



## **Distribución de la diversidad florística de México a la luz de los nuevos criterios de clasificación**

José Luis VILLASEÑOR y Enrique ORTIZ

Departamento de Botánica, Instituto de Biología, Universidad Nacional Autónoma de México, Ciudad Universitaria, 04510 México, D.F., México

Estimaciones recientes indican que en México la riqueza de plantas con flores se distribuye taxonómicamente en 53 órdenes, 247 familias, 2,685 géneros y 21,841 especies. La mayor diversidad se encuentra en los bosques templados, seguida por la de los matorrales xerófilos, el bosque húmedo de montaña, el bosque estacionalmente seco y el bosque tropical húmedo. Actualmente hay filogenias robustas a grande niveles de clasificación (órdenes, familias) que permiten poner en perspectiva los niveles que ocupa cada clado en el árbol filogenético. Utilizando la categoría taxonómica de orden y la propuesta filogenética de la APGIII de 2009, se evaluó el nivel filogenético de cada uno de ellos y empleando una escala arbitraria de cuatro clases (grupos basales, grupos intermedios inferiores, grupos intermedios superiores y grupos derivados), se comparó su repartición florística en México y entre los cinco biomas más importantes en el país. El objetivo de este estudio fue determinar en qué bioma o región en particular del país predomina cada una de estos grupos. Entre los resultados se pueden destacar detalles como que menos del 1 % de la flora pertenece a los grupos basales de la filogenia, mientras que 63 % de las especies pertenecen a grupos derivados. Estos grupos basales predominan en los bosques húmedos de montaña y tropicales húmedos, lo que señala una marcada preferencia por climas mesófilos o termófilos húmedos. Por otra parte, los grupos derivados no muestran una preferencia tan marcada, aunque predominan ligeramente más en los ambientes templados y secos del país. Se evalúa la distribución geográfica de cada grupo y se discute la posible influencia de algunas variables abióticas en los patrones observados.

**ID\_1572**

**Simposio 4: DIVERSIFICACIÓN Y ORIGEN DE LA FLORA MEXICANA**



## Áreas de endemismo en Megaméxico: calibración temporal y diversificación

Israel LOERA-CARRIZALES<sup>1</sup>, Arturo DE-NOVA<sup>2</sup>, Eduardo RUIZ-SÁNCHEZ<sup>3</sup> y Victoria SOSA<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Biología Evolutiva, Instituto de Ecología A.C., Carretera antigua a Coatepec 351, 91070 Xalapa, Veracruz, Mexico

<sup>2</sup>Instituto de Investigación en Zonas Desérticas, Universidad Autónoma de San Luis Potosí, Altair 200, 78377 San Luis Potosí, S.L.P., México

<sup>3</sup>Centro Regional del Bajío, Instituto de Ecología A.C., Pátzcuaro, Michoacán, México

Se han identificado previamente 259 grupos monofiléticos de angiospermas (géneros, grupos de especies o familias) endémicos de Megaméxico siguiendo un enfoque que toma en cuenta la biodiversidad, un índice de endemismo ponderado y la historia evolutiva. Para representar la historia evolutiva en unidades espaciales equivalentes se registró su presencia en unidades de área predeterminadas. Con este enfoque se detectaron 13 áreas de endemismo, de las cuales la mayoría que presentaron un alto endemismo se encuentran en climas secos, con vegetación xérica. El objetivo de este trabajo es entender la diversificación de estos grupos de plantas mediante análisis espaciales y de fechamiento molecular. Se seleccionaron áreas de endemismo de varios habitats con diferentes tipos de clima y mediante fechamiento molecular de los linajes presentes se estimó su tiempo de divergencia. Basados en análisis biogeográficos se calibraron temporalmente estas áreas para comparar las edades de los linajes en las diferentes zonas y entender si el tipo de habitat determinó su diversificación. Los resultados muestran una congruencia temporal en el arribo de estos linajes en las áreas de endemismo en las zonas xéricas, mientras que en las zonas tropicales el arribo fue desigual.

ID\_1573

**Simposio 4: DIVERSIFICACIÓN Y ORIGEN DE LA FLORA MEXICANA**



## Tiempos de divergencia de Orchidaceae neotropicales

Gerardo Adolfo SALAZAR CHÁVEZ<sup>1</sup>, Susana Aurora MAGALLÓN PUEBLA<sup>1</sup>, Lidia Irene CABRERA MARTÍNEZ<sup>1</sup> y João Aguiar Nogueira BATISTA<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Botánica, Instituto de Biología, Universidad Nacional Autónoma de México, Ciudad Universitaria, México 04510, D.F., México

<sup>2</sup>Departamento de Botânica, Instituto de Ciências Biológicas, Universidade Federal de Minas Gerais, 31270-901 Belo Horizonte, Minas Gerais, Brasil

Con más de 25,000 especies conocidas, la familia Orchidaceae constituye una de las radiaciones evolutivas más notables entre las plantas. Aproximadamente la mitad de esa diversidad se encuentra en el neotrópico y en esta región destaca la presencia de linajes “hiperdiversos,” *e.g.* las subtribus predominantemente epífitas Pleurothallidinae (4000 especies), Laeliinae (2500 especies), Oncidiinae (1500 especies), Maxillariinae (750 especies) y Stanhopeinae (250 especies), así como las tribus terrestres Malaxideae (170 especies), Orchideae (300 especies) y la subtribu Spiranthinae (450 especies). Las estimaciones previas de tiempos de divergencia en las Orchidaceae han sido basadas en pequeñas muestras de taxa y pocos puntos de calibración. En este trabajo se estimaron tiempos de divergencia en esta familia usando una filogenia de 416 especies de plantas con semilla (incluyendo 264 especies de Orchidaceae, que representan 95 % de las subtribus reconocidas actualmente), estimada mediante máxima verosimilitud a partir de secuencias concatenadas de los genes de cloroplasto *rbcl* y *matK* y calibrando 30 nodos con fósiles. Se hizo un fechamiento preliminar usando verosimilitud penalizada y el árbol así fechado se utilizó como base para un análisis de estimación bayesiana de tiempos de divergencia con un reloj molecular relajado. Las edades estimadas para distintos clados son más antiguas que las obtenidas en estudios previos, pero coinciden en ubicar al ancestro común más reciente de las Orchidaceae actuales en el Cretácico Superior. Nuestros resultados refutan diversificaciones simultáneas de Orchidoideae y Epidendroideae, ubicando a la primera en el Paleoceno Inferior y a la segunda en el Eoceno Inferior. También indican las diversificaciones simultáneas en el Mioceno Inferior de Laeliinae, Malaxideae, Oncidiinae, Pleurothallidinae y Spiranthinae y en el Mioceno Medio de Maxillariinae y Stanhopeinae, además de apoyar las hipótesis de dispersiones transoceánicas relativamente recientes (Mioceno Medio) en los géneros neotropicales *Habenaria* y *Vanilla*.

ID\_1574

Simposio 4: DIVERSIFICACIÓN Y ORIGEN DE LA FLORA MEXICANA



## **Fechamiento metacalibrado del árbol filogenético de las angiospermas**

Susana MAGALLÓN<sup>1</sup>, Sandra GÓMEZ ACEVEDO<sup>1</sup>, Luna SÁNCHEZ REYES<sup>2</sup> y Tania HERNÁNDEZ HERNÁNDEZ<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Botánica, Instituto de Biología, Universidad Nacional Autónoma de México, Ciudad Universitaria, México 04510 D.F., México

<sup>2</sup>Posgrado en Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Autónoma de México, Ciudad Universitaria, México 04510 D.F., México

<sup>3</sup>Departamento de Biología Evolutiva, Instituto de Ecología, A.C., Xalapa 91000, Veracruz, México

Las plantas con flor (Angiospermae) resultaron de una radiación evolutiva que produjo una extraordinaria riqueza de especies, diversidad morfológica y funcional, y los productores dominantes en los ecosistemas terrestres actuales. Los estimados disponibles de la edad del grupo son incongruentes, pues los derivados de relojes moleculares son diferentes entre sí, y sustancialmente más antiguos que su registro fósil del Cretácico Inferior. El objetivo de este trabajo es obtener un fechamiento con métodos de reloj molecular relajado del árbol filogenético de las angiospermas que incluya una representación taxonómica amplia, integrando un gran número de calibraciones fósiles y aplicando un intervalo mínimo y máximo a la raíz del grupo, derivado de un método cuantitativo que considera el registro fósil global. El árbol de las angiospermas incluye *ca.* 800 terminales que representan 371 familias de angiospermas. La revisión intensiva del registro fósil del grupo resultó en una base de datos con varios miles de registros, de los cuales filtramos aquellos que confiablemente representan el registro más antiguo de algún clado bien sustentado, desde el nivel de género hasta orden. Las 147 calibraciones seleccionadas fueron implementadas como edades mínimas. La raíz de las angiospermas fue circunscrita a un intervalo mínimo y máximo incluido en el Cretácico Inferior. El fechamiento fue llevado a cabo con versomilitud penalizada implementada en TreePL y r8s, obteniéndose un intervalo de confianza alrededor de los estimados de edad derivado de réplicas bootstrap. El árbol fechado obtenido representa un marco de referencia cronológico sólido y confiable no sólo de la diversificación y la evolución morfológica y funcional de las angiospermas y sus principales grupos, sino de los biomas terrestres actuales, y la posible convolución de diferentes linajes, por ejemplo helechos, licopodios, hongos micorrícicos y numerosos polinizadores, incluyendo abejas, esfíngidos, murciélagos y colibríes.

**ID\_1575**

**Simposio 4: DIVERSIFICACIÓN Y ORIGEN DE LA FLORA MEXICANA**



## Explorando los mecanismos de diversificación en Cactaceae

Tania HERNÁNDEZ-HERNÁNDEZ<sup>1,6</sup>, Susana MAGALLÓN<sup>2</sup>, Joseph W. BROWN<sup>3</sup>, Boris O. SCHLUMPBERGER<sup>4</sup> y Luis E. EGUIARTE<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Instituto de Ecología, Universidad Nacional Autónoma de México, 3er Circuito de Ciudad Universitaria, Del. Coyoacán, México D.F., 04510, México

<sup>2</sup>Departamento de Botánica, Instituto de Biología, Universidad Nacional Autónoma de México, 3er Circuito de Ciudad Universitaria, Del. Coyoacán, México D.F., 04510 México

<sup>3</sup>Department of Ecology and Evolutionary Biology, University of Michigan, 830 North University Avenue, Ann Arbor, MI 48109-1048, Estados Unidos de América

<sup>4</sup>Systematic Botany, University of Munich, München, Alemania

<sup>6</sup>Departamento de Biología Evolutiva, Instituto de Ecología, A.C., Apartado Postal 63, 91000 Xalapa, Veracruz, México

La familia Cactaceae ha sido reconocida como el resultado de una de las radiaciones de plantas más impresionantes del continente americano, incluyendo un gran número de especies adaptadas a condiciones de aridez. Se piensa que la diversificación de esta familia, así como de otros importantes linajes de plantas suculentas, ha sido consecuencia del origen y la expansión de ambientes áridos en el mundo. Sin embargo, la gran diversidad morfológica y ecológica encontrada en estos grupos sugiere que su diversificación es además la consecuencia de múltiples factores. En este trabajo estudiamos los posibles mecanismos que han dado lugar a la diversificación de Cactaceae. Evaluamos si los principales eventos de diversificación en la familia coinciden en tiempo y se pueden correlacionar con tendencias globales de aridificación, o bien si hay variación entre linajes que puedan correlacionarse con eventos biogeográficos o con la evolución de caracteres particulares. Implementamos métodos Bayesianos y de máxima verosimilitud que toman en cuenta el muestreo taxonómico no-aleatorio, posibles escenarios de extinción de linajes y la incertidumbre filogenética. Nuestros resultados indican que las radiaciones de los géneros más ricos en especies coinciden con su expansión en ambientes áridos emergentes en el Norte de América durante el Mioceno tardío y el Plioceno temprano. Sin embargo, la rápida diversificación de los cactos columnares y arbustivos ocurrió de manera más reciente, posiblemente en relación con la evolución de síndromes de polinización novedosos. De manera similar a lo que se ha encontrado para otras suculentas, nuestros resultados indican que si bien la aridificación pudo ser fuente primaria de nuevos nichos ecológicos, los mayores eventos de diversificación en la familia Cactaceae son posiblemente consecuencia de la evolución de atributos que permitieron nuevas historias de vida y/o estrategias reproductivas que incrementaron la adecuación y promovieron la especiación de estos linajes de biomas áridos.

ID\_1576

Simposio 4: DIVERSIFICACIÓN Y ORIGEN DE LA FLORA MEXICANA



## **El proceso de humanización en el origen y diversificación de flora en México: el caso de *Opuntia* y *Agave***

Juan Antonio REYES-AGÜERO y Juan Rogelio AGUIRRE RIVERA

Instituto de Investigación de Zonas Desértica, Universidad Autónoma de San Luis Potosí, Altair Núm. 100, Fracc. El Llano, 78377 San Luis Potosí, S.L.P., México

La biodiversidad humanizada la conforman plantas y animales que los humanos han alterado en sus características biológicas, abundancia y distribución. Su resultado último es un organismo modificado genéticamente y dependiente de los humanos para su persistencia; es decir, la biota domesticada. La domesticación de biota es posiblemente la innovación más significativa de la historia de la humanidad, pues permitió el surgimiento de las civilizaciones y luego fue parte concomitante de su desarrollo. Sin embargo, es un proceso que se ha estudiado poco, y menos aun se ha analizado su importancia en la diversificación de la flora. En un estudio realizado con nopal (*Opuntia* spp.) en el centro y centro norte de México, se registró que 18 especies están relacionadas con la generación de 126 cultivares tradicionales, apreciados por sus cladodios, nopalitos o frutos; se encontraron desde especies con sólo un cultivar (*Opuntia atropes*, *O. cochinera*, *O. jaliscana*, *O. leucotricha*, *O. rzedowskii* y *O. velutina*), dos (*O. durangensis*, *O. lindheimeri*, *O. phaeacantha* y *O. robusta*), cinco (*O. joconostle* y *O. lasiacantha*), siete (*O. chavena*), 12 (*O. hyptiacantha* y *O. streptacantha*), 15 (*O. ficus-indica*), 22 (*O. albicarpa*) y hasta 34 (*O. megacantha*). Algo semejante sucede con el maguey (*Agave* spp.), del que se analizó la humanización de la sección *Salmianeae* en la misma región geográfica, y se registró que tan sólo tres táxones están relacionados con la generación de 59 variantes reconocidas tradicionalmente. Destaca *A. salmiana* ssp. *salmiana* con 31 cultivares, que junto con *A. mapisaga* con 12, son las principales especies pulqueras, pero también las menos humanizadas de la sección, como *A. salmiana* ssp. *crassispina* y *A. salmiana* ssp. *ferox*, presentan 13 y tres variantes, respectivamente. El ambiente que contiene la mayor riqueza de esta biota humanizada son los solares de las casas rurales.

**ID\_1577**

**Simposio 4: DIVERSIFICACIÓN Y ORIGEN DE LA FLORA MEXICANA**



## Diversidad y orígenes de la flora gipsófila del Desierto Chihuahuense

Hilda FLORES OLVERA<sup>1</sup>, Michael J. MOORE<sup>2</sup>, Norman A. DOUGLAS<sup>2</sup> y Helga OCHOTERENA<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Botánica, Instituto de Biología, Universidad Nacional Autónoma de México, Ciudad Universitaria, 04510 México, D.F., México

<sup>2</sup>Department of Biology, Oberlin College, 44074-1097 Oberlin, Ohio, Estados Unidos de América

El Desierto Chihuahuense alberga una gran variedad de suelos que contienen yeso ( $\text{CaSO}_4 \cdot 2\text{H}_2\text{O}$ ), presente en multitud de formas, como las dunas o los afloramientos de rocas monominerales. En combinación con la aridez climática, la historia geológica y la geografía de la zona, la vegetación gipsófila del Desierto Chihuahuense contiene una flora muy característica que si bien ha sido abarcada por algunos botánicos, aún está pendiente de estudio. Con la finalidad de conocer la diversidad y los orígenes de la flora gipsófila del Desierto Chihuahuense estamos haciendo una recopilación de conocimiento, exploraciones de campo y estudios morfológicos, citogenéticos, filogenéticos y filogeográficos de géneros representativos de esta flora edáfica. La flora gipsófila del Desierto Chihuahuense es la más rica en diversidad y endemismo conocida del mundo para estos suelos, con alrededor de 700 especies, de las cuales al menos 200 son endémicas, destacando el componente mexicano por su alta diversidad. Además, esta flora contiene una gran diversidad filogenética, incluyendo especies de *Selaginella*, de varios géneros de helechos, Pinales, Gnetales, Liliales, Asparagales, Poales, Commelinales, Fabales, Myrtales, Brassicales, Caryophyllales, Gentianales, Lamiales, Asterales, etc. Los análisis filogenéticos confirman que varios de los géneros, incluyendo *Acleisanthes*, *Anulocaulis* (Nyctaginaceae), *Gaillardia*, *Haploësthes*, *Sartwellia* (Asteraceae), *Nama* y *Tiquilia* (Boraginaceae), contienen clados con taxones exclusivamente endémicos de suelos yesosos. Los análisis moleculares con fechamiento sugieren que estos clados probablemente se originaron en el Plioceno y el Mioceno tardío. Los análisis de morfología y de haplotipos dentro de estos clados frecuentemente muestran mayor diversidad en la región mexicana del Desierto Chihuahuense, particularmente en el sur de Coahuila. Nuestra hipótesis es que la porción mexicana del Desierto Chihuahuense pudo haber tenido el menor grado de cambio climático durante los períodos glaciales del Pleistoceno.

ID\_1578

Simposio 4: DIVERSIFICACIÓN Y ORIGEN DE LA FLORA MEXICANA



## Patrones de evolución molecular y diversificación de la familia Crassulaceae en México

Victoria SOSA<sup>1,\*</sup>, Pablo CARRILLO-REYES<sup>2</sup> y Tania HERNÁNDEZ-HERNÁNDEZ<sup>1</sup>

\*victoria.sosa@inecol.edu.mx

<sup>1</sup>Departamento de Biología Evolutiva, Instituto de Ecología, A.C. Apartado Postal 63, Xalapa 91070, Veracruz, Mexico

<sup>2</sup>Herbario "Luz María Villarreal de Puga" (IBUG), Instituto de Botánica, Universidad de Guadalajara. Km 15.5 carretera a Nogales, Predio Las Agujas, Zapopan 45110, Jalisco, México

La familia Crassulaceae incluye aproximadamente 1500 especies, usualmente herbáceas de hojas suculentas características de zonas secas y calurosas. Aunque la familia tiene una distribución cosmopolita, los centros de diversidad se encuentran en México, el sur de África, Macaronesia y los Himalayas. El análisis reciente de datos moleculares ha revelado que la familia puede dividirse en siete linajes monofiléticos. Uno de ellos, llamado informalmente clado Acre, incluye una tercera parte de la diversidad total de la familia (ca. 530 especies) y exhibe su máxima diversidad de especies en México. Aunque este grupo tiene una monofilia fuertemente apoyada en los estudios filogenéticos, aún persisten varias relaciones no resueltas en su interior. La evidencia sugiere que la mayoría de los géneros del clado Acre -*Sedum* (ca. 320 especies), *Echeveria* (ca. 150 especies), *Villadia* (ca. 30 especies) y *Graptopetalum* (17 especies) son grupos polifiléticos. Por otra parte, existe un fuerte apoyo para la monofilia de *Cremnophila*, *Thompsonella*, *Pachyphytum* y *Lenophyllum*. Éste es un patrón encontrado consistentemente en los análisis es una estructuración de los clados que parece responder más a la distribución geográfica de las especies que a similitudes morfológicas, por lo que varios caracteres usados tradicionalmente para la separación de grupos han mostrado ser homoplásicos. El territorio del país alberga algunas de las radiaciones de plantas de zonas secas más impresionantes del mundo, como la familia Cactaceae o la familia Agavaceae. Estudios en estas familias han mostrado que los procesos de diversificación de esta familia ocurrieron durante el Mioceno, en respuesta a diversos factores como la aparición de novedosos síndromes de polinización o colonización de áreas geográficas particulares. Con el objetivo de entender los patrones de diversificación en el clado Acre, llevamos a cabo análisis filogenéticos y basados en secuencias nucleares (ETS e ITS) y de cloroplasto (rps16), así como estimación de tiempos de divergencia y evolución de caracteres para probar diferentes hipótesis acerca de las causas de las elevadas tasas de especiación en este linaje en nuestro país.

ID\_1579

Simposio 4: DIVERSIFICACIÓN Y ORIGEN DE LA FLORA MEXICANA