasta la parte septentrional de Sudamérica. El grupo incluye especies que se consideran miembros de *Leandra* sect. Secundiflorae y *Ossaea* sect. Diclemia. Este estudio incluyó 25 especies del clado y se utilizaron secuencias de ADN de cloroplasto y de núcleo para estimar la historia evolutiva del grupo. Las hipótesis obtenidas se usaron para estimar los patrones de evolución de caracteres morfológicos, así como su biogeografía histórica y tiempos de divergencia. Se obtuvieron filogenias con valores aceptables de apoyo, aunque para lograr esto se eliminaron algunas muestras que tenían una cantidad importante de datos faltantes. La estimación de la evolución de caracteres morfológicos selectos sugiere todos son homoplásticos, excepto el número de lóculos del ovario, el cual muestra un patrón en dos subgrupos del clado Secundiflorae. Debido a que no existen fósiles dentro de Miconieae, se expandió el muestreo a casi 200 especies de Melastomataceae; con ello, se pudieron utilizar dos registros fósiles conocidos para la familia y que sirvieron de base para calibrar un árbol filogenético. Diferentes métodos de estimación de tiempos de divergencia coinciden en la edad de ca. 7 millones de años para el clado Secundiflorae. Los análisis de biogeografía histórica indican que el grupo se originó en la cuenca del Amazonas y de ahí los diferentes linajes se dispersaron hacia otras zonas de Sudamérica septentrional. Los resultados de este trabajo coinciden con otros que se han hecho en la tribu Miconieae y en la familia Melastomataceae en donde se sugiere que las características morfológicas no reflejan las relaciones evolutivas del grupo. Se recomienda que se retome otra perspectiva para explicar la variación morfológica en Miconieae y que se contemplen estudios que permitan responder si tal diversidad tiene algún valor adaptativo.

(ID\_1039)

## Sistemática del complejo *Rondeletia* L. (Rubiaceae)

**Alejandro Torres-Montufar, Helga Ochoterena y Thomas Borsch**

Dentro de la familia Rubiaceae la circunscripción del género *Rondeletia* (Rondeletieae) ha sido controversial: algunos autores sostienen que debido a su heterogeneidad morfológica deben segregarse numerosos géneros, mientras que otros autores rechazan esta segregación a falta de mayor evidencia. Estos géneros morfológicamente relacionados han sido considerados como el complejo *Rondeletia*. Los análisis filogenéticos recuperan al complejo como polifilético e incluso algunos géneros se anidan dentro de la tribu Guettardeae y no en Rondeletieae. No obstante, aún hacen falta estudios que permitan evaluar la circunscripción y las relaciones entre los géneros que lo componen. Para el estudio del complejo *Rondeletia* se aislaron, amplificaron y secuenciaron tres marcadores de cloroplasto (petD, trnL-F y trnK-matK) incluyendo el mayor número posible de representantes de los géneros. Posteriormente se realizó un análisis de parsimonia y sobre la filogenia obtenida se optimizaron caracteres morfológicos incluyendo aquellos tradicionalmente usados para la circunscripción genérica, lo que hizo posible interpretar su evolución en el grupo. Asimismo se realizó un estudio palinológico para explorar nueva fuente de evidencia morfológica potencialmente útil para caracterizar grupos dentro del complejo *Rondeletia*. La continuidad de la nexina del polen apoya la separación del complejo *Rondeletia* en dos tribus, ya que los géneros transferidos a Guettardeae poseen endofisuras o endocracks, mientras que los de la tribu Rondeletieae carecen de ellos. De acuerdo con los resultados del análisis filogenético y el estudio morfológico se deben tomar algunas decisiones taxonómicas que incluyen la resurrección de algunos géneros (*Donnellyanthus*, *Rovaeanthus*), la sinonimización de otros (*Gonzalagunia-Arachnothryx*) y la descripción de nuevos taxones. El estudio de la evolución de caracteres permitió la postulación de sinapomorfias para algunos grupos dentro del complejo (p. ej. ornamentación de la garganta, tipo y dehiscencia del fruto o el ala de las semillas).

(ID\_1176)

## **Clasificación filogenética vs. inflación taxonómica: ejemplos de la subtribu *Spiranthinae* (Orchidaceae) en Mesoamérica**

**Gerardo A. Salazar**

La subtribu *Spiranthinae* incluye ca. 40 géneros y 500 especies, siendo el grupo más diverso de orquídeas terrestres del Neotrópico. Su taxonomía es difícil por la escasez de material para estudio y sus estructuras vegetativa y floral relativamente simples. La situación se complica por la inflación taxonómica reciente, resultado de la propuesta de muchas especies basadas en estudio superficial de ejemplares únicos y de géneros que aíslan grupos de especies con atributos autapomórficos, resultando en la parafilia o polifilia de otros géneros. En este trabajo se muestran algunos avances en el entendimiento de las relaciones filogenéticas de *Spiranthinae* a partir de análisis filogenéticos moleculares de una muestra genérica casi completa y ca. 40% de las especies de la subtribu, complementados con estudios comparativos de la morfología vegetativa y floral (incluyendo aspectos anatómicos y ontogenéticos). El objetivo es argumentar cómo las hipótesis filogenéticas son la base de una clasificación que refleje la historia de la especiación, en contraste con decisiones arbitrarias basadas en sopesar intuitivamente caracteres morfológicos elegidos a priori. La monofilia de *Spiranthinae*, excluyendo dos géneros monotípicos recientemente segregados en *Galeottiellinae* y *Discyphinae*, está fuertemente apoyada por los datos moleculares, algunos atributos morfológicos y congruencia eco-geográfica. Dentro de *Spiranthinae* hay cinco linajes principales, incluyendo el género monotípico *Cotylobium* y cuatro grupos referidos como los clados de *Eurystyles*, *Pelexia*, *Spiranthes* y *Stenorrhynchos*. Se presentan ejemplos de no-monofilia genérica derivada de homoplasia floral o de la segregación de especies autapomórficas en nuevos “géneros”. Los resultados revelan que la evolución floral del grupo ha sido compleja e indican que la aproximación intuitiva y superficial a su taxonomía, ejemplificada por contribuciones florísticas recientes para Mesoamérica, está en conflicto con los límites subtribales, genéricos y específicos basados en los análisis filogenéticos y otras evidencias.

(ID\_1271)





## Análisis morfológico y anatómico del complejo *Myriopteris lendigera* (Pteridaceae) en México

Yarely Pérez Atilano, Arturo Sánchez González, Teresa Terrazas y Alejandra Vasco

El complejo *Myriopteris lendigera* se encuentra integrado por las especies: *M. lendigera*, *M. marsupianthes* y *M. mexicana*, que se caracterizan por su gran variación morfológica, lo que complica establecer límites claros entre estos taxones. Por ello, el objetivo del presente trabajo fue analizar características morfológicas y anatómicas con la finalidad de definir su status taxonómico. Se estudiaron 116 ejemplares provenientes de la revisión de diez herbarios nacionales, así como del material recolectado en cuatro entidades de la República Mexicana. Se evaluaron en total 42 características: 30 morfológicas y 12 anatómicas, los datos fueron analizados por medio de estadísticos descriptivos, análisis de varianza, de agrupamiento (CA), de componentes principales (ACP) y discriminante (AD). En el CA fue posible definir cinco grupos, los cuales corresponden a los tres taxones analizados y a otros dos que se utilizaron como grupos de referencia. Los resultados indican que los dos primeros ejes del ACP explicaron el 65.99% de la variación en las características morfológicas. Las primeras dos funciones del AD explicaron el 100% de la variación en los datos. Las variables LP, AI, LF, ASP, DR, LL, NPPP, LSP, APB, AL y LPB son las que contribuyen más a la discriminación entre las especies. Las distancias de *Mahalanobis* indican que la variación en las características seleccionadas es significativa entre los taxones analizados. Con base en estos resultados, así como en la agrupación de los taxones dentro de los diagramas de ordenación, se sugiere que *M. lendigera*, *M. marsupianthes* y *M. mexicana* son especies válidas o entidades definidas, con caracteres morfológicos cualitativos y cuantitativos únicos, que permiten su identificación.

(ID\_1444)

---