

Memorias

2y3 |
AGOSTO
2018

MEDELLÍN
COLOMBIA



2^{do}

**Simposio Colombiano en
Sistemática y Evolución de Plantas**



UNIVERSIDAD
DE ANTIOQUIA

Facultad de Ciencias Exactas y Naturales



Asociación
Colombiana
de Herbarios



Memorias Segundo Simposio Colombiano en Sistemática de Plantas

Agosto 2 y 3
Medellín
2018

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



COMITÉ DE APOYO LOGÍSTICO

- **Alex Espinosa Correa**

Biólogo, Universidad de Antioquia.

- **Angélica Arcila Lopera**

Estudiante de Biología, Universidad de Antioquia.

- **Angy Caro Sánchez**

Estudiante de Biología, Universidad de Antioquia.

- **Diana García Ruenes**

Estudiante de Biología, Universidad de Antioquia.

- **Herber Sarrazola Yepes**

Biólogo, MSc. En Biología, Universidad de Antioquia.

- **Jhon Steven Murillo Serna**

Estudiante de Biología, Universidad de Antioquia.

- **Juan Carlos Franco Tamayo**

Estudiante de Biología, Universidad de Antioquia.

- **Juan Mauricio Posada Herrera**

Biólogo, Candidato a PhD., Universidad del Valle.

- **Manuela Lesmes Díaz**

Estudiante de Biología, Universidad de Antioquia.

ORGANIZAN



CON EL APOYO DE



CONTENIDO

- Building and using the plant tree of life 8
- Impulsores de la diversificación en los helechos leptosporangiados*
- * *Resumen no disponible*
- Mecanismos genéticos del desarrollo de flores y frutos en especies no modelo...9
- Polyploidy and Angiosperm diversification11
- Primer análisis filogenómico de la familia Orchidaceae a partir de genomas mitocondriales y cloroplásticos13
- *Burmeistera* (Campanulaceae: Lobelioideae) en Colombia14
- Utilidad de ITS en estudios filogeográficos utilizando plantas de páramo15
- Análisis de diversidad genética y estructura de las poblaciones del germoplasma de coco en Colombia (*Cocos nucifera* L.)16
- Using herbarium collections to study plant diversity17
- Flujos de trabajo bioinformático para recuperar genes ortólogos con utilidad filogenética en datos generados por Genome skimming: Un ejemplo con datos de la familia Orchidaceae.....18
- Sinopsis de la familia Amaryllidaceae para la flora de Colombia....19
- Phylogenetic structure and turnover of tropical tree communities along an elevational gradient in Tropical Andes.....20
- Evolución de los linajes de genes *RADIALIS* y *DIVARICATA* involucrados en la simetría floral del perianto22
- Los principios de equidad y unicidad en el concepto de especie le dan consistencia a la sistemática filogenética 24
- Evolución de genes *ALCATRAZ/SPATULA* y su rol en la formación de frutos secos y carnosos.....26

CONTENIDO

- Relaciones filogenéticas de las especies neotropicales de *Dennstaedtia*, (Dennstaedtiaceae) inferidas a partir de caracteres morfológicos 28
 - Modelamiento estadístico de áreas de endemismo 29
 - Relaciones filogenéticas de Helechos Neotropicales (Athyriaceae), con la descripción de *Ephemeropteris*, Gen. Nov.*
- *Resumen no disponible
- Ecología de la polinización de *Heliconia mutisiana* Cuatrec. (Heliconiaceae) en la vertiente occidental de la cordillera central de Colombia 30
 - Filogenia, datación molecular y diversificación en monocotiledóneas usando filogenómica de plastomas 32
 - Phylogeny and morphological character evolution in the genus *Boehmeria* Jacq. (Urticaceae): analysis and methodological approach..... 33
 - Teaching the Tree of Life 34
 - Diversidad filogenética de árboles en el Neotrópico en gradientes de elevación 35
 - Avances en el estudio taxonómico de las especies con flores lila de *Solanum* sect. *Torva* Nees (Solanaceae) para Colombia 37
 - Filogenómica de la familia de plantas Orchidaceae: resolviendo ambigüedades filogenéticas 38
 - Índice de autores..... 40

CONFERENCIAS MAGISTRALES



BUILDING AND USING THE PLANT TREE OF LIFE

DOUGLAS E. SOLTIS

Florida Museum of Natural History, University of Florida, Gainesville, FL USA

PAMELA S. SOLTIS

Florida Museum of Natural History, University of Florida, Gainesville, FL USA

e-mail: dsoltis@ufl.edu

The pace of biological discovery is staggering in this era of “big data.” We are at a crucial juncture when it is more important than ever to mobilize and integrate massive amounts of data to address fundamental issues in the study of evolution and preservation of biodiversity. The enormous challenges presently faced in biodiversity science require novel approaches that employ massive data sets, including the tree of life. In addition, next generation plant biodiversity studies must also combine bioinformatics, phylogeny reconstruction at an unprecedented large scale, use enormous amounts of digitized specimen data, as well as large, highly complex, multi-faceted down stream phylogenetic analyses. These post-tree analyses include niche modeling, niche diversification, and ancestral niche reconstruction, as well as other evolutionary analyses. Recent tool development coupled with the availability of multiple new data sources afford unique and powerful opportunities. Together these resources provide novel possibilities for mobilizing and integrating enormous quantities of biological, geological, climatic and other related biodiversity data, ultimately facilitating the discovery of complex patterns and new hypotheses for further study. These multifaceted and interdisciplinary developments are major advances. This tool integration is transforming what we broadly term biodiversity science, enabling numerous new research opportunities that we refer to as “next-generation” investigations in biodiversity science that couple systematics, ecology, and evolution. The growth in tool building and use also demands new training for our students that integrates domain knowledge in biodiversity as well as data science skills –such connectivity and training is needed to accelerate biodiversity research. This next generation Integrative biodiversity science is of crucial importance--the future of global biodiversity will be greatly impacted by these efforts.

MECANISMOS GENÉTICOS DEL DESARROLLO DE FLORES Y FRUTOS EN ESPECIES NO MODELO

NATALIA PABÓN-MORA

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

FAVIO GONZÁLEZ

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

HAROLD SUÁREZ-BARON

Instituto de Biología, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

CLARA ORTÍZ-RAMIREZ

Instituto de Biología Molecular y Celular de Plantas (IBMCP), Valencia, España.

JUAN FERNANDO ALZATE RESTREPO

Centro Nacional de Secuenciación Genómica (CNSG), Sede de Investigación Universitaria, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia.

BARBARA AMBROSE

The New York Botanical Garden, Bronx, NY, USA.

CRISTINA FERRANDIZ

Instituto de Biología Molecular y Celular de Plantas (IBMCP), Valencia, España.

e-mail: lucia.pabon@udea.edu.co

La redes genéticas de regulación encargadas de la identidad de los órganos florales, de la simetría floral y de la histogénesis de frutos han sido bien estudiadas en especies modelo como *Arabidopsis thaliana* (Brassicaceae) y *Antirrhinum majus* (Plantaginaceae). Sin embargo, debido a la alta frecuencia de duplicación de genomas completos y de genes de forma independiente durante la evolución de las angiospermas, estas redes no se conservan en especies de divergencia temprana que predatan la diversificación de eudicotiledóneas centrales. Se presentarán datos de evolución de genes y análisis de su expresión espacio temporal durante el desarrollo floral de las redes genéticas más importantes en la construcción de flores en especies selectas del género *Aristolochia* (Piperales). El modelo de desarrollo floral ABCDE se reajusta para este género con la inserción de *AGAMOUS-like 6* como un gen clave para la identidad del perianto. El modelo de simetría floral tampoco sigue el patrón canónico, los genes TCP *CYCLOIDEA*

se expresan de forma homogénea, mientras que expresión diferencial dorsiventral si se rescata para los genes TCP *CINCINNATA*. Con respecto a la red genética de frutos se presentaran datos comparativos de la red de genes establecida para las Brassicaceae en otras familias como Solanaceae y Papaveraceae. Las comparaciones sugieren que *FRUITFULL* y *SHATTERPROOF*, son genes con funciones conservadas en la división celular en la pared del fruto y la formación de la zona de dehiscencia, respectivamente. El resto de la red de genes varía considerablemente caso por caso y posiblemente establece las bases de la diferenciación morfológica entre frutos secos dehiscentes y carnosos en las distintas familias. Finalmente, se rescatan tendencias de duplicación de cada uno de los linajes de genes involucrados en la histogénesis de frutos y se identifican grupos de plantas y de genes para futuros estudios comparativos.

POLYPLOIDY AND ANGIOSPERM DIVERSIFICATION

PAMELA S. SOLTIS

Florida Museum of Natural History, University of Florida, Gainesville, FL USA

E-mail: psoltis@flmnh.ufl.edu

Polyploidy - whole-genome duplication (WGD - has long been recognized as a key evolutionary force in plants, and recent genomic analyses indicate that all angiosperms bear the signature of WGD. Despite rampant WGD, the number of estimated genes remains roughly constant in all plant genomes, regardless of genome size, raising intriguing questions about patterns and processes of genome evolution following WGD. For example, are duplicate genes retained, and if so, how are they regulated? Investigations of homosporous ferns, with huge genomes, provide excellent evolutionary models for addressing questions of genome structure and evolution. In addition, recent polyploids, such as the angiosperms *Tragopogon mirus* and *T. miscellus*, which originated in the early 1900s, offer the opportunity to examine the evolutionary and genomic changes that occur shortly after polyploid formation, with further implications for processes of genome evolution. Data for these recent polyploids demonstrate the dynamic nature of polyploid genomes, with chromosomal, genetic, and genomic changes that collectively yield novel genic combinations that may translate into phenotypic novelty. Finally, on a macroevolutionary scale, WGDs mark the origin of seed plants, angiosperms, eudicots, and other hyperdiverse groups, suggesting a possible causal role of WGD in the diversification of these clades. Moreover, many such clades are characterized by novel traits, suggesting that features that arise via microevolutionary processes may translate into key innovations on macroevolutionary timescales.



**CHARLAS
CORTAS**

PRIMER ANÁLISIS FILOGENÓMICO DE LA FAMILIA ORCHIDACEAE A PARTIR DE GENOMAS MITOCONDRIALES Y CLOROPLÁSTICOS

JANICE VALENCIA D.

Department of Plant Biology, Southern Illinois University, Carbondale, Illinois, USA

KURT M. NEUBIG

Department of Plant Biology, Southern Illinois University, Carbondale, Illinois, USA

W. MARK WHITTEN

Florida Museum of Natural History, University of Florida, Gainesville, Florida, USA

e-mail: janice.valenciaduarte@siu.edu, jvalenciad@gmail.com

Los genomas cloroplástico y mitocondrial han sido la fuente más importante de caracteres para análisis filogenéticos en las dos últimas décadas. Sin embargo, solo recientemente se tiene información suficiente para crear hipótesis sobre los procesos de evolución molecular y evaluar la cantidad y calidad del contenido de estas secuencias. Este estudio presenta el primer análisis filogenómico para Orchidaceae que combina ambos genomas y explora la tasa de sustitución molecular y la utilidad filogenética de diferentes regiones codificantes y no codificantes. La variabilidad de cada locus y, por lo tanto, su grado de informatividad depende de su tasa de mutación, que a su vez se determina por medio de la comparación de secuencias ortólogas en varios taxa a la luz de análisis filogenéticos. La selección de secuencias útiles requiere de la identificación de altas tasas de evolución molecular, que pueden provocar homoplasia posicional y topologías erróneas por la atracción de ramas largas. Para este estudio, se obtuvieron secuencias de 75 especies pertenecientes a 13 de las 17 tribus de Orchidaceae a través de "genome skimming". Este método se basa en la amplificación aleatoria de regiones del ADN, que una vez secuenciadas pueden alinearse entre sí o usando genomas cloroplásticos y mitocondriales de referencia. Una vez identificadas, estas secuencias permiten la reconstrucción de genomas, la solución de politomías, y el cálculo de la evolución molecular de los genes. Nuestros resultados revelan variación en tasas de sustitución en diferentes regiones de un mismo genoma y muestran variabilidad entre genomas de distintas tribus lo que sugiere la acción de diferentes tipos de presiones evolutivas. Este estudio filogenómico proporciona una base para la comprensión de los caracteres moleculares que se utilizan en inferencia filogenética y demuestra la contribución de cada región a la topología resultante de análisis que combinan regiones con diferente origen y tasas de evolución molecular heterogéneas.

BURMEISTERA (CAMPANULACEAE: LOBELIOIDEAE) EN COLOMBIA

FAVIO GONZÁLEZ

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

e-mail: fagonzalezg@unal.edu.co

El género neotropical *Burmeistera* (Campanulaceae:Lobelioideae) consta de aproximadamente 120 especies distribuidas desde Honduras hasta N Perú. Cerca del 50% de las especies se encuentra en los Andes de Colombia, en donde se concentran principalmente en las cordilleras Occidental y Central. Aunque *Burmeistera* es el único género monofilético dentro de las Lobelioideae centropogónidas, y sus especies son fácilmente distinguibles a nivel genérico, la taxonomía a nivel de especie es extremadamente difícil. Por medio de extenso trabajo de campo y de herbario por más de diez años, se llevó a cabo la revisión taxonómica de *Burmeistera* para Colombia, a fin de constatar el número, características morfológicas diagnósticas y distribución geográfica de las especies presentes en Colombia. Los resultados, organizados a manera de monografía para la serie Flora de Colombia, arrojan un total de 57 especies (14 de ellas nuevas), así como la subordinación de por lo menos 20 binomios a la sinonimia, y la designación de numerosos lectotipos o neotipos. Se reevalúan los caracteres diagnósticos de los grupos infragenéricos propuestos anteriormente y se proponen nuevos caracteres con valor taxonómico. Estos resultados son significativamente diferentes a los publicados en catálogos locales o globales, lo cual demuestra las serias limitaciones e imprecisiones de dichos catálogos. A la vez, los resultados aquí presentados evidencian, como estudio de caso, la urgente necesidad de proseguir la investigación en trabajos monográficos detallados que permitan una evaluación confiable y rigurosa de la biodiversidad, y que aporten datos biológicos (y no solamente nominales o cuantitativos) a la biología de la conservación en Colombia y países vecinos.

UTILIDAD DE ITS EN ESTUDIOS FILOGEOGRÁFICOS DE ANGIOSPERMAS DE PÁRAMO

ALEX ESPINOSA CORREA

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

FERNANDO ALZATE GUARÍN

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

JUAN MANUEL DAZA ROJAS

Universidad de Antioquia, Instituto de Biología, Grupo Herpetológico de Antioquia

e-mail: alexespinosacorrea@gmail.com

Diversos estudios poblacionales y filogeográficos en angiospermas hacen uso de la región nuclear ribosomal internal transcribed spacer (ITS). Este marcador tiene una longitud entre 500 y 750 pb, se caracteriza por su alta variación entre organismos y su rápida evolución respecto a regiones codificantes lo cual le confiere, comparado a regiones plastídicas, un mayor poder discriminatorio a bajos niveles taxonómicos. Con la finalidad de comprobar la utilidad de esta región en estudios poblacionales y biogeográficos y establecer las relaciones entre áreas de páramo del noroeste de Colombia, se amplificó la región ITS para tres especies de angiospermas: *Gaiadendron punctatum* (Ruiz & Pav.) G. Don, *Gaultheria erecta* Vent. y *Muehlenbeckia tamnifolia* (Kunth) Meisn. Se estimó la variación intraespecífica para cada una de las especies, posteriormente se construyeron redes de haplotipos y árboles de distancia, con los cuales se infirieron las relaciones de áreas. La variación intraespecífica para las tres especies se estimó entre 0,000 y 0,0734. Los haplotipos encontrados permitieron proponer un patrón geográfico, donde los páramos de la Cordillera Central colombiana son más afines entre sí que respecto a los páramos de la Cordillera Occidental. Se evidenció, que para las especies estudiadas la variación intraespecífica para ITS es apropiada para la formulación y posible resolución de preguntas poblacionales o filogeográficas.

ANÁLISIS DE DIVERSIDAD GENÉTICA Y ESTRUCTURA DE LAS POBLACIONES DEL GERMOPLASMA DE COCO EN COLOMBIA (COCOS NUCIFERA L.)

JORGE MARIO MUÑOZ

Corporación para Investigaciones Biológicas (CIB)

GLORA CAÑAS

Corporación para Investigaciones Biológicas (CIB)

LORENA LÓPEZ

Corporación para Investigaciones Biológicas (CIB)

TATIANA ARIAS

Corporación para Investigaciones Biológicas (CIB)

e-mail: tarias@cib.org.co

La palma de coco (*Cocos nucifera* L.) ha sido utilizada durante miles de años como una fuente de alimento. Tiene numerosas aplicaciones en las industrias alimenticia; farmacéutica, cosmética, de biocombustibles, agrícola, entre otras. En Colombia el coco es producido principalmente en las zonas costeras del Pacífico y el Caribe. Aquí, estudiamos la diversidad genética de ecotipos de coco existentes en las zonas costeras. Se utilizó genotipificación por secuenciación (GBS), una técnica de secuenciación de alto rendimiento para polimorfismos de nucleótido simple (SNPs) a lo largo del genoma para entender la diversidad genética, estructura de poblaciones, filogeografía y procesos de selección en estas palmas. Se usó la enzima de restricción MspI para fraccionar el genoma y se obtuvieron lecturas pareadas de 150pb. 127 individuos pertenecientes a cinco poblaciones, tres de la zona pacífica (Nariño, Cauca y Nuquí) y dos de la zona Atlántica (Antioquia y Córdoba) fueron secuenciados y descritos. Análisis bayesianos y DPAC de la estructura genética de las poblaciones fueron aplicados a los 1838 SNPs encontrados usando el software DiscoSnpRAD sin genoma de referencia que a diferencia de otros softwares usa gráficas de Brujin para resolver el problema de encontrar SNPs a partir de datos genómicos. Los resultados sugieren que el coco que crece en Colombia se distribuye en tres grupos genéticos correspondientes a la zona Atlántica (una población) y la pacífica (dos grupos genéticos). Adicionalmente encontramos evidencia de selección en tres alelos a lo largo del genoma.

USING HERBARIUM COLLECTIONS TO STUDY PLANT DIVERSITY

PAMELA S. SOLTIS

Florida Museum of Natural History, University of Florida, Gainesville, FL USA

E-mail: psoltis@flmnh.ufl.edu

Emerging cyberinfrastructure and new data sources provide unparalleled opportunities for mobilizing and integrating massive amounts of information from organismal biology, ecology, genetics, climatology, and other disciplines. Key among these data sources is the rapidly growing volume of digitized specimen records from natural history collections. With over 100 million specimen records currently available online, these data provide excellent information on species distributions, changes in distributions over time, phenology, and a host of traits. Particularly powerful is the integration of phylogenies with specimen data, enabling analyses of phylogenetic diversity in a spatio-temporal context, the evolution of niche space, and more.

Case studies that link and analyze specimen data and related heterogeneous data sources, from environmental data, phylogenies, genomes, soil chemistry, and functional traits, will address a range of ecological and evolutionary problems. Through these examples, I will explore the specific challenges involved in data integration and how these challenges may be overcome. Although many specific hypotheses may be addressed through integrated analyses of linked biodiversity and environmental data, additional value of such data-enabled science lies in the unanticipated patterns that emerge.

FLUJOS DE TRABAJO BIOINFORMÁTICO PARA RECUPERAR GENES ORTÓLOGOS CON UTILIDAD FILOGENÉTICA EN DATOS GENERADOS POR GENOME SKIMMING: UN EJEMPLO CON DATOS DE LA FAMILIA ORCHIDACEAE

JULIANA ARCILA

Corporación para Investigaciones Biológicas (CIB)

CATALINA ÁLVAREZ

BIOS - Centro de Bioinformática y Biología Computacional

ALEJANDRA SERNA

Corporación para Investigaciones Biológicas (CIB), Universidad EAFIT

TATIANA ARIAS

Corporación para Investigaciones Biológicas (CIB)

e-mail: tarias@cib.org.co

“Genome skimming” consiste en la secuenciación de alto rendimiento de DNA total de un organismo a una baja profundidad para la obtención de secuencias sobrerrepresentadas en el genoma como las regiones repetidas, los genes multicopia y los genomas de los organelos. Es empleada en estudios evolutivos de plantas para obtener el genoma de cloroplastos y usarlos posteriormente en la construcción de filogenias. Usualmente el remanente de los datos generados, el cual tiene el potencial de contener otros marcadores filogenéticos de utilidad es descartado después de extraer los cloroplastos. El objetivo de este estudio es crear un flujo de trabajo bioinformático para minar los datos generados mediante “Genome skimming” en búsqueda de marcadores filogenéticos alternativos a los ARN ribosomales y los cloroplastos. Este flujo de trabajo toma por entrada los archivos multifasta resultantes del ensamblaje de novo de las especies a analizar y entrega un archivo con los genes ortólogos entre las especies y las regiones repetidas potenciales para la realización de las filogenias. La metodología es extensible para cualquier conjunto de datos generados por Genome skimming y hace uso de software de uso libre preexistentes. En el presente estudio evaluamos su rendimiento en la familia Orchideaceae para obtener marcadores que permitan resolver algunos clados dentro de las subfamilias Orchidoideae y Epidendroideae que no están estadísticamente bien soportados. Secuenciamos 16 genomas de orquídeas y evaluamos el rendimiento de varios software bioinformáticos sobre los datos para escoger los de mejor rendimiento en la limpieza, ensamblaje de novo y anotación funcional. Las secuencias resultantes están actualmente siendo analizadas usando el flujo de trabajo en desarrollo.

SINOPSIS DE LA FAMILIA AMARYLLIDACEAE PARA LA FLORA DE COLOMBIA

MANUELA LESMES DÍAZ

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

FERNANDO ALZATE GUARÍN

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

EDISON OSORIO

Grupo GISB, Universidad de Antioquia

NATALIE CORTÉS

Grupo GISB, Universidad de Antioquia

La familia Amaryllidaceae ha sido recuperada en diferentes análisis como un grupo monofilético, en el cual se reconocen 3 grandes clados (Agapanthoideae, Allioideae y Amaryllidoideae), comprende hierbas mayormente con bulbos tunicados, inflorescencias escaposas y bracteadas y flores de tamaño y coloración llamativa. En este estudio, se revisaron especímenes botánicos de la familia en la mayoría de herbarios colombianos y en algunos extranjeros, y adicionalmente se desarrollaron exploraciones a diferentes áreas del país donde se tuvieran registros previos o potencialidad de encontrar especies de la familia Amaryllidaceae. Se encontró que, en Colombia, la familia está representada por 17 géneros y 48 especies, de los cuales 26 especies y 10 géneros son nativos. Las áreas de mayor diversidad para la familia en Colombia son los piedemontes de la cordillera Occidental, piedemontes amazónicos, bosques húmedos tropicales encontrados en los valles interandinos, especialmente en jurisdicción de los departamentos de Cundinamarca, Quindío y Valle del Cauca. La subfamilia Amaryllidoideae se encuentra representada por taxones nativos en Colombia, mientras que especies de las dos subfamilias restantes se encuentran naturalizadas o cultivadas en el país. En este trabajo se presenta una definición nueva de la familia Amaryllidaceae, considerando la actual circunscripción del taxón y se incluye la descripción de los géneros presentes en Colombia, así como el inventario de las especies y su distribución en el país.

**PHYLOGENETIC STRUCTURE AND TURNOVER OF TROPICAL TREE COMMUNITIES
ALONG AN ELEVATIONAL GRADIENT IN TROPICAL ANDES**

SEBASTIÁN RAMÍREZ

Departamento de Ciencias Forestales, Universidad Nacional de Colombia Sede Medellín.

SEBASTIÁN GONZÁLEZ-CARO

Departamento de Ciencias Forestales, Universidad Nacional de Colombia Sede Medellín.

JUAN PHILLIPS

Departamento de Ciencias Forestales, Universidad Nacional de Colombia Sede Medellín, Instituto de Hidrología, Meteorología y Estudios Ambientales (IDEAM), Bogotá, Colombia

EDERSSON CABRERA

Instituto de Hidrología, Meteorología y Estudios Ambientales (IDEAM), Bogotá, Colombia

KENNETH J. FEELEY

Department of Biology, University of Miami, Coral Gables, USA.

ÁLVARO DUQUE

Departamento de Ciencias Forestales, Universidad Nacional de Colombia Sede Medellín.

e-mail: sramire@unal.edu.co

We test for evidence of thermal niche conservatism in structuring patterns of tree community composition along a 2000+ meter elevational gradient in the northern tropical Andes. By integrating data on the presence-absence of species within plots along the gradient with phylogenetic information, we analyzed: i) patterns of phylogenetic dispersion and species diversity along the elevational gradient based on indices of net relatedness, nearest taxon relatedness, and species richness (α -diversity); and ii) the replacement of lineages along the gradient using the PhyloSorensen metric (β -diversity). More specifically, we established 20 0.25-ha permanent tree inventory plots distributed between 750 to 2,802 m asl, where all individuals with Diameter at Breast Height ≥ 10 cm were recorded. We then used a series of linear models to test for changes in α and β diversity across the gradient in relation to soils, temperature, longitude and distance. Neither the net relatedness index nor the nearest taxon index showed a significant relationship with temperature.

However, there was greater phylogenetic over-dispersion at intermediate elevations/temperatures, which likely reflects the mixing of species with contrasting origins from tropical and temperate lineages. β -diversity between plots was negatively related to the difference in temperature such that closely related lineages occupy similar ranges of temperature. The non-random sorting of lineages along the elevation gradient supports the thermal niche conservatism hypothesis. We conclude that the thermal niche conservatism and the immigration of lineages from extra-tropical areas have significant effects in determining patterns of tree species assemblages in tropical Andean forests.

EVOLUCIÓN DE LOS LINAJES DE GENES *RADIALIS* Y *DIVARICATA* INVOLUCRADOS EN LA SIMETRÍA FLORAL DEL PERIANTO

YESENIA MADRIGAL BEDOYA

Universidad de Antioquia

JUAN FERNANDO ALZATE RESTREPO

Universidad de Antioquia

FAVIO GONZÁLEZ

Universidad Nacional de Colombia

NATALIA PABON MORA

Universidad de Antioquia

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

La simetría bilateral en especies modelo de eudicotiledoneas centrales está controlada por la expresión diferencial dorsiventral de los factores de transcripción *CYCLOIDEA* (*CYC*), *DICHOTOMA* (*DICH*) y *RADIALIS* (*RAD*) que regulan negativamente la división celular en la porción dorsal del primordio floral. Adicionalmente, *RAD* compite con *DIVARICATA* (*DIV*) en la porción dorsal de la flor y lo restringe a los pétalos ventrales y laterales. Con el objetivo de estudiar la evolución de estos linajes de genes por fuera de las Eudicotiledóneas centrales y evaluar su contribución a la simetría bilateral del perianto en especies no-modelo, se aislaron los genes homólogos de los linajes *RAD* y *DIV*, de bases de datos disponibles públicamente para plantas con flor y transcriptomas propios de *Aristolochia fimbriata* (Aristolochiaceae) *Cattleya trianae* (Orchidaceae) e *Hypoxis decumbens* (Hypoxidaceae). Análisis filogenéticos de los linajes de genes fueron realizados para identificar eventos de duplicación. Las matrices de datos contienen 462, 341 y 161 secuencias de los linajes *CYC*, *RAD* y *DIV* respectivamente. Nuestros análisis demuestran que los genes *CYC*, *RAD* y *DIV* han sufrido múltiples eventos de duplicación que resultan en un aumento en el número de copias en distintos grupos de plantas con flor. Esto dificulta notablemente la identificación de ortólogos en especies no-modelo. Los análisis de expresión sugieren que existen diferentes mecanismos de regulación de las copias de *RAD* y *DIV* en flores bilaterales bipartitas de partes libres de *C. trianae*, bilaterales unipartitas de partes fusionadas de *A. fimbriata* y en flores radiales de *H. decumbens*. Mientras que *RAD* y

DIV tienen expresión diferencial dorsiventral en el perianto posiblemente controlando la proliferación celular en monocotiledóneas, estos genes se expresan de forma homogénea en todas las hojas y órganos florales en angiospermas basales con simetría bilateral. Lo anterior sugiere que la red que regula la simetría floral se estableció antes de la diversificación de Monocotiledóneas y Eudicotiledóneas, y posiblemente no regula de manera directa la simetría bilateral en el perianto de angiospermas basales.

LOS PRINCIPIOS DE EQUIDAD Y UNICIDAD EN EL CONCEPTO DE ESPECIE, LE DAN CONSISTENCIA A LA SISTEMÁTICA FILOGENÉTICA

CARLOS ALBERTO AGUDELO HENAO

*Universidad del Quindío, Maestría en Ciencias Biología Vegetal, Programa de
Biología.*

ANA LUCÍA LÓPEZ GONZÁLEZ

*Universidad del Quindío, Maestría en Ciencias Biología Vegetal, Programa de
Biología.*

e-mail: maestriabiologia@uniquindio.edu.co, agudelohenao@yahoo.com

Se pretende motivar a la comunidad de las ciencias biológicas a reconocer la necesidad de tener un concepto único de especie, que sea universal y aplicable a cualquier tipo de organismo. Se analizaron publicaciones sobre el concepto de especie y se contrastaron casos donde una especie tiene numerosas variaciones o donde con pocos cambios se han nombrado diferentes especies dentro de un grupo de organismos. A partir de esto se establecieron dos interrogantes: ¿Los conceptos de especie actuales dan buen soporte a la Sistemática filogenética?, este surge de la dificultad que se tiene con los múltiples conceptos de especie, puesto que ninguno logra satisfacer, sin ambigüedad, los requerimientos para aplicarlo de forma inequívoca en la Sistemática Filogenética. ¿Cuántos, qué tipo y qué proporción de caracteres diferentes debe tener una especie para distinguirla de otra?, se refiere a la dificultad para separar en la práctica una especie de otra, porque esto depende del concepto que se aplique y de la disciplina biológica en que se trabaje; lo que ha hecho que los taxónomos a veces separen organismos porque exhiben caracteres diferentes, sin importar ¿cuáles o cuántos? y en otras, asuman que la variación no es suficiente para separarlos. Las presunciones esbozadas en los dos cuestionamientos, llevan a inferir que los tratamientos taxonómicos, sistemáticos y filogenéticos que se han propuesto hasta la fecha no son confiables. Por lo anterior, se propone un nuevo concepto de especie basado en dos principios. ESPECIE es un individuo o población de organismos con caracteres múltiples y estables, que los agrupan bajo principios de equidad y que los separan de otros, haciéndolos únicos. "Multi-caracteres" significa que la población debe compartir marcadores morfológicos, moleculares, anatómicos, fisiológicos, genéticos, citológicos, comportamentales, etc.) similares, mientras que "estable" se refiere a que un alto porcentaje de los individuos deben tener características que exhiben el mismo estado de carácter.

Se requiere un mecanismo para delimitar con claridad cada especie, basado en la aplicación de dos principios, la UNICIDAD (Cualidad de ser único, irrepetible) y la EQUIDAD (Tratar a todos por igual respetando y teniendo en cuenta sus diferencias y cualidades), donde los organismos sean evaluados bajo múltiples parámetros y donde la matemática y la modelación de caracteres cualitativos y cuantitativos, incluso comportamentales, den los fundamentos objetivos para decidir.

EVOLUCIÓN DE GENES *ALCATRAZ*/*SPATULA* Y SU ROL EN LA FORMACIÓN DE FRUTOS SECOS Y CARNOSOS DE SOLANACEAE

CLARA ORTÍZ-RAMÍREZ

Instituto de Biología Molecular y Celular de Plantas (IBMCP), UPV-CSIC., Universidad de Antioquia, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Instituto de Biología.

MARCO GIRALDO

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

CRISTINA FERRANDIZ

Instituto de Biología Molecular y Celular de Plantas (IBMCP), UPV-CSIC.

NATALIA PABÓN-MORA

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

e-mail: claraortiz29@gmail.com

Los frutos, la innovación evolutiva más importante de las angiospermas, son el resultado final de la transformación ontogenética del gineceo. El desarrollo del fruto de *Arabidopsis* está controlado por *FRUITFULL* (MADS-box), responsable de la división celular de las valvas y *REPLUMLESS* (HOX), encargado de la identidad del replum; ambos, antagonizan a *SHATTERPROOF1/2* (MADS-box) que delimitan la zona de dehiscencia (ZD). *SHP1/2* regulan positivamente a *INDEHISCENT*, *ALCATRAZ* y *SPATULA* (bHLH). *IND* forma la capa lignificada mientras *ALC* y *SPT* controlan la no-lignificada. A pesar de la gran diversidad estructural que presentan los frutos y su gran importancia agronómica, poco se sabe de esta red en otras angiospermas. Estudiamos la evolución, expresión y función de los genes bHLH *ALCATRAZ* (*ALC*) y *SPATULA* (*SPT*) en Solanaceae, una familia con frutos secos dehiscentes como el tabaco, y carnosos como el ají y el tomate. *ALC* y *SPT* son parálogos que predatan a las eudicotiledóneas centrales y en Solanaceae sufren duplicaciones específicas en *Nicotiana*. Los estudios de expresión muestran que los genes *ALC* están presentes en todos los órganos florales y durante la maduración del fruto, mientras los ortólogos de *SPT* se expresan de forma restringida y en particular *SPT* se regula negativamente durante la maduración de frutos carnosos.

Estudios funcionales evidencian que SPT y ALC controlan la pigmentación de las hojas y la fusión de pétalos. En frutos, parecen controlar negativamente la lignificación ya que las cápsulas de tabaco exhiben lignificación prematura y los frutos de ají y tomate presentan lignificación ectópica en el pericarpo. Nuestros datos sugieren que ALC y SPT se han subfuncionalizado y que el rol en la pigmentación foliar es una función exclusiva de Solanaceae.

RELACIONES FILOGENÉTICAS DE LAS ESPECIES NEOTROPICALES DE *DENNSTAEDTIA* (DENNSTAEDTIACEAE) INFERIDAS A PARTIR DE CARACTERES MORFOLÓGICOS

LUZ AMPARO TRIANA MORENO

*Universidad de Caldas, Manizales, Colombia,
Universidad Nacional de Colombia, Bogotá Colombia*

e-mail: luz.triana@ucaldas.edu.co

Dennstaedtia (Dennstaedtiaceae) es un género tropical de helechos con 70 especies, 22 de ellas neotropicales. Sus relaciones interespecíficas están inexploradas. Estudios filogenéticos previos de la familia involucran pocas especies del género y usan únicamente caracteres moleculares. Este estudio busca proponer la primera hipótesis filogenética del género basada en 35 caracteres morfológicos analizados bajo parsimonia para 32 taxones. El *ingroup* contiene 21 especies de *Dennstaedtia* y el *outgroup* contiene 11 especies representativas de otros géneros neotropicales de helechos Dennstaedtioides y de familias cercanas. *Dennstaedtia* se recuperó como monofilético, sustentado por la presencia de indusios marginales dobles con desarrollo sincrónico y por los soros univenados, entre otros caracteres. Su grupo hermano es el conformado por *Pteridium* y *Paesia*, con el que comparte el indusio marginal doble. En *Dennstaedtia* se configuran varios subclados que concuerdan con los grupos A-B-C-D-E propuestos por Navarrete & Øllgaard (2000). El grupo A tiene como sinapomorfías los rizomas dicotómicos, la ausencia de yemas epipetiolares y los surcos adaxiales continuos en las costas y el raquis. El clado A+B presenta pecíolos subteretes basalmente y es hermano de *D. distenta* + *D. spinosa*, compartiendo las láminas deltadas profusamente divididas y las venas no claviformes. El grupo C, sustentado por la presencia de raíces ventrolaterales glabras, consta de dos subclados, uno con pecíolos glabros, y el segundo con pinnas basales simétricas. El clado C+D presenta raíces gruesas y yemas prolíficas en la lámina. El grupo E se define por entrenudos largos. Los helechos Dennstaedtioides resultan monofiléticos, pero sus relaciones interfamiliares son aún imprecisas. Aparece como grupo hermano del clado que contiene a 'Eupolypods', concordando con hipótesis previas. Es necesario incrementar el muestreo en el *outgroup* para mejorar la resolución a este nivel. Nuestros resultados demuestran la utilidad de los caracteres morfológicos para la inferencia filogenética en helechos Dennstaedtioides.

MODELAMIENTO ESTADÍSTICO DE ÁREAS DE ENDEMISMO

NELSON R. SALINAS

*Instituto de Hidrología, Meteorología y Estudios Ambientales IDEAM, Sistema de
Monitoreo de Bosques y Carbono
Bogotá*

WARD C. WHEELER

*American Museum of Natural History, Division of Invertebrate Zoology
New York City
USA*

e-mail: nrsalinas@gmail.com

Se propone un nuevo método para la delimitación de áreas de endemismo. Este esquema está basado en campos ocultos aleatorios de Markov, una clase de modelos gráficos no dirigidos usados en el procesamiento automatizado de imágenes. El nuevo método asume que cada área de endemismo es una de las capas ocultas del modelo, mientras que las distribuciones de los taxa corresponden a la capa observada. Dado que la estimación de los valores de probabilidad en estos modelos es computacionalmente intratable, se emplean varias técnicas de aproximación a la optimización de los estados, ajuste del modelo y selección de sus componentes. La eficacia del método fue estudiada a través de simulaciones y experimentos en datos empíricos, y comparada con los algoritmos más populares para la delimitación de áreas de endemismo. Las simulaciones indican que los campos aleatorios de Markov recuperan eficientemente los verdaderos patrones de distribución a lo largo de diferentes valores de incertidumbre. El nuevo esquema también fue aplicado a un conjunto de datos empírico: los arándanos neotropicales (Ericaceae: Vaccinieae). Éstos análisis recuperaron entre 7 y 24 áreas de endemismo, dependiendo del tamaño de la celda utilizado en la inicialización de la grilla.

**ECOLOGÍA DE LA POLINIZACIÓN DE *HELICONIA MUTISIANA* CUATREC.
(HELICONIACEAE) EN LA VERTIENTE OCCIDENTAL DE LA CORDILLERA CENTRAL DE
COLOMBIA**

LAURA ELIZABETH GUERRERO

Universidad del Quindío

MARÍA DEL PILAR SEPÚLVEDA NIETO

*Programa de Biología, Centro de Investigaciones en Biodiversidad Universidad del
Quindío-CIBUQ*

e-mail: leguerrero@uqvirtual.edu.co

El género *Heliconia* con ca. 200 a 220 especies distribuidas de forma natural en las regiones tropicales del mundo concentra su mayor diversidad y endemismos en Colombia con aproximadamente 120 especies (Kress et al. 1999). *Heliconia mutisiana* Cuatrec., ocurre solo en Colombia, por lo que posiblemente sea endémica de la cordillera central en los piedemontes andinos de esta región geográfica. Este taxón se encuentra actualmente categorizada como vulnerable (VU) según la lista roja de la IUCN; de esta especie se desconocen casi todos los aspectos relacionados con su biología floral y autoecología. El objetivo principal de esta investigación es conocer algunos aspectos de la ecología de la polinización de esta especie, para lo cual se ubicaron 16 individuos silvestres situados en diferentes localidades del departamento del Quindío en altitudes comprendidas entre 970 a 1500 metros. Las observaciones se realizaron desde las 6:00 am hasta las 11:00am, a cada una de las colonias se realizaron las siguientes observaciones; las especies de aves visitadas, el comportamiento del visitante y el tipo de visita lo que podría ser (a) legítimo (cuando el visitante toca anteras y estigmas) o (b) ilegítimo cuando el visitante tomaba néctar o polen sin tocar estigmas) se acuerdo con Alves et al., (2000). Adicionalmente cuando fue posible se realizó registro fotográfico y filmaciones *in situ* a las visitas realizadas. Las flores de esta especie se abrieron alrededor de las 5:30-6:00am y duraron sólo 1 día. Estas flores se clasifican como flores ornitófilas, por poseer una corola larga, tubular y estrecha. Además por presentar flores amarillas y espatas rojas que presumiblemente las hace fácilmente ser encontradas por polinizadores visualmente orientados.

Los resultados preliminares han registrado una especie de lepidóptero perteneciente a la familia Hesperiiidae y tres especies de colibríes; *Amazilia tzacatl* (De la llave), *Phaethornis guy* (Lesson) y *Phaethornis syrmanthoforus* (Gould). La evidencia sugiere que las especies mencionadas perforan el perianto para extraer el néctar, lo que constituye una visita ilegítima. Para la especie de colibrí *Amazilia tzacatl*, se registraron un total de 30 visitas de las cuales el 100% fueron ilegítimas, esto debido a la morfología del pico corto y recto, y a su vez a la morfología de tipo sigmoide de las flores de esta heliconia, que imposibilita un acceso legítimo al néctar. De las especies pertenecientes a el género *Phaethornis* se registraron 70 visitas de las cuales el 60 % fueron ilegítimas. Según la literatura revisada se afirma que las dos especies, caracterizadas por sus picos largos y muy curvos han sido asociadas por algunos autores a posibles casos de coevolución exclusiva dada la morfología de estas especies de aves y algunas especies de la familia Heliconiaceae, en especial las que poseen inflorescencias péndulas. Adicionalmente estas especies de colibríes pertenecientes a la subfamilia Phaethornithinae son más especializados que otros visitantes y habitan principalmente en el sotobosque al igual que esta especie de heliconia propia de interior de bosque (Stiles, 1981). la floración de *Heliconia mutisiana* se define según Gentry (1974) como una floración estacionaria caracterizada por largos períodos de floración (más de 1 mes) y pocas flores abiertas por día (entre 3 a 5 por inflorescencia). durante la estación seca puede mejorar la polinización por insectos, lo que puede explicar las visitas del representante de la familia Hesperiiidae. Las visitas efectuadas por Lepidopteros a especies de Heliconia ya ha sido reportada anteriormente por Buzato et al. (2004). Durante las observaciones realizadas se detectaron comportamientos agresivos entre estas especies de colibríes, estas interacciones de dominancia, se caracterizan por un comportamiento agresivo que excluye a otras especies en un área dada, las especies de ermitaños se caracterizan por ser dominantes y defender los recursos de especies ricas en néctar (Feinsinger 1976, 1978) sobre esto se encontró que el volumen y concentración de néctar en las flores de *H. mutisiana* oscila entre 10µl - 40µl, en comparación con los volúmenes de otras especies de heliconias, esta especie presenta una producción baja de néctar (Stiles 1975, 1979), puede deberse también al tamaño reducido de la corola que en comparación con otras especies de este mismo género. En cuanto a la concentración de azúcar esté arrojo un promedio de 30 °Brix, un valor alto de concentración de azúcar. De esto se puede inferir que la competitividad de estas especies de aves, se debe a que *H. mutisiana* ofrece cantidad y calidad del néctar que asegura que la energía gastada en la alimentación y en la defensa pueda ser balanceada por la energía obtenida del territorio.

FILOGENIA, DATACIÓN MOLECULAR Y DIVERSIFICACIÓN MONOCOTILEDÓNEAS USANDO FILOGENÓMICA DE PLASTOMAS

THOMAS J. GIVNISH, **ALEJANDRO ZULUAGA**, DANIEL SPALINK, MARYBEL SOTO
GOMEZ, VIVIENNE K. Y. LAM, JEFFREY M. SAARELA, CHODON SASS, WILLIAM J. D. ILES,
DANILO JOSÉ LIMA DESOUSA, JAMES LEEBENS-MACK, J. CHRIS PIRES, WENDY B.
ZOMLEFER, MARIA A. GANDOLFO, JERROLD I. DAVIS, DENNIS W. STEVENSON, CLAUDE
DEPAMPHILIS, CHELSEA SPECHT, SEAN W. GRAHAM, CRAIG F. BARRETT y CÉCILE ANÉ.

e-mail: azulugat@gmail.com

En este estudio se presenta la primera filogenia de monocotiledóneas abarcando las 77 familias reconocidas usando datos moleculares de plastomas, estimando el soporte, infiriendo los tiempos de divergencia y las tasas de diversificación de cada clado. Para esto se realizó un análisis de máxima verosimilitud y un análisis bayesiano de diversificación (BAMM) con base en 77 genes del plastidio para 545 monocotiledóneas y 22 grupos externos. Se evaluó cómo los soportes de rama y la certidumbre de los mismos varía con el número de genes usados, la longitud y la profundidad de las ramas. En nuestros análisis se incluyeron siete familias no consideradas previamente, se cambió la ubicación de 16 familias en relación con estudios anteriores y se estimó la divergencia entre monocotiledóneas eudicotiledóneas + Ceratophyllum en 137 mya. Adicionalmente, nuestros resultados soportan la monofilia de Taccaceae y Thismiaceae, ubican con éxito todos los taxones mico-heterotróficos examinados, y se reconocen Arecales y Dasypogonales como órdenes separados. Solo el 45% de las divergencias interfamiliares ocurrieron después del Cretácico, y la diversificación neta de especies experimentó cuatro aceleraciones significativas a gran escala, en PACMAD-BOP Poaceae, Asparagales, Orchidoideae-Epidendroideae y Araceae, cada una asociada con cambios ecológicos/morfológicos específicos. El soporte de las ramas y su certidumbre aumentan con el número de genes y longitud de las ramas, y disminuye con la profundidad relativa de la rama. Por otro lado, un análisis de plastomas completos en Zingiberales definió la importancia de las regiones no codificantes para identificar y soportar ramas cortas y profundas. Nuestros resultados proporcionan la primera filogenia de las monocotiledóneas bien resuelta y con alto soporte abarcando todas las familias, y cuantificando la contribución significativa de datos a una escala genómica para resolver ramas cortas y profundas. Esbozamos un nuevo modelo funcional para la evolución de las monocotiledóneas y sus características morfológicas diagnósticas a partir de antepasados acuáticos, apoyados por la evolución convergente de muchos de estos rasgos en especies de Hydatellaceae acuáticas (Nymphaeales).

**PHYLOGENY AND MORPHOLOGICAL CHARACTER EVOLUTION IN THE
GENUS *BOEHMERIA* JACQ. (URTICACEAE): ANALYSIS AND
METHODOLOGICAL APPROACHES**

HERBER J. SARRAZOLA

Grupo de Estudios Botánicos, Universidad de Antioquia

FERNANDO ALZATE GUARÍN

Grupo de Estudios Botánicos, Universidad de Antioquia

email: biojassin@gmail.com

Urticaceae is a very diverse plant family, with many of its members occurring in tropical regions. Recent studies have solved out several questions about its internal relationships, however other remain to be clarified. In this work, I used phylogenetical technics to clarify relationships inside the tribe Boehmerieae, a tribe very well delimited according to both molecular and morphological analyses, but with many genera appearing to be paraphyletic units. In order to develop those analyses it was necessary to standardize a protocol to successfully extract DNA from Urticaceae specimens; which were demonstrated to possess high amounts of polyphenols and polysaccharides. The developed protocol was successful to extract clean DNA from tissues possessing polyphenols and polysaccharides and from herbarium material. Those extracts were used to amplify and sequence *matK*, *rbcL* and *trnL-F* gens from Urticaceae specimen. Those sequences and ITS, rpl14-36 downloaded from Genbank were used to perform a phylogenetical analysis using Bayesian inference. The monophyly of *Boehmeria* and other genera inside the tribe Boehmerieae was demonstrated. At the same time, an ancestral state reconstruction using 37 morphological traits over this phylogeny showed that the state of some characters, especially the floral ones, tend to be constant along the clades exhibiting coherence with species evolution.

TEACHING THE TREE OF LIFE

DOUGLAS SOLTIS

Florida Museum of Natural History, University of Florida, Gainesville, FL USA

PAMELA SOLTIS

Florida Museum of Natural History, University of Florida, Gainesville, FL USA

ROBERT GURALNICK

Florida Museum of Natural History, University of Florida, Gainesville, FL USA

e-mail: dsoltis@ufl.edu

The fundamental importance of the Tree of Life to the scientific community is clear, both in terms of the importance of biodiversity, as well as having a firm knowledge of phylogenetic relationships among all species. The Tree of Life is essential to human well-being and survival. Given the fundamental importance of the Tree of Life, how best to teach the tree—that is how best to convey this importance to students and the public. Tree thinking (thinking about organismal relationships in the context of a family tree of relationships) is now commonly taught in schools, but getting this critical concept across must continue to be emphasized. We also need to convey to the public the central importance of the connectivity of all life as depicted in the Tree of Life—our future as a species depends on the public gaining this strong appreciation of connectivity. We highlight here novel innovative ways in which this can be achieved that employ story telling that include: 1) large scale interactive projections of the tree (One Tree, One Planet); 2) an animated movie (TreeTender). We provide background and show our 15 minute animated movie, TreeTender.

DIVERSIDAD FILOGENÉTICA DE ÁRBOLES EN EL NEOTRÓPICO EN GRADIENTES DE ELEVACIÓN

SEBASTIÁN GONZALEZ-CARO

Universidad Nacional de Colombia

ÁLVARO DUQUE

Universidad Nacional de Colombia

KENNETH FEELEY

University of Miami

CONDESAN

Red de monitoreo de bosques Andinos

e-mail: sebastian.gonzalez.car@gmail.com

El número de especies decrece con la latitud, sugiriendo que la temperatura es un determinante importante de la distribución de las especies. Adicionalmente, se ha sugerido que el origen tropical de las especies es un determinante histórico de la tendencia latitudinal, ya que solo algunas especies han colonizado otros ambientes como las regiones extra-tropicales, hipótesis conocida como conservadurismo tropical de nicho (CTN). Esta hipótesis adicionalmente predice que las especies que ocupan regiones extra-tropicales son cercanamente emparentadas, ya que son el resultado de pocas colonizaciones, lo cual implica una disminución de la diversidad filogenética con la latitud. Estas mismas predicciones se han extrapolado para el gradiente de elevación, donde las tierras altas pueden presentar condiciones climáticas similares a regiones extra-tropicales. Para plantas leñosas esta tendencia ha sido soportada en un estudio reciente donde se muestra una marcada disminución de la diversidad filogenética y diversidad de especies en el hemisferio norte del Neotrópico. Sin embargo, la tendencia en el hemisferio sur no es clara. En este estudio se utilizaron 120 parcelas permanentes para muestreo de especies de árboles distribuidas en cuatro gradientes de elevación a diferentes latitudes (Costa Rica, Colombia, Perú y Argentina, en orden Norte-Sur). Para cada unidad de muestreo se estimó el número de especies por parcela para 100 individuos (S) y la diversidad filogenética (PD) basada en el árbol disponible en *PhyloMatic*. Se realizó un modelo lineal usando S y PD como variables independientes y la latitud y elevación como variables explicativas.

Se encontró que la diversidad de especies disminuye con la elevación y la latitud, como se esperaba. Sin embargo, la diversidad filogenética aumenta con la elevación y la latitud, especialmente en el hemisferio sur, contrario a las predicciones de CTN. Estos resultados sugieren: i) La hipótesis de CTN no es soportada para Sur América, implicando una alta tasa de migración entre trópico y la región extra-tropical, principalmente en tierras altas. ii) Los hemisferios Norte y Sur del Neotrópico presentan patrones diferentes, lo cual sugiere que la historia biogeográfica es determinante de la diversidad actual, he interactúa con los procesos ecológicos generando los patrones observados. iii) La respuesta de las especies a la temperatura en las montañas tropicales es una mezcla de linajes provenientes de las tierras bajas y las regiones extra-tropicales incrementando la complejidad de su respuesta a los cambios climáticos.

AVANCES EN EL ESTUDIO TAXONÓMICO DE LAS ESPECIES CON FLORES LILA DE *SOLANUM* SECT. *TORVA* NEES (SOLANACEAE) PARA COLOMBIA

GINA PAOLA SIERRA REYES

Grupo de Investigación SEGAN, Universidad Nacional de Colombia

CLARA INÉS OROZCO

Profesora Asociada, Grupo de Investigación SEGAN, Universidad Nacional de Colombia

e-mail: gsierrar@unal.edu.co

Teniendo en cuenta la última filogenia del subgénero *Leptostemonum* (*Solanum* espinoso), la sección *Torva* conforma un clado monofilético dividido en dos subclados con bajo soporte, y en los que se representa el 50% de las especies en Colombia. El presente trabajo, trata de la revisión del clado basal caracterizado por corolas lila. Solo dos especies *Solanum crinitipes* y *Solanum subinermis* se encuentran en la filogenia. En cuanto a la morfología se consideran a *Solanum crotonifolium* y *Solanum acutilobum* como especies hermanas, igualmente lo son las especies *Solanum dolichosepalum* y *Solanum ovalifolium*. Los resultados con base en el estudio del material presente en el Herbario Nacional Colombiano, indican que las especies de este subclado son morfológicamente diferentes. La especie *Solanum crinitipes* exhibe las mayores diferencias en el grupo, con unidades simpodiales plurifoliadas, espinas subuladas y una membrana interpetalar mayor a 13 mm de ancho. Las restantes presentan unidades difoliadas geminadas, espinas deltoides, y una membrana interpetalar menor a 3 mm de ancho. Las especies *S. crotonifolium* y *S. dolichosepalum* son similares vegetativamente, se diferencian por las inflorescencias sub-sésiles o sésiles en *S. dolichosepalum* y por el tamaño más pequeño de las flores en *S. crotonifolium*. Las especies *S. ovalifolium* y *S. subinermis* comparten la haz foliar escabriúscula, pero se diferencian por las inflorescencias ramificadas y el ovario con tricomas glandulares presentes en *S. ovalifolium*, mientras que inflorescencias simples y bifurcadas con los pedicelos reflexos en fruto están presentes en *S. subinermis*. Las especies se distribuyen principalmente en los Andes y Valle del Magdalena, siendo *S. subinermis* quien presenta la distribución más amplia, compartiendo parte de su rango de distribución con *S. crotonifolium* (0-1700 m). La especie *S. crinitipes* tiene un rango de distribución más estrecho (2200-3400 m), y en *S. ovalifolium* y *S. dolichosepalum* el rango es más amplio (300-2700 m).

FILOGENÓMICA DE LA FAMILIA DE PLANTAS ORCHIDACEAE: RESOLVIENDO AMBIGÜEDADES FILOGENÉTICAS

ALEJANDRA SERNA

Universidad EAFIT

CATALINA ÁLVAREZ

BIOS - Centro de Bioinformática y Biología Computacional

KURT NEUBIG

Southern Illinois University

TATIANA ARIAS

Corporación para Investigaciones Biológicas (CIB)

e-mail: mserna1@eafit.edu.co

Orchidaceae es la familia de angiospermas más diversa, comprendida aproximadamente por 25000 especies. Múltiples filogenias se han generado a partir de análisis morfológicos y moleculares para resolver las relaciones dentro de esta familia. Givnish *et al.* (2015) publicaron la filogenia para Orchidaceae basada en el genoma del cloroplasto, pero algunas relaciones quedaron sin resolver y algunas subtribus sin muestrear. El objetivo es resolver las relaciones que no quedaron resueltas en Givnish *et al.*, y adicionar algunos taxa que no han sido incluidos utilizando cloroplastos recuperados por GSS (Genome Survey Sequencing). Se secuenciaron 16 genomas, con cloroplastos desde 132.874pb hasta 162.481pb con un porcentaje de GC promedio de 37,5. Para obtener estos genomas se realizó la limpieza, normalización y ensamblaje de datos de GSS y se están realizando los análisis filogenéticos, incluyendo 89 cloroplastos previamente reportados en el GenBank. La incorporación de nuevos genomas de cloroplastos de orquídeas podría ayudar a resolver ambigüedades en la filogenia de Orchidaceae, especialmente dentro de las subfamilias Orchidoideae y Epidendreae, las cuales presentan los soportes estadísticos más bajos. Se adicionó el cloroplasto de *Goodyera repens*, género no muestreado en Givnish *et al.*, lo que podría mejorar la resolución dentro de la tribu Cranichideae. Para examinar la monofilia entre las subtribus Stanhopeinae y Maxillariinae, y soportar la relación entre ambas, se incluyeron los cloroplastos de *Gongora pleiochroma* y dos especies de *Maxillaria*. Igualmente, se incluyeron *Otoglossum globuliferum* y *Telipogon glicensteinii*, para aumentar la representatividad dentro de la subtribu Oncidiinae.

Al evaluar las relaciones entre Oncidiinae, Stanhopeinae y Maxillarinae, se podría soportar mejor la relación de estas respecto a Eulophiinae, subtribu que divergió más temprano, brindando así un mejor soporte estadístico dentro de la tribu Cymbidieae. Se incluyen además cloroplastos de los géneros: *Sobralia*, *Scaphosepalum* y *Teagueia*, que ampliarán el muestreo y posiblemente las relaciones dentro de Orchidaceae.

ÍNDICE DE AUTORES

A

Agudelo-Henao, Carlos Alberto 24
Álvarez, Catalina 18, 38
Alzate Guarín, Fernando 15, 19, 33
Alzate Restrepo, Juan Fernando 9, 22
Ambrose, Barbara 12
Ané, Cécile 32
Arcila, Juliana 18
Arias, Tatiana 16, 21, 38

B

Barrett, Craig F. 32

C

Cabrera, Edersson 20
Cañas, Gloria 16
CONDESAN 35
Cortés, Natalie 19

D

Davis, Jerrold I. 32
Daza-Rojas, Juan Manuel 15
Depamphilis, Claude 32
Duque, Álvaro 20, 35

E

Espinosa-Correa, Alex 15

F

Feeley, Kenneth 20, 35
Ferrandiz, Cristina 9, 26

G

Gandolfo, Maria A. 32
Giraldo, Marco 26
Givnish, Thomas 32

G

González, Favio 9, 14, 22
González-Caro, Sebastián 20, 35
Graham, Sean W. 32
Guerrero, Laura Elizabeth 30
Guralnick, Robert 34

I

Iles, William J. D. 32

L

Lam, Vivienne K. Y. 32
Leebens-Mack, James 32
Lesmes-Díaz, Manuela 19
Lima de Sousa, Danilo José 32
López, Lorena 16
López-González, Ana Lucía 24

M

Madrigal-Bedoya, Yesenia 22
Muñoz, Jorge Mario 16

N

Neubig, Kurt 13, 38

O

Orozco, Clara Inés 37
Ortiz-Ramírez, Clara Inés 9, 26
Osorio, Edison 19

P

Pabón-Mora, Natalia 9, 22, 26
Phillips, Juan 20
Pires, J. Chris 32

ÍNDICE DE AUTORES

R

Ramírez, Sebastián 20

S

Saarela, Jeffrey M. 32
Salinas, Nelson R. 29
Sarrazola, Herber J. 33
Sass, Chodon 32
Sepúlveda-Nieto, Maria del Pilar 30
Serna, Alejandra 18, 38
Sierra-Reyes, Gina Paola 37
Soltis, Douglas E. 8, 34
Soltis, Pamela S. 8, 11, 17, 34
Soto-Gomez, Marybel 32
Spalink, Daniel 32
Specht, Chelsea 32
Stevenson, Dennis W. 32
Suárez-Barón, Harold 9
Sundue, Michael A.

T

Triana-Moreno, Luz Amparo 28

V

Valencia Duarte, Janice 13

W

Wheeler, Ward C. 29
Whitten, W. Mark 13

Z

Zomlefer, Wendy B. 32
Zuluaga, Alejandro 32