



Historias diversas de plantas de zonas áridas de México

Enrique SCHEINVAR GOTTDIENER, Natalia Elena MARTÍNEZ AINSWORTH, Jonás Andrés AGUIRRE LIGUORI y Luis E EGUIARTE FRUNS

Departamento de Ecología Evolutiva, Instituto de Ecología, Universidad Nacional Autónoma de México, Ciudad Universitaria, 04510 México D.F., México

En los últimos 130 mil años diversos factores geológicos, climáticos, y ecológicos han afectado, en distintos tiempos y en diversas ocasiones, la composición de las comunidades de las áreas que ocupan actualmente las zonas áridas de México. Estos cambios remodelaron en diversas ocasiones la genética de las poblaciones, al modificar constantemente sus dinámicas demográficas. Cuando las condiciones ambientales no eran las adecuadas muchas poblaciones desaparecían, dejando aisladas a las sobrevivientes, las cuales en épocas posteriores pudieron expandir sus áreas de distribución o colonizar nuevas áreas, iniciando procesos de selección y adaptación a los nuevos ambientes y moldeando los patrones de diversidad observados hoy en día. Las zonas áridas constituyen poco más del 40 % del área terrestre mexicana y han sido escenario de la reciente formación de cientos de especies característicos de sus sistemas. En este trabajo, nos enfocamos a describir los patrones históricos de tres especies emblemáticas del desierto Chihuahuense Mexicano: *Agave lechuguilla*, *A. stricta*, *A. striata* y *Fouquieria shrevei*. En el caso de *A. lechuguilla* se describen patrones de estructura genética norte-sur actualmente asociadas a diferencias ambientales y resultantes de cuando menos dos distintos pulsos de expansión-contracción poblacional a partir de dos distintas áreas ambientalmente estables. Para *A. stricta* y *A. striata* se detectan patrones vicariantes recientes asociados a los últimos eventos de vulcanismo del área este de la Faja Volcánica Trans-Mexicana, y para *F. shrevei* se describen patrones asociados a la adaptación de suelos xerófilos

ID_1639

Simposio 10: FILOGEOGRAFÍA EN MÉXICO: ¿QUÉ HEMOS APRENDIDO?



Filogeografía y modelos paleoclimáticos en *Berberis trifoliolata*: un arbusto del Desierto Chihuahuense

Diego ANGULO¹, Leonardo AMARILLA², Ana ANTON² y Victoria SOSA¹

¹Biología Evolutiva, Instituto de Ecología, A.C., Carretera Antigua a Coatepec 351, El Haya, Xalapa 91070, Veracruz, México

²Instituto Multidisciplinario de Biología Vegetal, CONICET-Universidad Nacional de Córdoba, Av. Vélez Sársfield 299, 5000 Córdoba, Argentina

En este trabajo se estudiaron poblaciones de *Berberis trifoliolata* -un arbusto abundante del Desierto Chihuahuense- con los objetivos de: (1) probar hipótesis de su supervivencia *in situ* o en refugios glaciales durante las fluctuaciones climáticas del Pleistoceno, (2) investigar los procesos históricos que influyeron en los patrones geográficos de su diversidad genética, y (3) modelar su distribución actual y pasada para entender si fluctuaciones climáticas en el pasado tuvieron algún efecto en los patrones filogeográficos. Dos regiones de ADN de cloroplasto y seis marcadores de AFLPs fueron la base para conocer la estructura genética dentro y entre poblaciones. La historia de diversificación fue estimada por inferencia Bayesiana, mientras que se utilizó parsimonia estadística para identificar filogrupos; además, se construyeron modelos de nicho ecológico para predecir la distribución potencial actual y pasada. Los resultados de las secuencias de cloroplasto identificaron cuatro grupos, mientras que los AFLPs muestran dos grupos. La historia de diversificación sugiere que las poblaciones de *B. trifoliolata* se originaron y separaron durante el Mioceno y Holoceno. Los modelos de nicho durante el Último Período Interglacial muestran una distribución potencial reducida, mientras que durante el Último Máximo Glacial la distribución potencial se expandió en áreas identificadas como refugios durante las glaciaciones del Pleistoceno. Los análisis genéticos sugieren que las poblaciones localizadas en la Sierra Madre Oriental poseen la diversidad genética más alta. Modelos paleoclimáticos han sugerido que esas áreas pudieron haber sido zonas de refugios pleistocénicos. La falta de estructura filogeográfica en las poblaciones del matorral tamaulipeco y en el Altiplano Mexicano podría ser el resultado de expansiones y contracciones climáticas persistentes. Los resultados sugieren que la mayor divergencia genética de *B. trifoliolata* ocurrió durante el Plioceno y durante los ciclos climáticos del Holoceno.

ID_1640

Simpósio 10: FILOGEOGRAFÍA EN MÉXICO: ¿QUÉ HEMOS APRENDIDO?



Patrones filogeográficos de especies de *Quercus* en México y otras latitudes, ¿por qué difieren?

Antonio GONZÁLEZ-RODRÍGUEZ¹ y Ken OYAMA^{1,2}

¹Centro de Investigaciones en Ecosistemas, Universidad Nacional Autónoma de México, 58190 Morelia, Michoacán

²Escuela Nacional de Estudios Superiores Morelia, Universidad Nacional Autónoma de México, 58190 Morelia, Michoacán

Poco se sabe sobre la historia poblacional de los encinos (género *Quercus*) en las regiones tropicales y subtropicales donde se encuentra la mayor riqueza de especies. México tiene más de 160 especies de encinos y se considera el centro de diversificación más importante a nivel mundial del género. Recientemente hemos utilizado microsátélites del ADN de cloroplasto para dilucidar los patrones filogeográficos de varias especies de encinos mexicanos con distribuciones geográficas amplias (*Quercus affinis*-*Q. laurina*, *Q. castanea*, *Q. deserticola*, *Q. magnoliifolia*, *Q. resinosa*, *Q. rugosa*). En todos los casos los resultados han mostrado niveles considerablemente altos de diversidad genética y relativamente bajos de estructura genética, en comparación con especies de encinos de Europa y América del Norte. Estos datos sugieren que las especies en México han mantenido tamaños efectivos poblacionales considerables y niveles de flujo génico altos durante su historia evolutiva. Es probable que los periodos glaciales del Pleistoceno causaran la expansión e incrementaron la conectividad entre las poblaciones de encinos. De hecho, los modelos de nicho ecológico indican en general una distribución moderadamente mayor durante el último máximo glacial que en el presente para los encinos mexicanos, sin desplazamientos latitudinales o longitudinales considerables, lo cual apoya el escenario propuesto.

ID_1641

Simpósio 10: FILOGEOGRAFÍA EN MÉXICO: ¿QUÉ HEMOS APRENDIDO?



Filogeografía de encinos tropicales en Mesoamérica

Hernando RODRÍGUEZ-CORREA¹, Mauricio QUESADA¹, Erick FUCHS², Ken OYAMA^{1,3} y Antonio GONZÁLEZ-RODRÍGUEZ¹

¹Centro de Investigaciones en Ecosistemas, Universidad Nacional Autónoma de México campus Morelia, Antigua Carr. a Pátzcuaro 8701, Col. Ex-Hacienda de San José de la Huerta, Morelia, 58190 Michoacán, México

²Escuela de Biología, Ciudad Universitaria Rodrigo Facio, Universidad de Costa Rica, San José, Costa Rica

³Escuela Nacional de Estudios Superiores, Unidad Morelia, Universidad Nacional Autónoma de México campus Morelia, Antigua Carr. a Pátzcuaro 8701, Col. Ex-Hacienda de San José de la Huerta, Morelia, 58190 Michoacán, México

La región que comprende desde el sur de México hasta Panamá representa un zona de gran importancia a nivel biológico. Los elementos geológicos que se presentan en esta región han jugado un papel importante en la distribución de diferentes especies de aves, mamíferos, anfibios, reptiles y plantas mesoamericanas, en particular aquellos que separan los sistemas montañosos de las tierras bajas (p.ej. el Istmo de Tehuantepec, la Depresión de Nicaragua y el Istmo de Panamá). En el caso de los encinos (*Quercus*, Fagaceae), los valores de riqueza de especies se reducen de forma evidente desde el centro de diversidad ubicado en el sur de México (aproximadamente 160 especies) hasta Colombia (una sola especie). Considerando esta variación geográfica, el presente estudio describe tanto los patrones de distribución estimados a partir de modelos de nicho ecológico, como la variación genética de tres especies del género *Quercus* distribuidas tanto desde el sur de México hasta Costa Rica (*Quercus insignis*) como de forma exclusiva para Costa Rica y Panamá (*Quercus bumeloides* y *Quercus costaricensis*) usando marcadores moleculares microsatélites de cloroplasto. Estas especies presentaron valores altos de diversidad genética y estructura genética muy baja (H_s entre 0.867 y 0.909; G_{st} entre 0.012 y 0.128). De forma complementaria, la distribución de los haplotipos en *Q. insignis* sugiere un papel importante del área entre el Istmo de Tehuantepec y la Depresión de Nicaragua en la dinámica demográfica de la especie en términos históricos. Los modelos de distribución estimados sugieren fluctuaciones en el área disponible entre el Pleistoceno y el Presente, particularmente a nivel altitudinal. En conjunto, la información genética y ecológica disponible sugiere un papel fundamental de los elementos geológicos que interrumpen las zonas montañosas en Mesoamérica y las fluctuaciones climáticas en la configuración espacial de las especies evaluadas.

ID_1642

Simposio 10: FILOGEOGRAFÍA EN MÉXICO: ¿QUÉ HEMOS APRENDIDO?



Efecto de la orogenia en la divergencia poblacional y especiación de los *Abies* (Pinaceae) mexicanos

Erika AGUIRRE PLANTER, Norberto MARTÍNEZ MÉNDEZ, Luis E. EGUIARTE FRUNS y Juan Pablo JARAMILLO CORREA

Laboratorio de Evolución Molecular y Experimental, Departamento de Ecología Evolutiva, Instituto de Ecología, Universidad Nacional Autónoma de México, Ciudad Universitaria, 04510 México D.F., México

El género *Abies* (oyamel) está distribuido predominantemente en los bosques de las zonas templadas del hemisferio norte. En Mesoamérica (México y la parte norte de Centroamérica) se encuentran distribuidas ocho especies, seis de ellas endémicas, las cuales probablemente se originaron por la divergencia de poblaciones aisladas en zonas montañosas. En este estudio combinamos el análisis filogenético de regiones repetidas (cpSSRs) y no repetidas (*rbcl*, *rps18-rpl20* y *trnL-trnF*) del genoma del cloroplasto con estudios de distribuciones potenciales para investigar la implicación de los eventos orogénicos en la divergencia de *Abies* y probar hipótesis de conservadurismo de nicho durante dicha especiación. Los *Abies* mesoamericanos formaron un solo grupo junto con dos especies del suroeste de Norteamérica (*A. grandis* y *A. concolor*). Las fechas de divergencia calculadas sugieren que los oyameles mesoamericanos se originaron entre el Paleoceno y el Mioceno (dependiendo de las fechas de calibración utilizadas), después de una única expansión hacia el sur que probablemente siguió la orogenia de las cadenas montañosas del oeste de Norteamérica. Éstas se formaron en dos fases que coinciden con los periodos clave de la diversificación de *Abies*: el primero durante la fase Laramida, entre el Cretácico tardío y el Paleoceno tardío, y el segundo durante el Mioceno y el Plioceno, cuando se originaron la mayor parte de las cadenas montañosas del centro y sur de México. Por otro lado, el análisis filogeográfico realizado con los cpSSRs sugiere que hubo más de una migración hacia el sur desde Norteamérica. En particular, dos especies (*A. concolor* y *A. flinckii*) han divergido significativamente del resto de las demás, lo que sugiere tiempos de migración o de establecimiento distintos para estos taxa. Los análisis de modelación del nicho apoyan estos resultados, encontrándose que *A. flinckii* es ecológicamente diferente de las otras especies. De la misma manera, *A. concolor* y *A. durangensis* parecen constituir entidades ecológicas distintas entre sí y con respecto al resto de oyameles de México y Guatemala.

ID_1643

Simpósio 10: FILOGEOGRAFÍA EN MÉXICO: ¿QUÉ HEMOS APRENDIDO?



Filogeografía comparada del bosque mesófilo de montaña en el este de México

Juan Francisco ORNELAS¹, Victoria SOSA¹, Douglas E. SOLTIS², Juan M. DAZA³, Clementina GONZÁLEZ¹, Pamela S. SOLTIS⁴, Carla GUTIÉRREZ-RODRÍGUEZ¹, Alejandro ESPINOSA DE LOS MONTEROS¹, Todd A. CASTOE⁵, Charles BELL⁶ y Eduardo RUIZ-SANCHEZ¹

¹Departamento de Biología Evolutiva, Instituto de Ecología, A.C., Xalapa, Veracruz, México

²Department of Biology, University of Florida, Gainesville, FL, Estados Unidos de América

³Instituto de Biología, Universidad de Antioquia, Medellín, Antioquia, Colombia

⁴Florida Museum of Natural History, Gainesville, FL, Estados Unidos de América

⁵Department of Biology, University of Texas Arlington, Arlington, TX, Estados Unidos de América

⁶Department of Biological Sciences, University of New Orleans, New Orleans, LA, Estados Unidos de América

La filogeografía comparada puede elucidar la influencia de eventos históricos sobre los patrones actuales de biodiversidad e identificar patrones de co-vicarianza entre taxa no relacionados que ocupan las mismas regiones geográficas. Aquí analizamos los patrones de divergencia espacial y temporal de especies de plantas y animales del bosque mesófilo de montaña (BMM) y lo relacionamos con la historia evolutiva del BMM, entre los tipos de vegetación más amenazados en el norte de Mesoamérica. Usamos análisis de filogeografía comparada para identificar patrones de co-vicarianza en taxa que comparten su distribución geográfica en el BMM y elucidamos la influencia de eventos históricos sobre los patrones actuales de biodiversidad. Documentamos la divergencia genética espacial y temporalmente de 15 especies (plantas, aves, roedores), y las relacionamos con la historia evolutiva de los BMM naturalmente fragmentados. Usamos genealogías calibradas con fósiles, inferimos tiempos de divergencia basados en coalescencia, y estimamos flujo genético para evaluar la permeabilidad de barreras putativas al flujo genético. También usamos el método jerárquico de Approximate Bayesian Computation (HABC), implementado en el programa msBayes, para probar la divergencia simultánea versus no-simultánea de los linajes del BMM. Nuestros resultados muestran rompimientos filogeográficos compartidos que corresponden al Istmo de Tehuantepec, la sierra de Los Tuxtlas y la Depresión Central de Chiapas, con el Istmo representando el rompimiento más frecuentemente compartido entre taxa. Sin embargo, los análisis de fechamiento sugieren que los rompimientos filogeográficos correspondientes al Istmo ocurrieron en tiempos diferentes en los diferentes taxa. Por lo tanto, los patrones de divergencia son consistentes con la hipótesis de vicarianza amplia a través del Istmo de Tehuantepec derivados de diferentes mecanismos que operaron en tiempos diferentes. Este estudio indica que la historia evolutiva de linajes contemporáneos de especies del BMM es compleja y específica de los linajes y, por lo tanto, difícil de capturar en una estrategia de conservación simple.

ID_1644

Simposio 10: FILOGEOGRAFÍA EN MÉXICO: ¿QUÉ HEMOS APRENDIDO?



Genética del paisaje de *Alsophila firma* (Cyatheaceae) en los bosques de niebla de México

Santiago RAMÍREZ BARAHONA y Luis E. EGUIARTE FRUNS

Laboratorio de Evolución Molecular y Experimental, Departamento de Ecología Evolutiva, Instituto de Ecología, Universidad Nacional Autónoma de México, Ciudad Universitaria, 04510 México D.F., México

En el presente trabajo se analizó la estructura genética entre poblaciones del helecho arborescente *Alsophila firma* en los bosques de niebla de México. Para esto se analizó la distribución espacial de haplotipos de cloroplasto y de alelos del gen nuclear gapCp-M. Los resultados muestran que *A. firma* no tiene una estructura filogeográfica asociada a barreras topográficas como el Istmo de Tehuantepec. Estos resultados son incongruentes con la historia de refugios glaciales propuestos para especies de montaña en México. Sin embargo, los patrones observados pueden ser el resultado de niveles elevados de flujo genético actual entre poblaciones. Para poner a prueba estas dos hipótesis, se construyeron modelos climáticos de distribución con el algoritmo MaxEnt para el presente y el Último Máximo Glacial (UMG). Los modelos muestran que las condiciones climáticas óptimas para *A. firma* estaban más expandidas durante el UMG. Con estos modelos se generaron matrices de conectividad entre poblaciones, las cuales fueron correlacionadas con las matrices de diferenciación genética entre poblaciones. No se encontró correlación entre las condiciones climáticas presentes y la diferenciación genética, lo cual indica que no existen patrones de aislamiento por distancia entre poblaciones. Por el contrario, la diferenciación genética entre poblaciones parece estar correlacionada con las condiciones climáticas durante el UMG. A diferencia de algunos otros estudios con especies, los presentes análisis no apoyan la hipótesis de refugios glaciales para especies de bosque de niebla en México.

ID_1645

Simposio 10: FILOGEOGRAFÍA EN MÉXICO: ¿QUÉ HEMOS APRENDIDO?



Influencia de los ciclos glaciales/interglaciales del Pleistoceno en la estructura genética del cactus epífita *Rhipsalis baccifera* (Cactaceae) en Mesoamérica

Flor RODRÍGUEZ GÓMEZ y Juan FRANCISCO ORNELAS

Departamento de Biología Evolutiva, Instituto de Ecología, A.C., Carretera antigua a Coatepec No. 351, El Haya, Xalapa, Veracruz 91070, México

Un trabajo filogeográfico reciente en especies adaptadas al bosque mesófilo de montaña (BMM) proporciona evidencia inconsistente sobre la dinámica del BMM durante los ciclos glaciales, en donde las condiciones de humedad no cambiantes (“the moist forests model”) favorecieron una expansión del BMM hacia altitudes bajas y un crecimiento demográfico bajo o nulo, haciendo que las poblaciones se conectaran durante los periodos glaciales fríos, seguidos por la fragmentación hacia tierras altas durante los interglaciales más cálidos. Llevamos a cabo un estudio filogeográfico de *Rhipsalis baccifera* (Cactaceae), un cactus epífita dispersado por aves, para investigar la variación genética entre secuencias de ADN nuclear (*ITS*, 677 bp) y del cloroplasto (*rpl32-trnL*, 1092 bp) para 154 individuos a través de su área de distribución en los BMM de Mesoamérica para determinar si sus patrones de variación genética son consistentes con el modelo de los bosques húmedos. Realizamos análisis filogeográficos y filogenéticos, estimaciones de flujo genético y tiempos de divergencia entre 24 poblaciones de *R. baccifera* abarcando México y Guatemala, y usamos una aproximación complementaria con modelación de distribución de especies (MDE) hacia el pasado para contrastar la información derivada de los análisis genéticos en un contexto paleoecológico. Los resultados revelaron un rompimiento débil y reciente en el Istmo de Tehuantepec a pesar de la falta de estructura filogeográfica y flujo genético; sin embargo, los MDE sugirieron que *R. baccifera* sufrió expansión de su área de distribución (hacia el norte) en las condiciones climáticas del último interglacial (120,000 años), lo cual es concordante con la direccionalidad del flujo genético y la divergencia reciente encontrada para las poblaciones de este cactus epífita. Nuestros resultados son parcialmente consistentes con las predicciones del modelo propuesto para los bosques húmedos.

ID_1646

Simposio 10: FILOGEOGRAFÍA EN MÉXICO: ¿QUÉ HEMOS APRENDIDO?



Filogeografía de *Liquidambar styraciflua* (Altingiaceae) en Mesoamérica: ¿sobrevivientes del bosque templado (o bosque mesófilo) del Neógeno en Norteamérica?

Eduardo RUIZ-SÁNCHEZ¹ y Juan Francisco ORNELAS²

¹Red de Biodiversidad y Sistemática, Instituto de Ecología, A.C., Centro Regional del Bajío, Pátzcuaro, Michoacán, México

²Departamento de Biología Evolutiva, Instituto de Ecología, A.C., Xalapa, Veracruz, México

Liquidambar styraciflua presenta una distribución disjunta entre el suroeste de Estados Unidos de América y Mesoamérica. Los objetivos de este estudio fueron caracterizar la diversidad y estructura genética y evaluar la influencia de la glaciaciones en el origen de las poblaciones de *L. styraciflua*. Dos marcadores del cloroplasto de 19 poblaciones y 160 individuos fueron secuenciados, incluyendo trece poblaciones de la Sierra Madre Oriental, dos de Los Tuxtlas y cuatro de Chiapas. Las relaciones filogenéticas se infirieron utilizando MrBayes y BEAST. Se utilizaron métodos de genética de poblaciones, modelación de nicho ecológico y la prueba de diferenciación del nicho para reconstruir la filogeografía de la especie y para esclarecer el origen de la disyunción de la especie y su dispersión a través de la geografía mesoamericana. Los resultados de la variación genética revelaron 29 haplotipos para las poblaciones de Mesoamérica, mostrando estructura filogeográfica ($N_{ST} = 0.792$, $G_{ST} = 0.553$, $N_{ST} > G_{ST}$, $P < 0.001$), y haplotipos únicos distribuidos en ambientes diferentes a cada lado de la Faja Volcánica Transmexicana con una separación en ausencia de flujo genético de alrededor de 4.2 a 1.4 Ma. Los modelos de nicho ecológico muestran refugios hacia la costa en el Golfo de México, pero las poblaciones de Estados Unidos y Mesoamérica continuaron disyuntas durante los períodos glaciales/interglaciales. La divergencia entre Estados Unidos y Mesoamérica alrededor de 8.4 a 2.8 Ma apoya la hipótesis de dispersión a larga distancia durante el Plioceno, con tasas altas de migración de Mesoamérica a Estados Unidos y cerca de cero en la dirección opuesta. Nuestros resultados indican que la Faja Volcánica Transmexicana actuó como barrera, permitiendo la divergencia genética de *L. styraciflua*, correspondiendo con diferencias en nicho ecológico durante el Plioceno al Pleistoceno debido a la actividad volcánica de hace 3.6 Ma y un origen Mesoamericano de las poblaciones en Estados Unidos.

ID_1647

Simposio 10: FILOGEOGRAFÍA EN MÉXICO: ¿QUÉ HEMOS APRENDIDO?



Diversificación genética y fenotípica en *Moussonia deppeana* (Gesneriaceae), una planta del bosque mesófilo

Clementina GONZÁLEZ y Juan Francisco ORNELAS

Red de Biología Evolutiva, Instituto de Ecología, A. C., Carretera Antigua a Coatepec 351, El Haya, Xalapa 91070, Veracruz, México

Moussonia deppeana es un arbusto del bosque mesófilo de Mesoamérica generalmente polinizado por colibríes. Utilizando secuencias de ITS y rpl32-trnL reconstruimos la historia evolutiva en poblaciones distribuidas en México, probamos si su estructura genética está correlacionada con su distribución dentro de fragmentos de bosque mesófilo y evaluamos escenarios de refugios/vicarianza. Además, obtuvimos medidas morfológicas de distintos rasgos florales para determinar si la variación fenotípica observada es congruente con la variación genética. Encontramos una fuerte estructuración genética con ambos marcadores que corresponde geográficamente con las áreas fragmentadas del bosque mesófilo. Las simulaciones de coalescencia apoyan un modelo de refugios múltiples que divergen durante periodos interglaciares. Los análisis multivariados mostraron una gran variación en los rasgos florales medidos y diferencias significativas entre los distintos linajes genéticos, tanto en variables relacionadas con el tamaño como en la forma de las flores; sin embargo, estas diferencias tienen poca correspondencia con los patrones de variación genética, lo cual sugiere un papel de la selección probablemente mediada por los polinizadores sobre los rasgos florales.

ID_1648

Simposio 10: FILOGEOGRAFÍA EN MÉXICO: ¿QUÉ HEMOS APRENDIDO?