

Memorias

23/24
MARZO
2017

MEDELLÍN
COLOMBIA

1^{er}

Simposio Colombiano en Sistemática y evolución de Plantas



UNIVERSIDAD
DE ANTIOQUIA

Facultad de Ciencias Exactas y Naturales



Herbario
Universidad
de Antioquia



Asociación
Colombiana
de Herbarios



Memorias Simposio Colombiano en Sistemática de Plantas
Marzo 23 y 24
Medellín
2017

Fotografías

Fernando Alzate Guarín

Diseño y Diagramación

Adriana María Sanín Escobar
Ana Marcela Calderón Arias
Diego Armando Zapata Zapata
Isabel Carmona Gallego

Organizan

Fernando Alzate Guarín — Grupo de Estudios Botánicos
Isabel Carmona Gallego — Grupo de Estudios Botánicos
Felipe Cardona Naranjo — Herbario Universidad de Antioquia
Instituto de Biología, Universidad de Antioquia

Contacto:

Fernando Alzate Guarín
alveiro.alzate@udea.edu.co
Grupo de Estudios Botánicos
Instituto de Biología, Universidad de Antioquia
Calle 67 N° 53-108
Medellín, Colombia

COMITÉ DE APOYO LOGÍSTICO

- Alex Espinosa Correa — Estudiante de Biología, Universidad de Antioquia
- Angélica María Arcila — Estudiante de Biología, Universidad de Antioquia
- Angy Caro Sánchez — Estudiante de Biología, Universidad de Antioquia
- Herber Sarrazola Yepes — Biólogo, Universidad de Antioquia
- Laura Stefany Marín Fernández — Estudiante de Biología, Universidad de Antioquia
- Marcela Pérez Hernández — Estudiante de Biología, Universidad de Antioquia
- Sebastián Giraldo Gómez — Estudiante de Biología, Universidad de Antioquia

ORGANIZA



CON EL APOYO DE



CONTENIDO

PRESENTACIÓN 8

CONFERENCIAS MAGISTRALES

- Tropical Plant-Animal Interactions: Coevolution in the Anthropocene.
W. John Kress 10
 - Las rutas macroevolutivas de las plantas con flor hacia la megadiversidad.
Susana Magallón Puebla 11
 - Biome shifting and the evolution of leaf form and phenology: insights from *Viburnum* phylogeny.
Michael J. Donoghue 12
 - What do we know about angiosperm diversification? - *Peter Stevens* *
- *Resumen no disponible

PONENCIAS

- Historical biogeography of the plant clade *Viburnum*, with special reference to replicated speciation in neotropical cloud forests 14
- Evolución convergente de formas de crecimiento y variación geográficamente estructurada de *Lupinus* Andinos (Leguminosae): Filogenia nextRADseq y delimitación de especies colombianas 15
- Modos de especiación y rangos ancestrales de distribución en la sección Casparya (*Begonia*, Begoniaceae) 16
- Sistemática del género *Garcinia* (Clusiaceae): revisión taxonómica para Colombia y filogenia de las especies Neotropicales 17

- Evolución y ecología de sistemas reproductivos en especies de Lauraceae 18
- Patrones de evolución morfológica y geográfica en el género neotropical *Drymonia* (Gesneriaceae) 20
- Explorando las bases genéticas de la variación de la simetría floral en Asparagales con énfasis en Orchidaceae 22
- Taxonomía de las especies de las subtribus de la familia Gesneriaceae Rich & Juss. De la vertiente occidental de la cordillera central de Colombia 24
- Avances en el estudio del género *Piper*, una mirada integral 26
- Morfología floral, estructura genética y sistema de apareamiento de *Anthurium pan-duriforme* y *Anthurium caucanum* en un gradiente altitudinal 27
- Taxonomía de la subtribu Columneinae (Gesneriaceae) del Quindío a partir del polen 28
- Un nuevo subfilo dentro de las algas rojas es definido por genomas plásticos divergentes y masivamente expandidos 30
- Avances en el conocimiento taxonómico del género *Persea* Mill. Para Colombia y sus implicaciones para la sistemática de Lauraceae 32
- Evolución de la red genética de frutos con énfasis especial en los genes bHLH de identidad de la zona de dehiscencia 34
- The Rapid Evolutionary Radiation of the Zingiberales: Support from Genomic Data .. 36
- Evaluación de un posible complejo críptico de especies en *Gaiadendron punctatum* (Ruiz & Pav.) G. Don. a partir de caracteres moleculares y morfológicos37

- Hacia un entendimiento de las homoplasias morfológicas de inflorescencias y flores entre las Loranthaceae del Nuevo y del Viejo mundo 38
- Revisión taxonómica de *Erythroxylum* L. (Erythroxylaceae) para Colombia 39
- Estudios estructurales y ontogenéticos en semillas de especies del género *Paullinia* L. (Sapindaceae) 40
- Aplicaciones de la filogenómica en la sistemática de Monocotiledóneas 42
- Apuntes sobre la sistemática y ecología de Magnolias Neotropicales 43
- Revisión taxonómica de las especies del género *Begonia* L (Begoniaceae), en el departamento de Boyacá, Colombia 44
- Índice de autores 45

PRESENTACIÓN

La sistemática de plantas como un área de la biología busca esclarecer las relaciones y la historia evolutiva de estos organismos. Con esta finalidad recurre a diferentes disciplinas y áreas tanto biológicas como alternas que permitan elucidar la evolución y las relaciones biológicas. Considerando que en la sistemática confluyen una amplia cantidad de áreas, herramientas y paradigmas, se constituye en una ciencia de síntesis que se aprovecha de múltiples fuentes de datos y aproximaciones.

Enmarcado en este amplio panorama se propuso establecer un espacio científico donde se divulgará el trabajo que realizan los investigadores colombianos ocupados en esta apasionante tarea y que facilitara así mismo la interacción entre los taxónomos nacionales y los científicos internacionales invitados de reconocida trayectoria.

En esta oportunidad se presentaron 23 ponencias y 4 conferencias magistrales, en temas muy variados referentes a la sistemática y evolución de plantas. Los invitados internacionales estuvieron representados por los doctores Susana Magallón del Instituto de Biología de la Universidad Nacional Autónoma de México, John Kress del Departamento de Botánica del museo Smithsonian, Michael Donoghue del Departamento de Ecología y Biología Evolutiva la Universidad de Yale y Peter Stevens del Jardín Botánico de Saint Louis Missouri.

El simposio contó con una nutrida participación de asistentes de diferentes ciudades e instituciones, lo cual favoreció la diversidad de contenidos temáticos presentados. El simposio pudo ser realizado gracias a la participación de instituciones y personas, sin cuya colaboración hubiera sido imposible llevar a cabo. Queremos expresar nuestro agradecimiento a la Facultad de Ciencias, Exactas y Naturales, así como al Instituto de Biología de la Universidad de Antioquia, a la Asociación Colombiana de Herbarios (ACH), al Instituto de Investigaciones Biológicas Alexander von Humboldt y a un amplio número de colaboradores del Herbario de la Universidad de Antioquia y del Grupo de Estudios Botánicos.

Fernando Alzate Guarín
Isabel Carmona Gallego
Felipe Cardona Naranjo
Organizadores



CONFERENCIAS MAGISTRALES



1^{er} Simposio Colombiano en
Sistemática y evolución de Plantas

TROPICAL PLANT-ANIMAL INTERACTIONS: COEVOLUTION IN THE ANTHROPOCENE

W. JOHN KRESS

Department of Botany, National Museum of Natural History, MRC-166, Smithsonian Institution, Washington, D.C., United States of America

Email: kressj@si.edu

The complexity of life on earth is a product of the diversity of species multiplied by the diversity of their interactions. An understanding of species diversity, which requires correct species identification, is a prerequisite to accurately interpreting and understanding their interactions. Investigations of plant-herbivore and plant-pollinator interactions have provided classic examples of the interdependent relationships that exist among species within and across ecosystems.

The charismatic tropical Zingiberales, including bananas, birds-of-paradise, heliconias, gingers, and prayer plants, offer illustrative and often surprising insights into the ecology of the animals with which they have coevolved. Specifically, the ecological interactions between colleopteran herbivores and hummingbird pollinators with their Zingiberalean hosts reveal intricate patterns of their evolutionary history and how they may respond to today's rapidly changing planet. The geographic mosaic of these relationships across tropical islands, fragmented landscapes, and elevational gradients suggests that human-caused habitat alterations, biological invasions, and climate change may significantly modify and disrupt through time and space the historical patterns of ecological interactions. The future of today's biological complexity in the Age of Humans, in the Anthropocene, remains to be determined.

LAS RUTAS MACROEVOLUTIVAS DE LAS PLANTAS CON FLOR HACIA LA MEGADIVERSIDAD

SUSANA MAGALLÓN PUEBLA

Universidad Nacional Autónoma de México.

Email: s.magallon@ib.unam.mx

Las angiospermas constituyen un éxito evolutivo sin precedente. Durante su diversificación, han promovido la evolución de la biota terrestre y determinado la estructura y composición de los ecosistemas modernos. La distribución desigual de la riqueza de especies entre sus linajes sugiere que el proceso de diversificación ha actuado diferencialmente durante la evolución del grupo. En este estudio investigamos cómo las angiospermas adquirieron su megadiversidad mediante la ubicación filogenética y temporal de cambios en la tasa de diversificación, combinando una filogenia fechada densamente calibrada, con un modelo que identifica cambios en la tasa de diversificación entre linajes evolutivos y en el tiempo. Encontramos que las radiaciones excepcionales han ocurrido durante prácticamente toda la evolución de las angiospermas – desde el Cretácico Inferior al Neógeno – y en todas sus ramas filogenéticas. Su trayectoria de diversificación temporal es plana, pero resulta de tasas de especiación y extinción que van en aumento, y está compuesta por las radiaciones y reducciones independientes de linajes componentes. Esta trayectoria indica la continuación de la acumulación de especies, pero un recambio más acelerado. Desde una perspectiva metodológica, nuestros resultados proporcionan información sobre el desempeño del modelo para la identificación de cambios en la tasa de diversificación, particularmente su sensibilidad a las expectativas previas sobre el número de cambios esperados. Asimismo, discutimos la relación entre los cambios de diversificación identificados, y los posibles atributos causales de los mismos. Los cambios en la diversificación identificados, y los mecanismos macroevolutivos que revelan, proporcionan una referencia rigurosa para investigar las interacciones entre atributos intrínsecos y variables bióticas y físicas que conjuntamente subyacen el éxito

BIOME SHIFTING AND THE EVOLUTION OF LEAF FORM AND PHENOLOGY: INSIGHTS FROM *VIBURNUM* PHYLOGENY

MICHAEL J. DONOGHUE

Yale University, Department of Ecology and Evolutionary Biology, Yale University, PO Box 208106, New Haven, CT 06520-8106 USA

Email: michael.donoghue@yale.edu

Our molecular phylogenetic studies of *Viburnum* phylogeny imply that there have been multiple shifts between tropical, warm-temperate, and cool-temperate forests. We have been trying to understand when, where, and how these biome shifts have occurred, focusing special attention of associated evolutionary shifts in leaf form and habit. Necessary changes in the rhythm of growth appear to have promoted both the deciduous habit and the evolution of lobed and toothed leaf margins. We develop new models for the evolution of both deciduousness and leaf margins, and argue that the widespread occurrence of seasonal heteroblasty in *Viburnum* may be a key to understanding the ability of these plants to move between biomes.

A close-up photograph of a flower with vibrant red and yellow petals. The center of the flower is filled with a cluster of bright yellow, rounded structures, possibly developing ovules or young flowers. The background is dark and out of focus, showing other similar flowers.

PONENCIAS



1^{er} Simposio Colombiano en
Sistemática y evolución de Plantas

HISTORICAL BIOGEOGRAPHY OF THE PLANT CLADE *VIBURNUM*, WITH SPECIAL REFERENCE TO REPLICATED SPECIATION IN NEOTROPICAL CLOUD FORESTS

MICHAEL J. DONOGHUE

Department of Ecology and Evolutionary Biology, Yale University, PO Box 208106, New Haven, CT 06520-8106 USA

Email: michael.donoghue@yale.edu

We use a comprehensive and well-supported phylogeny of *Viburnum* (Adoxaceae) to infer the movement of this woody plant lineage around the Northern Hemisphere from the Paleocene to the present. The group appears to have diversified originally in the Eocene in eastern Asia, with multiple shifts inferred within Asia between tropical, warm temperate (lucidophyllous), and cold temperate forests. More recently, and at several different times, there have been at least four disjunctions between temperate Asia and Europe, and six disjunctions between temperate Asia and North America. One of the North American clades subsequently radiated into the mountains of the Neotropics, and ultimately through the Andes. This radiation reflects replicated ecological speciation, wherein pairs of sister species differ dramatically in a suite of leaf characters. Our research is now focused on understanding the developmental and environmental factors that have driven this speciation.

EVOLUCIÓN CONVERGENTE DE FORMAS DE CRECIMIENTO Y VARIACIÓN GEOGRÁFICAMENTE ESTRUCTURADA DE *LUPINUS* ANDINOS (LEGUMINOSAE): FILOGENIA NEXTRADSEQ Y DELIMITACIÓN DE ESPECIES COLOMBIANAS

NATALIA CONTRERAS-ORTIZ

Universidad de los Andes, Departamento Ciencias Biológicas, Laboratorio de Botánica y Sistemática

GUY ATCHISON

University of Zurich, Institute of Systematic Botany

COLIN HUGHES

University of Zurich, Institute of Systematic Botany

SANTIAGO MADRIÑÁN

Universidad de los Andes, Departamento de Ciencias Biológicas, Laboratorio de Botánica y Sistemática; Jardín Botánico de Cartagena “Guillermo Piñeres”

Email: na.contreras142@uniandes.edu.co

La radiación de *Lupinus* (Leguminosae) en los Andes presenta una de las tasas más altas de diversificación de especies e incluye amplia variedad de formas de crecimiento, pero las trayectorias adaptativas y geográficas de esta diversificación en los Andes es desconocida. Una de las formas de crecimiento más distintivas de este grupo son las rosetas, típicas de las zonas tropicales de alta montaña. Para entender mejor los orígenes evolutivos de ésta forma de crecimiento y la biogeografía de los *Lupinus* Andinos, se generaron datos genómicos usando nextDNAseq para 125 individuos de los Andes centrales y del norte. Se obtuvo resolución filogenética sin precedentes para las especies andinas. La estimación filogenética sugiere múltiples orígenes evolutivos e independientes de la forma de crecimiento en roseta, así como también una estructura geográfica marcada en los Andes del norte. Esto sugiere que tanto componentes ecológicos (adaptativos) como geográficos (no adaptativos) han contribuido a la rápida y reciente diversificación de especies, y que la radiación Andina parece estar compuesta por una serie de subradiaciones replicadas geográficamente. Nuestros resultados apoyan el reconocimiento de *L. alopecuroides* (Cordillera Central y norte de Ecuador), *L. trianaus* (Sur de la Cordillera Oriental) y una posible especie nueva de los páramos Pisba-Cocuy y Ocetá (Norte de la Cordillera Oriental).

MODOS DE ESPECIACIÓN Y RANGOS ANCESTRALES DE DISTRIBUCIÓN EN LA SECCIÓN CASPYRYA (BEGONIA, BEGONIACEAE)

ORLANDO ADOLFO JARA-MUÑOZ

*Laboratorio de Botánica, Departamento de Ciencias Biológicas, Universidad de los Andes, Bogotá
D.C. Colombia*

JAMES E. RICHARDSON

Programa de Biología, Universidad del Rosario, Bogotá D.C., Colombia.

SANTIAGO MADRIÑÁN

*Laboratorio de Botánica, Departamento de Ciencias Biológicas, Universidad de los Andes, Bogotá
D.C. Colombia*

Email: oa.jara38@uniandes.edu.co

La sección Casparya incluye cerca de 41 especies, siendo uno de los grupos más diversos dentro de las Begonias del norte de Suramérica. Es una sección monofilética y bien definida morfológicamente, por tener un tipo de fruto único. La distribución de Casparya está centrada en el Norte de los Andes, lo cual hace a esta sección un sistema apropiado para estudiar los patrones y procesos de diversificación en esta región. Generamos una filogenia a partir de múltiples locus y con un muestreo taxonómico bien representativo de la sección, la cual se dató mediante BEAST, y para inferir los rangos ancestrales de distribución se usó el modelo DEC (dispersión-extinción-cladogénesis). Con el fin de comprender los modos de especiación y los cambios en el nicho climático, llevamos a cabo el modelamiento de nicho y polígonos de distribución para cada especie, entonces medimos la correlación entre rango y edad, y entre nicho y edad, usando para cada caso comparaciones independientes. Mostramos que la especiación alopátrica ha sido el modo dominante de especiación en Casparya, y que el solapamiento del nicho climático no ha variado con respecto a lo esperado bajo un modelo nulo, lo que sugiere conservación del nicho. Las áreas ancestrales de distribución muestran que Casparya se originó en la Cordillera Oriental de Colombia y colonizó los principales sistemas montañosos del norte de los Andes durante el Plioceno, pero fue durante el Pleistoceno cuando se originaron la mayoría de las especies actuales. Concluimos que Casparya ha respondido a la variación climática principalmente moviéndose en torno a los bosques de niebla, generando especies de forma alopátrica, pero además ha sido capaz de sobrepasar ocasionalmente los límites de tolerancia climática, para adaptarse a ambientes extremos como el páramo.

SISTEMÁTICA DEL GÉNERO *GARCINIA* (CLUSIACEAE): REVISIÓN TAXONÓMICA PARA COLOMBIA Y FILOGENIA DE LAS ESPECIES NEOTROPICALES

DIANA MARCELA MEDELLÍN ZABALA

Universidad Nacional de Colombia sede Bogotá

LAUREN RAZ

Universidad Nacional de Colombia sede Bogotá

Email: dmmedellinz@unal.edu.co

Garcinia es un género de la familia Clusiaceae que incluye más de 250 especies de arbustos y árboles comunes en los bosques húmedos tropicales de tierras bajas. El 95% de las especies son de Asia, Australia y África tropical, por lo cual su estudio se ha dirigido principalmente a las especies del Viejo Mundo. A pesar de ser un género con atributos ecológicos y económicos importantes, su conocimiento en Colombia y en el Neotrópico es reducido, por lo cual, se realizó un tratamiento taxonómico del género para Colombia, con la revisión de las colecciones más importantes del país (COL, COAH, HUA, MEDEL, JAUM) y del Neotrópico (MO, NY), con el uso de caracteres morfológicos y herramientas estadísticas para apoyar la diferenciación entre especies. Se construyeron mapas de puntos de distribución y una clave taxonómica para la identificación de dichas especies, con base en el formato de la serie Flora de Colombia. También se realizó un análisis filogenético de las especies neotropicales a partir de secuencias de ITS, GBSSI, rbcL y matK, para evaluar la congruencia entre los análisis y la monofilia del grupo, aplicando los métodos de máxima parsimonia e inferencia Bayesiana. A partir de los análisis multivariados y de la revisión, se encontraron siete especies del género en Colombia, distribuidas desde los 0 a 2200 m de altitud, todas con frutos comestibles. Los análisis filogenéticos demostraron que a pesar de que los marcadores con mayor información para diferenciar entre especies de este grupo son ITS y matK, GBSSI y rbcL también aportan información, por lo cual, la hipótesis con mayor muestreo taxonómico, resolución, soporte y robustez, es la obtenida con el análisis bayesiano de los cuatro genes. De esta manera, se postula la hipótesis filogenética más robusta para el género hasta hoy, que demuestra la evidencia suficiente para sugerir a las especies neotropicales como un grupo natural.

EVOLUCIÓN Y ECOLOGÍA DE SISTEMAS REPRODUCTIVOS EN ESPECIES DE LAURACEAE

JUAN CARLOS PENAGOS ZULUAGA

Escuela forestal y de estudios ambientales, Universidad de Yale

SIMÓN QUEENBOROUGH

Escuela forestal y de estudios ambientales, Universidad de Yale

MICHAEL J. DONOGHUE

Departamento de ecología y biología evolutiva, Universidad de Yale

LIZA COMITA

Escuela forestal y de estudios ambientales, Universidad de Yale

E-mail: juan.penagoszuluaga@yale.edu; jcpenagosz@gmail.com

Esta investigación integra ecología y análisis moleculares para estudiar la evolución de sistemas reproductivos en especies arbóreas de angiospermas divergentes tempranas, usando como modelo el complejo *Ocotea* (Lauraceae). Estudios evolutivos se concentran en especies arbustivas o herbáceas de zonas templadas, limitando el conocimiento de ecosistemas boscosos tropicales. El complejo *Ocotea* incluye 13 géneros y 700 especies de árboles, distribuidos principalmente en ecosistemas Neotropicales. Este complejo agrupa especies hermafroditas, donde cada flor produce óvulos y polen fértil, y dioicas, donde individuos tienen flores con un solo órgano funcional. Especies ginodioicas, donde coexisten individuos hermafroditas y femeninos, y especies con dimorfismos florales, se han descrito en el género *Ocotea*. Estas descripciones son principalmente a partir de material de herbario y generalmente no permiten verificar la fertilidad de los órganos. Gino-diocismo es considerado una transición evolutiva entre los sistemas hermafroditos y dioicos, y es reportado generalmente en monocotiledóneas y eudicotiledóneas. Análisis moleculares del complejo *Ocotea* muestran que las especies dioicas comparten el mismo ancestro y son derivadas de hermafroditas. Sin embargo, especies ginodioicas o dimórficas no han sido incluidas y sus relaciones con otros sistemas reproductivos permanecen desconocidas. Este estudio se enfoca en (i) verificar la fertilidad de órganos reproductivos en especies ginodioicas y (ii) determinar las relaciones filogenéticas entre especies ginodioicas, hermafroditas y dioicas en el complejo *Ocotea*.

Además se estudia la ecología de una especie ginodioica para (iii) conocer la proporción de sexos y (iv) determinar las diferencias de crecimiento entre individuos de ambos sexos. Se construyó una filogenia molecular que incluye especies dioicas, hermafroditas, ginodioicas y dimórficas del complejo *Ocotea*. Además se revisó la anatomía floral de material colectado en campo. Adicionalmente, se ha monitoreado una población de *Ocotea oblonga*, en la parcela permanente de 50 ha en Barro Colorado, Panamá. Esta especie de árboles fue descrita ginodioica, y actualmente se ha colectado desde México hasta la amazonia y en ecosistemas montanos en los Andes. La filogenia molecular (i) permitió identificar dos orígenes independientes de ginodioicismo, pero el bajo soporte no permite definir las relaciones con otros sistemas reproductivos. Un primer clado contiene especies dioicas y ginodioicas de tierras bajas, un segundo clado incluye especies alto-andinas y dimórficas. Además, la anatomía floral permitió (ii) verificar la presencia de individuos hermafroditas y femeninos de *O. oblonga*, comprobando 2 | Evolución y ecología de sistemas reproductivos en especies de Lauraceae. La presencia de especies ginodioicas en Lauraceae. En el 2016, se encontraron 28 individuos con flores, de los cuales 21 son hermafroditas y 7 son femeninos, con una (iii) relación de 25% de sesgo femenino. Sin embargo (iv) no se logró encontrar ninguna diferencia entre el crecimiento de los individuos con diferentes sexos. Estos resultados permiten concluir que sistemas ginodioicos están presentes en Lauraceae. Los múltiples orígenes y las relaciones con especies dioicas y dimórficas sugieren que ginodioicismo es un estado evolutivo intermedio común en el Complejo *Ocotea*. Además, en *O. Oblonga*, el bajo sesgo femenino y la falta de diferencias en crecimiento entre los diferentes sexos, sugiere que la población es funcionalmente hermafrodita que dioica. Así, esta investigación muestra las relaciones filogenéticas y la ecología poblacional de especies arbóreas ginodioicas, avanzando en el estudio de la evolución de sistemas reproductivos en las angiospermas divergentes tempranas.

PATRONES DE EVOLUCIÓN MORFOLÓGICA Y GEOGRÁFICA EN EL GÉNERO NEOTROPICAL *DRYMONIA* (GESNERIACEAE)

LAURA CLAVIJO

Universidad de Alabama

JOHN L. CLARK

Universidad de Alabama

Email: lauriclav@gmail.com

Hipótesis filogenéticas robustas son importantes para inferir patrones evolutivos y para evaluar hipótesis de evolución de caracteres morfológicos y del rango geográfico. *Drymonia*, con más de 76 especies, es el tercer género neotropical más rico de Gesneriaceae y se caracteriza por ser morfológicamente diverso y principalmente andino. Se presenta la filogenia para el género *Drymonia* y sus linajes hermanos, los cuales forman un clado predominantemente Andino. Se estimó la edad y área de origen para *Drymonia* con el fin de explorar patrones de diversificación geográfica en el género; adicionalmente, se caracterizaron los patrones evolutivos del síndrome de polinización, la forma de la corola, el tipo de fruto, y el hábito de crecimiento. Los análisis filogenéticos soportan la monofilia del clado predominantemente Andino y los géneros que lo componen, entre ellos *Drymonia*; sin embargo, las relaciones filogenéticas entre estos géneros son pobremente soportadas, al igual que la clasificación infra-genérica de *Drymonia*. Se estima un origen para el clado Andino hacia la mitad del Mioceno seguido de una rápida diversificación en los Andes tropicales que dio origen a géneros muy diversos (i.e., *Columnnea* y *Drymonia*). La diversificación de *Drymonia* ocurrió principalmente en los Andes tropicales con subsecuentes movimientos a y entre la Costa Pacífica, Amazonia y Centro América. La estimación de caracteres morfológicos ancestrales sugiere que las corolas campanuladas/infundibuliformes, con anteras porcidas y síndrome de polinización por abejas son estados de carácter ancestrales para el género, al igual que las cápsulas carnosas y el hábito de crecimiento trepador. Orígenes independientes de bayas, hábito epífita y corolas con síndrome de ornitofilia sugieren un patrón muy dinámico de evolución morfológica en *Drymonia*.

La reducción del diámetro de la garganta de la corola, y el cambio en el tipo de dehiscencia de la antera en especies polinizadas por colibríes sugiere que estas características pueden haber evolucionado para facilitar la polinización por colibríes o para limitar la visita de abejas. Basados en los patrones encontrados aquí, se sugiere que, tanto factores bióticos (e.g., interacción con polinizadores) como abióticos (e.g., topográficos y ambientales resultantes del levantamiento de los Andes) pueden haber jugado un papel primario en la diversificación del género *Drymonia*.

EXPLORANDO LAS BASES GENÉTICAS DE LA VARIACIÓN DE LA SIMETRÍA FLORAL EN ASPARAGALES CON ÉNFASIS EN ORCHIDACEAE.

YESENIA MADRIGAL BEDOYA

Instituto de Biología, Universidad de Antioquia

JUAN FERNANDO ALZATE

Centro de secuenciación Genómica Nacional (CSGN), Universidad de Antioquia,

NATALIA PABÓN-MORA

Instituto de Biología, Universidad de Antioquia

E-mail: yesenia.madrigal@udea.edu.co

La simetría bilateral en las flores de orquídeas se debe a la extrema elaboración de un pétalo medial (labelo), el aborto estambres y la fusión congénita estambre-estigma (ginostemo). Esto contrasta con el plan floral típico en otras Asparagales, cuyas flores trímeras, radialmente simétricas, exhiben órganos florales libres. Las bases genéticas que subyacen la simetría bilateral incluyen la familia de genes *TCP* (siglas de *TEOSINTE BRANCHED1*, *Zea mays*, *CYCLOIDEA*, *Antirrhinum majus* y *PROLIFERATION CELL FACTOR*, *Oryza sativa*), involucrados en el control de la proliferación celular en plantas, siendo el canónico *CYCLOIDEA-like* (*CYC-like*) el relacionado con los cambios entre las regiones dorsales y ventrales de la flor que resultan en cambios de simetría. Con el objetivo de estudiar la evolución de este linaje de genes en Asparagales y su relación con la simetría floral en este grupo de plantas, se aislaron los genes homólogos de la familia de genes *TCP* de bases de datos disponibles públicamente y de nuestros transcriptomas de *Cattleya trianae* (Orchidaceae) e *Hypoxis decumbens* (Hypoxidaceae). Nuestra matriz contiene 452 secuencias que representan los tres clados principales de genes *TCP*: *CYCLOIDEA-like* (*CYC-like*), *CINCINNATA* (*CIN-like*), y *PROLIFERACIÓN CELL FACTOR* (*PCF-like*). Realizamos análisis filogenéticos ML para identificar eventos de duplicación. Además de las duplicaciones de *CYC-like* específicas en Eudicotiledóneas centrales, nuestros análisis recuperaron una duplicación del clado de genes *CIN-like* previa a la diversificación de las Angiospermas, dos duplicaciones adicionales específicas de Asparagales y una duplicación previa a la diversificación de Orchidoideae y Epidendroideae.

Aunque los genes *CIN-like* y *PCF-like* han proliferado en Asparagales, los genes *CYC-like* se mantienen como copias individuales en comparación con sus homólogos en Eudicotiledóneas centrales. Análisis de expresión en *H. decumbens* y *C. trianae*, sugieren que el linaje *CYC-like* parece no estar involucrado en los cambios en la simetría en este grupo de plantas, mientras que *CIN-like* y *PCF-like* parecen tener un papel conservado en la proliferación celular en órganos vegetativos y florales.

TAXONOMIA DE LAS ESPECIES DE LAS SUBTRIBUS DE LA FAMILIA GESNERIACEAE RICH. & JUSS. DE LA VERTIENTE OCCIDENTAL DE LA CORDILLERA CENTRAL DE COLOMBIA.

LARRI ÁLVAREZ RODAS

Universidad del Quindío, Maestría en Ciencias Biología Vegetal

CARLOS ALBERTO AGUDELO H.

Universidad del Quindío, Maestría en Ciencias Biología Vegetal

Email: maxwellero81@gmail.com

Este trabajo presenta el tratamiento taxonómico de las especies de la familia Gesneriaceae de la vertiente occidental de la cordillera central, Colombia, así como la descripción detallada de la morfología de los granos de polen de todas sus especies. Del material vegetal recolectado y fotografiado se tomaron muestras polínicas, las cuales fueron acetolizadas, midiéndolas y describiéndolas bajo el uso de la microscopía de barrido y óptica. En total se registran (39) especies, siendo *Columnea* el género más representativo con (9) especies, seguido de *Kohleria* con 7, *Glossoloma* y *Besleria* con 5. Otros géneros como *Drymonia* poseen 4, *Alloplectus* 3, *Reldia* 2, *Gasteranthus*, *Nautilocalyx*, *Heppiella* y *Rhynchoglossum* solo una especie (ir atlas morfológico). La subtribu Columneinae representa la mayor diversidad de especies con 22, lo cual corresponde al 54,4% de las Gesneriaceae del departamento; siete registros son considerados nuevos para la ciencia, uno ya descrito y publicado (*Glossoloma velutinum*) y los demás se encuentran en proceso revisión; nuestros resultados indican que nueve especies son nuevos registros para esta vertiente de la cordillera central: *Alloplectus inflatus*, *Columnea colombiana*, *C. dimidiata*, *C. ericae*, *Besleria formosa*, *B. vestita*, *Glossoloma tetragonum*, *Drymonia lanceolata* y *Nautilocalyx panamensis*. En general las especies presentan algún grado de epifitismo, los granos de polen variaron entre muy pequeños, pequeños y medianos; siendo los granos de polen muy pequeños en la subtribu Beslerieae y en algunas especies de los géneros *Besleria* y *Reldia*; los de tamaño medio ocurren en la subtribu Columneinae y el género *Columnea*; en su mayoría las especies de la familia poseen granos de polen de tamaños pequeños.

La forma de los granos de polen es versátil encontrándose granos desde prolado esferoidal, oblado esferoidal, sub-prolado, esferoidal, oblado, oblado esferoidal y Sub-oblado; todos los granos son tricolpados, exceptuando a *Rhynchoglossum azureum* el único representante de la subtribu Loxotidinae que presenta características de granos sincolpados. En el análisis morfológico de los granos de polen de las 38 especies trabajadas, se observaron diferencias cualitativas y cuantitativas únicas de cada especie, los resultados muestran características notables relacionadas con la variación morfológica de las aberturas y la ornamentación en los granos de polen de todos los taxones y por lo tanto, atributos importantes para la identificación de las especies y delimitación de los taxones, confirmando la condición euripalinológica de la familia.

AVANCES EN EL ESTUDIO DEL GÉNERO *PIPER*, UNA MIRADA INTEGRAL

M. ALEJANDRA JARAMILLO

Institución Universidad Militar Nueva Granada

RICARDO CALLEJAS

Universidad de Antioquia

E-mail: maria.jaramillo@unimilitar.edu.co

El género *Piper* es uno de los linajes más grandes de angiospermas y un grupo dominante en el sotobosque de bosques tropicales de América y Asia. Llevamos varias décadas dedicados al estudio de este interesante grupo, a principios de 2000 produjimos una filogenia global que ha servido para realizar varios trabajos más enfocados en varios subgéneros y además ha apoyado estudios de ecología y evolución. Por un lado, investigaciones en el subgénero *Ottonia* nos permitió evaluar la importancia relativa de la ecología y la geografía en la diversificación del género. Estudios en *Schilleria*, han constatado que hay una gran diferenciación entre poblaciones. Exploraciones en *Enckea* nos han permitido dilucidar los patrones de biogeografía a lo largo de los Neotrópicos. Y análisis de *Radula* nos recuerdan que tan lejos estamos de entender el género y la necesidad de nuevas herramientas. Por otro lado, el uso de la filogenia molecular para entender la importancia de la química y la morfología en la diversificación y ecología de *Piper* ha sido clave. En dos décadas de estudios colaborativos hemos adelantado mucho sobre el conocimiento de este singular grupo y ampliando nuestro grupo de colaboradores cada vez tenemos una visión más integral de su biología.

MORFOLOGÍA FLORAL, ESTRUCTURA GENÉTICA Y SISTEMA DE APAREAMIENTO DE ANTHURIUM PANDURIFORME Y ANTHURIUM CAUCANUM EN UN GRADIENTE ALTITUDINAL.

DEISY JOHANNA MORENO BETANCUR

Instituto de Biología, Universidad de Antioquia, Medellín

LEÓN HUMBERTO HOYOS SERNA

Instituto de Biología, Universidad de Antioquia, Medellín

MARIBEL HERRERA PALMA

Instituto de Biología, Universidad de Antioquia, Medellín

SANDRA E. CUARTAS HERNÁNDEZ

Instituto de Biología, Universidad de Antioquia, Medellín

Email: dejoha0224@yahoo.es; scuartashdez@gmail.com

Los gradientes altitudinales son un excelente escenario para evaluar las respuestas ecológicas de los organismos a las influencias ambientales. Comúnmente, se ha reportado una disminución en la diversidad, abundancia y actividad de insectos polinizadores con un incremento en la altitud. El déficit de polinizadores para poblaciones de plantas puede resultar en incremento en la frecuencia de autofertilización, incremento de la propagación clonal o extinción poblacional. En particular, se evaluó la hipótesis de un aumento en la tasa de autofertilización y en la proporción polen:óvulo con un incremento de la altitud como estrategia de garantía reproductiva, en respuesta a la disminución en la abundancia de insectos visitantes florales. Así mismo, la estructura genética entre poblaciones puede afectarse como resultado de la interacción con los insectos polinizadores. Para evaluar las hipótesis se analizaron los individuos pertenecientes a dos especies del género *Anthurium* con características florales contrastantes, *Anthurium panduriforme* y *Anthurium caucanum*, distribuidas a lo largo de un gradiente de elevación entre los 2200 hasta los 2900 msnm. La estructura genética entre poblaciones y diversidad genotípica fue evaluada mediante el uso de cinco loci microsatélites para la genotipificación de individuos adultos. La tasa de entrecruzamiento se estimó usando análisis genéticos de la progenie y de las plantas madres. Los resultados sugieren que *A. panduriforme* es xenogama obligada, en contraste *A. caucanum* presenta un sistema de apareamiento mixto con predominio de xenogamia y alta clonalidad, lo cual sugiere que cada especie responde de manera adaptativa, variando sus características morfológicas y ecológicas dependiendo de las condiciones en el contexto biótico y abiótico en cual ocurre la polinización.

TAXONOMÍA DE LA SUBTRIBU COLUMNNEINAE (GESNERIACEAE) DEL QUINDÍO A PARTIR DEL POLEN

YENNIFER RAMOS

Programa de Biología, Universidad del Quindío

LARRI ÁLVAREZ RODAS

Maestría en Ciencias Biología Vegetal, Universidad del Quindío

CARLOS ALBERTO AGUDELO H

Maestría en Ciencias Biología Vegetal, Universidad del Quindío

Email: ygesneriaceae@gmail.com

La Subtribu Columneinae corresponde a la tradicional tribu Episcieae Hanst. (1854), esta subtribu es considerada la más diversa de Gesneriaceae, con 26 géneros, siendo morfológicamente una alianza heterogénea, con una alta proporción de epifitas. Se restringe al neotrópico y se caracteriza por flores axilares derivadas, ovario súpero y la mayoría de los miembros. Se efectuó la Taxonomía de la subtribu Columneinae a partir de los caracteres micromorfológicos de los granos de polen, lo cual permitió determinar la composición y distribución geográfica de las especies para el Quindío. Se realizaron salidas de campo a cada municipio y se tomaron muestras de botones florales, los cuales fueron procesados bajo la técnica de acetólisis y analizados mediante MEB y MO. Para precisar la taxonomía se revisaron las colecciones Biológicas del HUQ y de COL, así como literatura especializada sobre la familia y bases de datos internacionales. Se encontró que de los 32 géneros de Gesneriaceae que posee Colombia, la subtribu Columneinae está representada en el Quindío por 5 géneros y 21 especies: *Alloplectus* (3 especies), *Columnnea* (8 especies), *Drymonia* (4 especies), *Glossoloma* (4 especies) y *Nautilocalyx* (1 especie). Se amplió el ámbito de distribución para *Alloplectus inflatus*, *Columnnea colombiana*, *Columnnea dimidiata*, *Columnnea ericae*, *Drymonia lanceolata*, *Glossoloma tetragonum* y *Nautilocalyx panamensis*.

La subtribu está presente en todos los Municipios del departamento con al menos una especie. Se registraron entre los 900 y 3400 msnm, siendo más diversa en la franja entre los 1500 y 2500 m. Los granos de polen variaron de tamaños pequeños a medios, isopolares, con ámbitos que oscilaron desde subcircular, circular y subtriangular; así como gran variedad en sus formas, presentándose granos subprolados, prolado-esferoidales, esferoidales y oblado-esferoidales, de esta manera, se evidenció el carácter europolínico de la familia Gesneriaceae, ya que los granos de polen evaluados presentaron caracteres que permiten diferenciar los granos de polen de los géneros de la subtribu Columneinae.

UN NUEVO SUBFILO DENTRO DE LAS ALGAS ROJAS ES DEFINIDO POR GENOMAS PLASTÍDICOS DIVERGENTES Y MASIVAMENTE EXPANDIDOS.

S. A. MUÑOZ-GÓMEZ

Centre for Comparative Genomics and Evolutionary Bioinformatics, Department of Molecular Biology, Dalhousie University, Halifax, Nova Scotia, B3H 4R2; Canada.

F. G. MEJÍA-FRANCO

Facultad de Ciencias y Biotecnología, Universidad CES, Medellín, Antioquia, Colombia.

K. DURNIN

Centre for Comparative Genomics and Evolutionary Bioinformatics, Department of Molecular Biology, Dalhousie University, Halifax, Nova Scotia, B3H 4R2; Canada.

M. COLP

Centre for Comparative Genomics and Evolutionary Bioinformatics, Department of Molecular Biology, Dalhousie University, Halifax, Nova Scotia, B3H 4R2; Canada.

GRISDALE, C. J.

Centre for Comparative Genomics and Evolutionary Bioinformatics, Department of Molecular Biology, Dalhousie University, Halifax, Nova Scotia, B3H 4R2; Canada.

ARCHIBALD, J. M.

*Centre for Comparative Genomics and Evolutionary Bioinformatics, Department of Molecular Biology, Dalhousie University, Halifax, Nova Scotia, B3H 4R2; Canada.
Canadian Institute for Advanced Research, Toronto, Ontario, Canada.*

SLAMOVITS, C. H.

E-mail: fgmejia@gmail.com

Las algas rojas son descendientes directos de los primeros eucariotas fotosintéticos y los genomas de sus plastos se han distinguido por poseer características ancestrales, por ser evolutivamente estables y por poseer una organización genómica compacta de genes que evolucionan en tasas relativamente lentas, posicionándolas como modelos ideales para elucidar la evolución temprana de los plastos y sus genomas. Sin embargo, su muestreo a nivel genómico ha sido bastante limitado al enfocarse principalmente en las clases Bangiophyceae, Florideophyceae y Cyanidiophyceae. En este estudio se secuenciaron seis nuevos genomas plastídicos de las clases Stylonematophyceae, Compsopogonophyceae, Rhodellophyceae y Porphyridiophyceae, con el interés principal de ampliar el estado de conocimiento sobre diversidad genómica y elucidar las relaciones evolutivas dentro del filo Rhodophyta.

Las extracciones de DNA total se hicieron a partir de cultivos. La anotación inicial se hizo con DOGMA y los genes codificantes de proteínas se anotaron manualmente por BLAST. Los análisis filogenéticos comprendieron un set de datos de 170 genes para 37 algas rojas y cinco algas verdes, así como un segundo set de datos que comprendió 106 genes y 91 terminales incluyendo plastos rojos secundarios. Los análisis de máxima verosimilitud (ML) fueron realizados usando IQ-TREE 1.5.0 y los árboles de inferencia bayesiana fueron hechos usando Phylobayes MPI 1.7. Los análisis filogenéticos revelaron que estas cuatro clases de algas se agrupan en un nuevo grupo monofilético, *Euryrhodophytina subfilo nov.*, mejorando la resolución a gran escala de las relaciones entre filo Rhodophyta y que el origen de los plastos rojos secundarios pudo haber ocurrido antes de la diversificación de las algas rojas mesofíticas modernas. Además, este trabajo reporta el genoma plastídico más grande reportado hasta ahora, el genoma plastídico más rico en intrones y revela un grado de diversidad sin precedentes dentro de las algas rojas.

AVANCES EN EL CONOCIMIENTO TAXONÓMICO DEL GÉNERO *PERSEA* MILL. PARA COLOMBIA Y SUS IMPLICACIONES PARA LA SISTEMÁTICA DE LAURACEAE.

CAMILO SÁNCHEZ

Universidad de Antioquia

HENK VAN DER WERFF

Missouri Botanical Garden

RICARDO CALLEJAS

Universidad de Antioquia

JUAN CARLOS PENAGOS-ZULUAGA

Forestry and Environmental school - Yale University

Email: juan.sanchez6@udea.edu.co, henk.Vanderwerff@mobot.org,
callejas542004@yahoo.com, juan.penagoszuluaga@yale.edu

Previo a la realización de este trabajo, el único estudio con aplicación global para las especies de *Persea* Mill. en el territorio colombiano databa de 1966, hecho por Lucille Kopp en su revisión de las especies de *Persea* para el Nuevo Mundo. La información desactualizada, disgregada y con aplicación parcial para nuestro país, así como el enorme incremento en número de especímenes en los diferentes herbarios, justificaban la realización de una investigación taxonómica para *Persea*. Previo a la realización de este trabajo, este género se encontraba compuesto por 17 especies para el territorio colombiano. Luego de una exhaustiva revisión y recopilación bibliográfica y de especímenes tipo (generalmente imágenes de alta resolución alojadas en internet), además de la visita y/o examen de ejemplares de diferentes herbarios (HUA, MEDEL, JAUM, FMB, COAH, FAUC, CUVC, ICESI, CAUP, PSO y MO) se han podido reconocer por lo menos 30 especies para *Persea* en Colombia, entre ellas 11 nuevas para la ciencia y 3 nuevos registros para el país. El desfase numérico entre registros anteriores y el número de especies actualizado surge además, de la no aceptación de algunas especies para el país, cuyo registro previo se basó en especímenes erróneamente identificados. El trabajo monográfico incluye descripciones morfológicas y una clave dicotómica que permite separar e identificar a cada una de las especies de *Persea* en el territorio nacional, además de imágenes digitales en alta resolución de los especímenes de referencia y con especial énfasis en los caracteres diagnósticos para algunas de ellas, especialmente para las especies nuevas.

Esta investigación constituye el primer tratamiento taxonómico para el género *Persea* y de género alguno de Lauraceae enfocado en Colombia. Asimismo, los avances conseguidos en la presente investigación taxonómica son enmarcados dentro de los recientes estudios filogenéticos para el género *Persea* y la familia Lauraceae, permitiendo entender la histórica complejidad taxonómica reconocida para la familia, dada la elucidación sobre la inestabilidad de caracteres estaminales a lo largo del ensamblaje filogenético, los cuales han sido históricamente seleccionados como de mayor importancia para separar géneros dentro de Lauraceae. Es así, como es sumada evidencia sobre la presencia de *Phoebe* y *Alseodaphne* para Colombia, y en general para América Tropical, los cuales han sido géneros cuya gran mayoría de especies ha sido reportada para el sudeste asiático. Son discutidas las causas de haber obviado esto durante largo tiempo, así como las posibles implicaciones para el estudio taxonómico y filogenético de la familia Lauraceae a nivel global.

EVOLUCIÓN DE LA RED GENÉTICA DE FRUTOS CON ÉNFASIS ESPECIAL EN LOS GENES BHLH DE IDENTIDAD DE LA ZONA DE DEHISCENCIA

NATALIA PABÓN MORA

Universidad de Antioquia, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Instituto de Biología

CLARA ORTÍZ RAMIREZ

Universidad de Antioquia, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Instituto de Biología

CECILIA ZUMAJO-CARDONA

The New York Botanical Garden (NYBG)

MARCO ANTONIO GIRALDO

Universidad de Antioquia, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Instituto de Física

CRISTINA FERRANDIZ

Consejo Superior de Investigaciones Científicas CSIC, UPV.

BARBARA AMBROSE

The New York Botanical Garden (NYBG)

Email: lucia.pabon@udea.edu.co

El desarrollo de frutos en *Arabidopsis thaliana* está controlado por siete factores de transcripción. *FRUITFULL* (*FUL*) responsable de la división de la pared del fruto; *REPLUMLESS* (*RPL*) que controla la formación del replum; *SHATTERPROOF* (*SHP1/2*), que como resultado de la acción antagónica entre *FUL* y *RPL* se restringen a la zona de dehiscencia; *INDEHISCENT* (*IND*), responsable de formar la capa de células lignificada; *ALCATRAZ* (*ALC*) y *SPATULA* (*SPT*), que controlan de manera redundante la identidad de la capa no lignificada; y *APETALA2* (*AP2*), un regulador negativo de toda la red. Estos genes pertenecen a distintas familias, *FUL* y *SHP* son genes MADS-box, *IND*, *ALC* y *SPT* son factores bHLH, *RPL* es un gen HOX y *AP2* pertenece a la familia AP2/ERF. Con el fin de identificar los componentes de esta red genética que están conservados en angiospermas, estudiamos la evolución de cada una de estas familias de genes involucradas en el desarrollo del fruto. Nuestros resultados muestran que: (1) la mayoría de los duplicados de los genes MADS-box se mantienen independientemente en monocotiledóneas, eudicotiledóneas basales y centrales; (2) los genes bHLH, *SPT* y *ALC* son exclusivos de eudicotiledóneas centrales, mientras que los genes *paleoSPT/ALC* se encuentran en todas las plantas no- eudicotiledóneas; (3) los ortólogos de *IND* son exclusivos de Brassicaceae, mientras proteínas *HECATE3* están presentes en todas las demás plantas con flor; (4) los homólogos de *AP2* están presentes en todas las angiospermas, y hay duplicaciones específicas de esta familia en Brassicaceae resultando en los genes *TOE3*; y (5) los genes *RPL*, se han mantenido de copia única en la mayoría de angiospermas.

Con el propósito de entender la evolución de genes específicos de la zona de dehiscencia, estudiamos la expresión y función de genes bHLH, *ALC* y *SPT* en Solanaceae (eudicotiledónea central) y Papaveraceae (eudicotiledonea basal). En Solanaceae los genes *ALC* y *SPT* se expresan en estambres, carpelos, frutos y hojas en *Nicotiana obtusifolia*, *Capsicum annuum* y *Solanum lycopersicum*. Datos funcionales de *N. obtusifolia* y *C. annuum* muestran que *SPT* y *ALC* juegan roles redundantes en pigmentación de hojas, fusión de pétalos y desarrollo de fruto. Específicamente parecen estar regulando negativamente la lignificación, independientemente de si estos frutos son cápsulas (i.e. *Nicotiana*) o bayas (i.e. *Capsicum*). Evidencia adicional de la función conservada de estos genes en la especificación de la zona de dehiscencia viene de la expresión de los genes pre-duplicación *paleoSPT/ALC* en *Bocconia frutescens* (Papaveraceae). En conjunto, nuestros datos comparativos muestran que los genes *SPT* y *ALC* han sufrido sub-funcionalización en Brassicaceae y han mantenido redundancia funcional en Solanaceae. Finalmente proponemos que los genes *SPT* y *ALC* han sido co-optados en la pigmentación de la hoja exclusivamente en Solanaceae.

THE RAPID EVOLUTIONARY RADIATION OF THE ZINGIBERALES: SUPPORT FROM GENOMIC DATA

W. JOHN KRESS

Department of Botany, National Museum of Natural History, Smithsonian Institution, Washington, D.C., United States of America

Email: kressj@si.edu; carlsenm@si.edu

The evolutionary relationships of the eight families of the tropical order Zingiberales has been debated by taxonomists for decades. Well-supported reconstructions have been especially problematic among the basal branches (the “Banana Families”) due to an early rapid evolutionary radiation. Nearly every possible topological arrangement for these lineages has been proposed and defended with anatomical, morphological, DNA sequence, and genomic data. Previous investigations have suffered in part from the lack of adequate generic sampling within families and the use of a limited number of genetic markers, mostly plastid loci. A genomic data set of 1,180 orthologous nuclear loci (all longer than 960 bp) and 78 coding regions from the plastome were used in both a concatenated data matrix analyzed using ExaML and as individual gene trees merged using a coalescent framework in ASTRAL to recover one topology. The single topology is composed of two primary clades, which diverged early in the evolution of the order. One clade, the “Ginger Families,” includes (Costaceae + Zingiberaceae) (Marantaceae + Cannaceae) and has been well-resolved and well-supported in all previous studies. The other primary clade, the “Banana Families” (Musaceae (Heliconiaceae (Labiatae + Strelitziaceae))), has until now never been strongly supported as a monophyletic group. However, in these analyses other topologies were also recovered, although with somewhat lower support. The multiple topologies recovered among these basal lineages suggest that even large amounts of genomic data will never fully resolve relationships and that this lack of resolution strongly suggests an explosive quadri-chotomous radiation towards the end of the Cretaceous, perhaps driven by pollinator selection.

EVALUACIÓN DE UN POSIBLE COMPLEJO CRÍPTICO DE ESPECIES EN *GAIADENDRON PUNCTATUM* (RUIZ & PAV.) G. DON. A PARTIR DE CARACTERES MOLECULARES Y MORFOLÓGICOS.

ISABEL CARMONA GALLEGO

Universidad de Antioquia, Instituto de Biología, Grupo de Estudios Botánicos

FERNANDO ALZATE GUARÍN

Universidad de Antioquia, Instituto de Biología, Grupo de Estudios Botánicos

MAILYN GONZÁLEZ HERRERA

Instituto Alexander von Humboldt, Laboratorio de Genética de la conservación

E-mail: isabelcg04@gmail.com

Gaiadendron punctatum (Ruiz & Pav.) G. Don. es una especie que presenta una amplia distribución geográfica a nivel mundial, encontrándose desde Nicaragua hasta Bolivia y exhibe además una alta variación morfológica. Con el fin de evaluar si dicha variación puede estar evidenciando la ocurrencia de varias especies, se realizó un análisis morfológico y molecular para *G. punctatum*, donde el análisis morfológico fue hecho mediante diversas exploraciones de campo en localidades de las dos cordilleras del departamento de Antioquia bajo la revisión de colecciones de herbario e incluyendo caracteres foliares y florales; el análisis molecular fue realizado mediante códigos de barras de ADN usando dos regiones cloroplastídicas trnL y trnH-psbA. Además se construyeron árboles filogenéticos con las regiones, por separado y con una matriz concatenada. Se estimaron las distancias inter e intraespecíficas para *G. punctatum* y otras especies de la familia Loranthaceae. Los caracteres morfológicos revisados permitieron la descripción de tres morfotipos diferenciables por el color de su corola; sin embargo, estos morfotipos no fueron recuperados por el análisis molecular como diferentes clados. La ocurrencia de los tres morfotipos en las cordilleras Occidental y Central de Antioquia, es de forma simpátrica; se encontró una alta variación intraespecífica con la región trnH-psbA para *G. punctatum* comparada con los valores obtenidos para otros clados de Loranthaceae. La hipótesis de una ocurrencia de diferentes especies en *Gaiadendron punctatum* no es soportada por los resultados morfológicos y moleculares obtenidos. Sin embargo, la variación de algunos caracteres florales de este taxón podría estar relacionada con la atracción de diferentes polinizadores para el área de estudio, esto promovería una etapa inicial de aislamiento reproductivo, lo cual conllevaría a un fenómeno de especiación. De las dos regiones cloroplastídicas utilizadas en este estudio, fueron más informativas las secuencias de *trnH-psbA* que las secuencias de *trnL*. Sin embargo, el uso de regiones nucleares podría favorecer una mayor resolución a nivel intraespecífico.

HACIA UN ENTENDIMIENTO DE LAS HOMOPLASIAS MORFOLÓGICAS DE INFLORESCENCIAS Y FLORES ENTRE LAS LORANTHACEAE DEL NUEVO Y DEL VIEJO MUNDO.

FAVIO GONZÁLEZ

*Universidad Nacional de Colombia, Facultad de Ciencias, Instituto de Ciencias Naturales,
Bogotá*

NATALIA PABÓN-MORA

Universidad de Antioquia, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Instituto de Biología

Email: fagonzalezg@unal.edu.co

Con ca. 77 géneros y 950 especies hemiparasíticas, las Loranthaceae constituyen la familia más exitosa y diversa del orden Santalales. Las flores en la familia presentan un plan floral extremadamente variable en términos de forma, tamaño, y síndromes de polinización. Los análisis filogenéticos más recientes basados en datos moleculares han detectado varios caracteres morfológicos homoplásicos, especialmente entre clados del Viejo y del Nuevo mundo. El objetivo de este estudio es explorar en detalle los rasgos del desarrollo y morfológicos de los taxones del Nuevo mundo (NM) que superficialmente parecieran ser homoplásicos con aquellos presentes en el Viejo mundo (VM). Estos rasgos son específicamente: la reducción de los dicasios a flores solitarias (ej. NM *Peristethium* y *Tristerix* versus VM *Dendrophthoe*); la adquisición de flores unisexuales (ej. NM *Passovia* y *Peristethium* versus VM *Loranthus*); la reducción en el tamaño floral acompañado de cambios en el polinizador (ej. NM *Passovia* polinizados por insectos y *Psittacanthus* polinizados por aves versus VM *Loranthus* polinizados por insectos y *Lepeostegeres* polinizados por aves); la corola fenestrada durante la antesis (ej. NM *Tristerix* versus VM *Actinanthella*); los pétalos ligulados (ej. NM *Psittacanthus* y *Ligaria* versus VM *Plicosepalus*); las anteras polisporangiadas (ej. NM *Aetanthus* versus VM *Amyema*); y la cleistogamia (ej. NM *Aetanthus* versus VM *Helixanthera*). Nuestros resultados indican que, aunque superficialmente similares, la mayoría de estos caracteres homoplásicos exhiben diferencias en términos de las vías de desarrollo y sus caracteres morfoanatómicos.

REVISIÓN TAXONÓMICA DE *ERYTHROXYLUM* L. (ERYTHROXYLACEAE) PARA COLOMBIA

YAM MELLISSA PINEDA TORRES

*Laboratorio de Botánica, Departamento de Ciencias Biológicas, Universidad de los Andes, Bogotá
D.C. Colombia*

ORLANDO ADOLFO JARA-MUÑOZ

*Laboratorio de Botánica, Departamento de Ciencias Biológicas, Universidad de los Andes, Bogotá
D.C. Colombia*

ORLANDO RIVERA DÍAZ

Instituto de Ciencias Naturales, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá D.C., Colombia.

Email: ym.pineda1737@uniandes.edu.co

Erythroxyllaceae incluye cuatro géneros y cerca de 250 especies, distribuidas en las regiones tropicales a sub-tropicales de tierras bajas de todo el mundo. El género *Erythroxyllum* incluye cerca de 240 especies, tiene la misma distribución global de Erythroxyllaceae, y es el único género de la familia presente en América. Se presenta el tratamiento taxonómico de las especies de la familia Erythroxyllaceae que se encuentran en Colombia. Se realizó la descripción morfológica de cada una de las especies de Erythroxyllaceae presentes en Colombia, realizando para esto la revisión de especímenes botánicos en los principales herbarios nacionales e internacionales. Se llevó a cabo la evaluación del estado de conservación para cada especie, según los criterios de la IUCN. Se realizaron mapas de distribución para cada especie, y se ilustraron las especies que no contaban con ilustraciones previas. Así mismo, se presenta una clave dicotómica para diferenciar las especies presentes en Colombia, con base en caracteres reproductivos y vegetativos. Para Colombia se registraron 43 especies de *Erythroxyllum*, de las cuales seis son endémicas, las cuales están principalmente restringidas a valles interandinos. Algunas de las novedades taxonómicas incluidas en esta revisión incluyen el cambio al estatus de especie para la variedad *Erythroxyllum macrophyllum* var. *savannarum*, con base en evidencia molecular y morfológica, la inclusión de *Erythroxyllum macrophyllum* var. *macrochenemium* dentro de la sinonimia de *E. macrophyllum* var. *macrophyllum* y la descripción de una especie nueva, endémica del valle seco del río Chicamocha. El presente trabajo representa un avance considerable en el conocimiento de este grupo de plantas en el país, y se espera que sea útil para facilitar la identificación de las especies.

ESTUDIOS ESTRUCTURALES Y ONTOGENÉTICOS EN SEMILLAS DE ESPECIES DEL GÉNERO *PAULLINIA* L. (SAPINDACEAE)

SANDRA OBANDO

Universidad de La Guajira

PEDRO ACEVEDO-RODRÍGUEZ

Smithsonian Institution

SANDRA CARMELLO-GUERREIRO

Universidad Estadual de Campinas

E-mail: sandraobandop@gmail.com; shobando@uniguajira.edu.co

El género *Paullinia* L. pertenece a la familia Sapindaceae y ocurre en regiones del Neotrópico, distribuidas desde México hasta el nordeste de Argentina con aproximadamente 200 especies (Ferrucci 1991). Una característica notable de las especies, que promueve la dispersión, es el contraste que presenta el fruto rojo en dehiscencia con la semilla negra y una estructura blanca que la rodea. La estructura carnosa blanca en *Paullinia*, y en otros géneros de la familia Sapindaceae, ha originado diversas interpretaciones y denominaciones. En las descripciones de las especies de *Paullinia*, Radlkofer (1892- 1900, 1931-1934) denominó esa estructura como arilo o arilo adnado (sarcotesta). Corner (1976) afirmó que *Paullinia* tiene especies con un arilo libre, un arilo adnado o sarcotesta y otras “perdiendo” esos caracteres. Van der Pijl (1955, 1957) al estudiar especies de *Paullinia* denominó a la estructura carnosa de arilodio o sarcotesta parcial. Milanez (1959) & Mendonça et al. (1992) describieron la estructura carnosa en *Paullinia cupana* L. como arilodio. Weckerle & Rutishauser (2005) utilizaron en su estudio el termino general de arilo para los crecimientos carnosos producidos por algunas regiones de la superficie de la semilla del género. Obando (2006, y en prep.) determinó en los estudios ontogenéticos en la semilla en *Paullinia trigonia* Vel., que la estructura carnosa es una sarcotesta parcial y en la semilla de *Paullinia carpopodea* Cambess una sarcotesta total. A partir de estos estudios iniciales de donde derivan las diferentes partes que constituyen la semilla, se seleccionaron especies adicionales del género para determinar cómo se constituyen estructuralmente estas semillas. El material vegetal fue colectado en áreas de mata atlântica, floresta amazónica, restinga, cerrado, en los Estados de Amazonas, Bahia, Paraná, Rio de Janeiro y São Paulo, Brasil. Se seleccionaron individuos con frutos en dehiscencia y semillas maduras de especies del género *Paullinia* que presentan frutos en cápsulas ápteras y cápsulas aladas pertenecientes a cinco de las trece secciones infragenéricas establecidas por Radlkofer. (1931-1934).

El material de estudio constó de botones, flores, frutos y semillas en diversas fases de desarrollo. El material colectado fue fijado en FAA (Johansen 1940), mantenido en bomba de vacío por 24 horas y almacenado en alcohol etílico 70%. Óvulos y semillas en diferentes fases de maduración fueron incluidos en resina plástica y seccionados en micrótopo y las secciones coloreadas con Azul de Toluidina 0,05% en tampón citrato. Los resultados indican que para las especies estudiadas el óvulo es bitegmentado. El micrópilo proviene del tegumento interno formando el endóstomo, con un poro estrecho y recto. El tegumento externo no participa de la formación del micrópilo en ninguna de las fases de desarrollo del óvulo. Un grupo de células meristemáticas se localiza en el tegumento externo y la calaza en la región de la prerafe y rafe. La diferenciación de la región meristemática del tegumento externo sucede después de la fertilización, la cual se relaciona con la formación y desarrollo del embrión y endospermo. Visibles en las primeras fases pos-antesis, la mesotesta y endotesta presentan la formación del primordio meristemático en la región debajo del micrópilo, en la prerafe. Algún mecanismo detiene esa diferenciación en la región antirafe, donde inmediatamente la testa comienza a diferenciar en exotesta y mesotesta. En la región de la prerafe y rafe, a partir de la exotesta y mesotesta se origina el tejido carnoso denominado sarcotesta, constituido por células parenquimáticas grandes con granos de almidón e idioblastos que contienen compuestos fenólicos. La esclerotesta es el tejido lignificado debajo de la sarcotesta y es compuesto de células esclerenquimáticas tipo esclereídes, proveniente de la endotesta. La exotesta se compone de un único estrato palizádico rígido y con aproximadamente 10 a 15 capas de células parenquimáticas de paredes gruesas, con abundantes compuestos fenólicos se forma debajo la mesotesta. Del tegumento externo y paquicalaza en la región de la prerafe y rafe, derivan la sarcotesta y esclerotesta. Del tegumento externo en la antirafe proviene la exotesta y mesotesta. El tegumento interno se diferencia en tegmen formando la estructura característica en Sapindaceae denominada "radicle pocket" o bolsa radicular que funciona como protectora de la radícula antes y después de la germinación. El funículo y obturador no participan de la formación de la sarcotesta. Los tejidos de la cubierta seminal son formados después de la fecundación. La madurez de la cubierta seminal concluye cuando el endospermo es consumido y el embrión está totalmente formado. Las diferentes partes de la cubierta seminal en conjunto forman una unidad de atracción para la dispersión y alternativamente son capas mecánicas y protectoras de la semilla, además de cumplir un papel fundamental en los procesos de hidratación, dormancia y germinación debido a diversos compuestos principalmente contenidos de granos de almidón y compuestos fenólicos en las células tegumentarias. Las semillas de las especies estudiadas presentan un "patrón" morfológico y ontogenético similar con otras especies estudiadas miembros del género *Paullinia*, aunque aparentemente exhiban una estructura carnosa envolviendo casi o totalmente su superficie y una testa reducida que indica otro patrón ontogenético diferente. Este estudio aclaró que del tegumento externo provienen la exotesta y mesotesta y del tegumento externo y paquicalaza derivan la sarcotesta y mesotesta. Esos tejidos no tienen origen funicular ni surgen desde el mismo lugar que el obturador. El desarrollo de la sarcotesta y esclerotesta es estimulado por la fertilización y completado cuando hay un consumo total del endospermo.

APLICACIONES DE LA FILOGENÓMICA EN LA SISTEMÁTICA DE MONOCOTILEDÓNEAS

ALEJANDRO ZULUAGA

Universidad del Valle

Email: zuluaga.alejandro@correounivalle.edu.co

La posibilidad de obtener gran cantidad de datos moleculares gracias a las plataformas de secuenciación de próxima generación ha creado nuevas perspectivas en el estudio de la sistemática y evolución. Con estos datos se han revisado hipótesis previas de relaciones filogenéticas y se ha impulsado el desarrollo de nuevos modelos y herramientas para la reconstrucción de filogenias. Recientemente hipótesis de las relaciones de varios órdenes y familias de monocotiledóneas han sido re-evaluadas con datos de secuenciación de próxima generación. Dos fuentes principales de datos moleculares han sido usadas en estos casos, plastomas o secuencias nucleares, (i.e. transcriptomas o secuenciación dirigida). Análisis de cerca de 75 regiones codificantes del plastidio generaron nuevas hipótesis filogenéticas en el orden Liliales y la familia Orchidaceae, y las bases para el estudio de la biogeografía de estos grupos a una escala global, soportando un origen en el hemisferio sur en ambos casos. Por otro lado, secuenciación dirigida está siendo usada para generar estudiar la sistemática de la familia Araceae. En este caso se analizaron más de 200 genes nucleares para 20 especies de la familia Araceae, y se produjeron una nueva hipótesis filogenética (en comparación con la también reciente hipótesis basada en plastomas), y una re-evaluación de la evolución morfológica de la familia.

APUNTES SOBRE LA SISTEMÁTICA Y ECOLOGÍA DE MAGNOLIAS NEOTROPICALES

MARCELA SERNA GONZÁLEZ

Tecnológico de Antioquia

ANTONIO VÁZQUEZ GARCÍA

Institución Universitaria y Universidad de Guadalajara

ÁLVARO COGOLLO PACHECO

Jardín botánico de Medellín Joaquín Antonio Uribe

E-mail: msernag@gmail.com, jvazquez@cucba.udg.mx

La clasificación de Magnoliaceae ha sido controversial, especialmente a nivel de género y demás categorías infragenéricas. En la actualidad, existen aproximadamente cerca de 130 especies de Magnolia en el Neotrópico, todas pertenecientes al subgénero Magnolia y a las secciones Macrophylla, Talauma y Cubenses. Recientemente México, con cerca de 40 especies es el país con mayor número de especies neotropicales, seguido por Colombia con 36 especies descritas. De acuerdo con la última clasificación propuesta para Magnolia en el neotrópico, las especies colombianas pertenecen a dos secciones de la sección Talauma y recientemente se ha propuesto una más que comprende las especies distribuidas en el Chocó Biogeográfico. Con respecto a su ecología y estado de conservación, estas especies generalmente se caracterizan por presentar una distribución geográfica restringida y poblaciones con pocos individuos y aisladas entre sí. En Colombia por ejemplo, la mayoría de las especies se encuentran seriamente amenazadas, especialmente por la explotación de sus maderas y la fragmentación de sus hábitats y por eso fueron escogidas como grupo piloto para implementar la estrategia nacional de conservación de plantas. Poco se sabe sobre la ecología de estas especies. En algunos casos las poblaciones se ven afectadas por la cosecha de las flores o el aborto masivo de las mismas. Muchas de ellas exhiben un bajo reclutamiento de plántulas, lo cual sugiere que la fragmentación de los bosques puede afectar la reproducción de las mismas. En algunos casos, la formación de frutos es muy escasa a pesar de una producción constante de flores no todas las especies presentan una alta germinación de sus semillas. El objetivo de esta presentación es mostrar la más reciente clasificación de las magnolias del neotrópico con énfasis en las especies colombianas, así como algunos aspectos sobre su ecología.

REVISIÓN TAXONÓMICA DE LAS ESPECIES DEL GÉNERO *BEGONIA* L. (BEGONIACEAE), EN EL DEPARTAMENTO DE BOYACÁ-COLOMBIA.

JUAN CARLOS ZABALA RIVERA

Universidad Pedagógica y Tecnológica de Colombia.

ORLANDO ADOLFO JARA MUÑOZ

Universidad de los Andes.

E-mail: jzabalarivera@gmail.com

El género *Begonia* incluye cerca de 1825 especies, siendo uno de los géneros más grandes dentro de las Angiospermas. *Begonia* es altamente diverso en ambientes bien conservados, en bosques montanos tropicales húmedos de montaña, principalmente de Asia y América. Se presenta la revisión taxonómica del género *Begonia*, para el departamento de Boyacá-Colombia. Para el desarrollo de esta revisión taxonómica se revisaron los especímenes de *Begonia* recolectados en Boyacá, depositados en los herbarios: COL, UPTC y FMB, así como las bases de datos de herbarios internacionales. Basados en la información obtenida durante la revisión de herbario, se realizaron salidas de campo a diferentes localidades del departamento, con el fin de complementar la información disponible. Se realizaron mapas con la distribución para cada una de las especies y el grado de amenaza según los criterios establecidos por la UICN. Se registraron 22 especies, de las cuales cuatro son nuevas para la ciencia, y tres corresponden a nuevos registros para el departamento. Las nuevas especies habitan en la región de Guanentá, las faldas orientales del páramo de Tota-Bijagual, especies con distribuciones altamente restringidas, categorizadas todas en peligro o peligro crítico. La mayor diversidad en el departamento se registra en la franja altitudinal entre 800 a 1400 m, que comprende buena parte de los bosques de niebla, y está representada principalmente por especies de las secciones *Casparya* y *Ruizopavonia*. En esta misma franja se presenta la mayor cantidad de especies endémicas (8), en tanto que en las zonas bajas las especies son generalmente de amplia distribución. Este trabajo permitirá aportar bases para el conocimiento de la morfología hábitat y distribución de las especies del género *Begonia*, que pueden ayudar en la implementación de estrategias para la conservación de las especies y de los ecosistemas que habitan.

ÍNDICE DE AUTORES

A

Agudelo-Henao, Carlos Alberto 24, 28
Álvarez Rodas, Larri 24, 28
Alzate-Guarín, Fernando 37
Alzate-Restrepo, Juan Fernando 22
Ambrose, Barbara 34
Archibald, J.M. 30
Atchinson, Guy 14

C

Callejas, Ricardo 26, 32
Carmello-Guerreiro, Sandra 40
Carmona-Gallego, Isabel 37
Clark, John L. 19
Clavijo, Laura 19
Cogollo-Pacheco, Álvaro 43
Comita, Liza 17
Contreras-Ortiz, Natalia 14
Cuartas-Hernández, Sandra 27
Colp, M 30

D

Donoghue, Michael 10, 12, 17
Durnin, K 30

F

Ferrandiz, Cristina 34

G

Giraldo, Marco Antonio 34
González, Favio 38
González-Herrera, Mailyn 37
Gridale, C. J. 30

H

Herrera-Palma, Maribel 27
Hughes, Colin 14
Hoyos-Serna, León Humberto 27

J

Jara-Muñoz, Orlando Adolfo 15, 39, 44
Jaramillo, María Alejandra 26

K

Kress, John W. 8, 34

M

Madrigal-Bedoya, Yesenia 22
Madriñán, Santiago 14, 15
Magallón, Susana 9
Medellín-Zabala, Diana Marcela 16
Mejía-Franco, F. G. 30

ÍNDICE DE AUTORES

Moreno-Betancur, Deisy Johanna 27

Muñoz-Gómez, S. A. 30

O

Obando, Sandra 40

Ortiz-Ramírez, Clara 34

P

Pabón-Mora, Natalia 22, 34, 38

Penagos-Zuluaga, Juan Carlos 17, 32

Pineda-Torres, Yam Melissa 39

Q

Queenborough, Simon 17

R

Ramos, Yennifer 28

Raz, Lauren 16

Richardson, James E. 15

Rivera-Díaz, Orlando 39

Rodríguez-Acevedo, Pedro 40

S

Sánchez, Camilo 32

Serna-González, Marcela 43

Slamovits, C. H. 30

Stevens, Peter

V

Vásquez-García, Antonio 43

W

Van der Werff, Henk 32

Z

Zabala-Rivera, Juan Carlos 44

Zuluaga, Alejandro 42

Zumajo-Cardona-Cecilia 34