



SIMPOSIOS

SESIÓN S10. Estudios actuales sobre la megadiversidadneotropical

Martes 06 de Septiembre de 2016, Juárez, Hotel Krystal Grand Reforma

Organizan: Gerardo A. Salazar (Universidad Nacional Autónoma de México)

Susana Magallón (Universidad Nacional Autónoma de México)

- 15:00 - **Introducción al Simposio Estudios Actuales sobre Megadiversidad Vegetal (ID_1386)**
15:20 Susana Magallón y Gerardo Salazar
- 15:20 - **La diversificación de especies está asociada a la evolución eco-morfológica en helechos arborescentes (Cyatheaceae) (ID_1364)**
15:40 Santiago A. Ramírez Barahona, Josué Barrera Redondo y Luis E. Eguiarte
- 15:40 - **Especiación ecológica del maíz silvestre (*Zea mays parviglumis* y *Zea mays mexicana*) (ID_1369)**
16:00 Jonas Aguirre Liguori y Luis E. Eguiarte
- 16:00 - **MetaPrep Anclado para plantas: Aplicación de un método de alto rendimiento para la generación de datos filogenómicos en plantas (ID_1260)**
16:20 Carolina Granados Mendoza, Alan R. Lemmon, Gerardo A. Salazar Chávez, Eric Hágsater, Susana Magallón, Itzi Fragoso Martínez, Emily Moriarty-Lemmon, Héctor M. Hernández, Carlos Gómez-Hinostrosa, Mario Sousa Sánchez, Jeny S. Sotuyo Vázquez y Stefan Wanke
- 16:40 - **Resolución de las relaciones de Malvaceae s.l. (Malvales) como un primer paso para comprender su evolución morfológica y diversificación (ID_742)**
17:00 Rebeca Hernández Gutiérrez, Carolina Granados Mendoza, Gerardo A. Salazar Chávez y Susana Magallón
- 17:00 - **Estudio piloto aplicando el método del Enriquecimiento Híbrido Anclado a salvias neotropicales (Lamiaceae) (ID_473)**
17:20 Itzi Fragoso Martínez, Carolina Granados Mendoza, Gerardo A. Salazar Chávez, Martha Martínez Gordillo, Susana Magallón Puebla, María del Rosario García Peña, Alejandra Moreno-Letelier, Federico Sazatornil, Emily MoriartyLemmon y Alan Lemmon
- 17:20 - **Un estudio de dinámica de diversificación aplicado a Fouquieriaceae, una familia endémica de las zonas áridas de Norteamérica (ID_1374)**
17:40 José Arturo De-Nova, Luna Sánchez Reyes y Susana Magallón
- 17:40 - **Evolución múltiple de lianas y su impacto en la anatomía del sistema vascular (ID_1775)**
18:00 Marcelo R. Pace y Veronica Angyalossy



Introducción al Simposio Estudios Actuales sobre Megadiversidad Vegetal

Susana Magallón y Gerardo Salazar

(ID_1386)

La diversificación de especies está asociada a la evolución eco-morfológica en helechos arborescentes (Cyatheaceae)

Santiago A. Ramírez Barahona, Josué Barrera Redondo y Luis E. Eguiarte

(ID_1364)

Especiación ecológica del maíz silvestre (*Zea mays parviglumis* y *Zea mays mexicana*)

Jonas Aguirre Liguori y Luis E. Eguiarte

Evidencias recientes sugieren que los teosintes *Zea mays mexicana* y *Zea mays parviglumis* han divergido en respuesta a cambios ambientales. El objetivo de este trabajo es determinar y cuantificar qué variables ambientales han promovido la posible especiación ecológica de las subespecies de teosintes. Se utilizó Bayescenv para identificar SNP con frecuencias atípicas asociados a variables bioclimáticas y de suelo. Posteriormente se realizaron regresiones lineales y análisis bayesianos (BEDASSLE) para cuantificar el efecto de estas variables climáticas sobre la diferenciación genómica en genes candidatos a estar bajo selección y en regiones neutrales. Se encontró que la mayoría de los genes candidatos a estar bajo selección están asociados a temperatura (130) y a la concentración de fósforo en el suelo (60). Además se encontró que el 10% y el 1% del genoma está diferenciado por temperatura, y la concentración a fósforo en el suelo, respectivamente. De acuerdo a simulaciones coalescentes, la subespecie *mexicana* se habría originado hace 15,000 años, posterior al Último Máximo Glacial. Se concluye que la subespecie *mexicana* inició su divergencia por adaptación a frío y que posteriormente migró a tierras altas donde se adaptó a una menor concentración de fosforo en el suelo. Esta diferencia temporal explica por qué el frío explica mayor diferenciación genómica (especiación ecológica), mientras que la diferenciación asociada a suelo es más localizada en el genoma (adaptación local).

(ID_1369)

MetaPrep Anclado para plantas: Aplicación de un método de alto rendimiento para la generación de datos filogenómicos en plantas

Carolina Granados Mendoza, Alan R. Lemmon, Gerardo A. Salazar Chávez, Eric Hágsater, Susana Magallón, Itzi Fragoso Martínez, Emily Moriarty-Lemmon, Héctor M. Hernández, Carlos Gómez-Hinostrosa, Mario Sousa Sánchez, Jeny S. Sotuyo Vázquez y Stefan Wanke

Dos de los mayores retos de la filogenómica de plantas son la identificación de marcadores moleculares ortólogos e informativos a nivel de especie y la obtención de datos para muestreos densos en linajes megadiversos. Los estudios macroevolutivos se han visto recientemente impulsados por la aplicación de novedosas estrategias de partición del genoma (EPG), un grupo de metodologías enfocadas a secuenciar porciones selectas del genoma potencialmente informativas a distintas escalas taxonómicas. El presente trabajo tiene como objetivo demostrar la aplicación del MetaPrep Anclado para Plantas, una EPG de alto rendimiento que permite generar datos filogenómicos de manera simultánea para varios linajes de plantas con flores, acelerando la generación de datos masivos, tanto en número de loci como de taxa secuenciados. Se discutirá el costo-beneficio de la aplicación de dicha técnica, así como el potencial de escalamiento de la misma. Así mismo, se discutirá cómo esta técnica puede impulsar grandes proyectos colaborativos y optimizar esfuerzos de investigación interinstitucionales.

(ID_1260)

Resolución de las relaciones de Malvaceae s.l. (Malvales) como un primer paso para comprender su evolución morfológica y diversificación

Rebeca Hernández Gutiérrez, Carolina Granados Mendoza, Gerardo A. Salazar Chávez y Susana Magallón

La familia Malvaceae s.l. (Malvales) es un clado reconocido en filogenias moleculares conformado por nueve subfamilias. Sin embargo, las relaciones filogenéticas entre las subfamilias permanecen sin resolver debido a la baja informatividad de los marcadores moleculares que se han utilizado. El objetivo de esta investigación es proponer una nueva hipótesis filogenética de las relaciones entre las subfamilias de Malvaceae s.l. y proporcionar marcadores moleculares filogenéticamente informativos de genes codificantes nucleares con potencial para estimar relaciones filogenéticas entre los géneros de las distintas subfamilias. Para obtener los marcadores moleculares nucleares se aplicó un método de minado de transcriptomas de la base de datos OneThousandPlant Project (1KP) y la información de los genomas de *Arabidopsis thaliana*, *Gossypium raimondii* y *Theobroma cacao* para obtener secuencias de genes nucleares de una sola copia. Posteriormente se amplificaron las regiones genéticas seleccionadas usando una muestra de 19 especies representativas de las nueve subfamilias de Malvaceae s.l. y se incluyó la información del transcriptoma de nueve especies de la familia y grupos externos. Se realizó un análisis de informatividad para evaluar directamente el potencial de las regiones genéticas para resolver relaciones filogenéticas y se comparó con los marcadores moleculares convencionales del cloroplasto matK y rbcL. Se realizaron análisis filogenéticos de máxima verosimilitud e inferencia bayesiana con las secuencias obtenidas. El resultado del minado de transcriptomas son cuatro marcadores del genoma nuclear de una sola copia, a partir de los cuales se obtuvo una hipótesis filogenética de la familia Malvaceae s.l. con representantes de las nueve subfamilias. El análisis de informatividad indica que estas regiones genéticas tienen potencial para resolver relaciones a niveles superficiales y profundos en la filogenia de toda la familia. Estos marcadores moleculares pueden utilizarse para estimar relaciones filogenéticas de grupos más inclusivos, por ejemplo, tribus y géneros.

(ID_742)

Estudio piloto aplicando el método del Enriquecimiento Híbrido Anclado a salvas neotropicales (Lamiaceae)



Itzi Fragoso Martínez, Carolina Granados Mendoza, Gerardo A. Salazar Chávez, Martha Martínez Gordillo, Susana Magallón Puebla, María del Rosario García Peña, Alejandra Moreno-Letelier, Federico Sazatornil, Emily Moriarty Lemmon y Alan Lemmon

El subgénero *Calosphace* es el más diverso de *Salvia*. Estudios filogenéticos previos con los marcadores ITS, trnL-trnF y trnH-psbA han proporcionado resolución y apoyo a clados principales, pero no a los niveles filogenéticos más someros o profundos, sugiriendo la necesidad de usar loci más informativos a dichos niveles. El incremento en la disponibilidad de recursos genómicos nucleares ha promovido el desarrollo de novedosas técnicas para la obtención de marcadores ortólogos altamente informativos. El enriquecimiento híbrido anclado (EHA) emplea sondas para capturar hasta 500 genes nucleares potencialmente de una sola copia e informativos a distintos niveles filogenéticos. Usando al subgénero *Calosphace* como grupo modelo, nuestros objetivos fueron probar: 1) la eficiencia de la captura y secuenciación masiva; 2) el desempeño de los genes obtenidos en la resolución y soporte de las relaciones del grupo; 3) la utilidad filogenética potencial de cada loci. Se muestrearon 12 especies de *Calosphace* de linajes representativos y una especie del género *Lepechinia* como grupo externo. Se capturaron y secuenciaron 370 genes para la mayoría de las especies. La topología del análisis filogenético de la matriz con 370 loci concatenados muestra mayor soporte y resolución que la del análisis combinado de los marcadores convencionales. Los perfiles de informatividad filogenética nos permitieron detectar 133 loci con sitios con tasas de sustitución inusualmente altas, que podrían introducir ruido filogenético por saturación. El filtrado de la matriz excluyendo estos sitios problemáticos incrementó los valores de soporte para varios clados en comparación con el análisis de la matriz completa. Nuestros resultados indican que el EHA es una herramienta prometedora en la reconstrucción filogenética de las salvias neotropicales, pues mejora el soporte y resolución de los árboles filogenéticos comparado con las inferencias basadas en marcadores convencionales. Adicionalmente, resalta la importancia de incluir pasos de filtrado de datos previos a los análisis.

(ID_473)

Un estudio de dinámica de diversificación aplicado a Fouquieriaceae, una familia endémica de las zonas áridas de Norteamérica

José Arturo De-Nova, Luna Sánchez Reyes y Susana Magallón

Los biomas áridos constituyen un paisaje emblemático del Neotrópico que conserva una parte importante de su biodiversidad. Para comprender la historia evolutiva de los linajes que actualmente habitan estos biomas, investigamos el proceso de diversificación de la familia Fouquieriaceae, que comprende al ocotillo y al cirio. Usando una filogenia fechada que contiene a las 11 especies reconocidas en la familia se evaluó la dinámica de diversificación como la interacción entre especiación y extinción a través del tiempo usando 3 métodos distintos (BDL, BAMM y RPANDA). El análisis de fechación molecular reveló que el grupo aparece en el Cretácico tardío, hace ca. 86 Ma (edad troncal), pero la diversificación de las especies actuales comienza mucho después, a finales del Mioceno, hace ca. 7 Ma. Este largo periodo de baja diversidades resultó de tasas de diversificación casi nulas o negativas. Tal dinámica de diversificación aparece cuando la extinción y la especiación tienen tasas muy similares, o cuando las tasas de extinción son superiores a las de especiación. Es difícil diferenciar entre ambas dinámicas debido a la falta de registro fósil y al número reducido de especies vivientes. Sin embargo, la evidencia sugiere que la tasa de extinción era importante, al menos al inicio de la historia del grupo. A partir del Mioceno, coincidente con el ensamblaje de los principales desiertos norteamericanos, Fouquieriaceae experimenta un cambio substancial en la dinámica de diversificación, con tasas de especiación altas y extinción prácticamente nula, congruente con el reducido registro fósil del grupo. La evidencia de diversificación apoya la hipótesis de que la familia Fouquieriaceae constituye un grupo viejo preadaptado a las condiciones de los desiertos norteamericanos, cuya aparición probablemente permitió su diversificación.

(ID_1374)

Evolución múltiple de lianas y su impacto en la anatomía del sistema vascular

Marcelo R. Pace y Veronica Angyalossy

Las lianas son extremadamente abundantes en los trópicos y su evolución se relaciona con aumentos de diversidad en las traqueofitas. Pero no solo se nota un aumento en el número de especies en linajes de lianas, sino también un gran aumento de diversidad de su arquitectura vascular, que evoluciona hacia un aumento en la complejidad, gracias a la formación de nuevas estructuras en su sistema vascular denominadas “variantes cambiales”. En este estudio analizamos dos linajes distantes de eudicotiledoneas, Bignoniaceae (Asteridae) y Malpighiaceae (Rosidae), en las que el hábito lianescente apareció múltiples veces. En estos linajes el surgimiento de lianas coincide con un aumento de diversidad. En Bignoniaceae, lianas de la tribu Bignonieae desarrollan una variante cambial conocida como xilema interrumpido por cuñas de floema, cuya complejidad anatómica aumenta en dirección a nudos más apicales de la filogenia a partir de adiciones terminales en las series ontogenéticas, resultando en un patrón de recapitulación. En las Malpighiaceae, la diversidad de variantes cambiales es aún más grande y apareció independientemente varias veces en el grupo y también es aditiva. Hay por lo menos ocho tipos distintos de variantes cambiales en Malpighiaceae y en todos la presencia de parénquima axial no lignificado parece tener un papel central, llevando a la formación de tallos fisurados y extremadamente flexibles. Por otro lado, la evolución de lianas parece tener también un gran efecto homogeneizador del xilema y un efecto también importante en el floema, aunque menor. En estos tejidos hay, por lo tanto, una disminución de diversidad. La evolución en paralelo de lianas en distintos linajes de angiospermas nos da muestras de que la evolución de este hábito por una parte aumenta la complejidad anatómica gracias a la evolución de variantes cambiales, y por otra disminuye la diversidad por homogeneización del xilema y floema. Ambos fenómenos derivan de aspectos relacionados a un aumento de flexibilidad y al mismo tiempo, optimización de la conducción de agua y fotosintatos.

(ID_1775)
