## Boletín de la Sociedad Argentina de BOTÁNICA



sómico en los helechos se encuentran condicionados por eventos de poliploidización recurrente sin la reducción posterior del genoma. Entre el número cromosómico y el C-valor del ADN existeuna correlación lineal positiva, la cual se constata a través de la filogenia de este grupo. Estas conclusiones se respaldan por varios estudios independientes que incluyen datos genómicos y cromosómicos. Los helechos en las regiones templadas albergan mayor frecuencia de especies con genomas monoploides pequeños (1Cx), pero con mayor representación de especies poliploides, mientras que las zonas climáticas tropicales pueden acumular genomas monoploides más grandes pero con menor frecuencia de especies poliploides. Por ello, realizar mediciones en especies de helechos en la extensión entre las regiones tropicales y templadas, como la transición en América del Sur, nos permitirá explorar la hipótesis de que el tamaño del genoma y la poliploidía no son neutrales en la evolución de estas plantas. Teniendo en cuenta estas premisas, el objetivo de este trabajo es suministrar nuevos datos sobre el contenido de ADN en helechos sudamericanos, particularmente de Argentina, a fin de poder compararlos posteriormente con los nuevos datos que se generan paralelamente de las especies asiáticas. Se analizaron mediante citometría de flujo 50 taxones de helechos y licófitos de Argentina. Para cada espécimen se realizaron al menos tres repeticiones. Las mediciones se obtuvieron a partir de hojas frescas provenientes de plantas vivas que fueron recolectadas en el campo y mantenidas en invernáculo, o fueron refrigeradas a 7 °C para su conservación. El análisis de datos fue realizado empleando el software Flomax 2.10. Se obtuvieron los valores de contenido ADN nuclear para especies de los géneros Adiantopsis, Adiantum, Anemia, Austroblechnum, Blechnum, Botrychium, Doryopteris, Equisetum, Elaphoglossum, Macrothelypteris, Microgramma,

Neoblechnumm, Ophioglossum, Osmunda, Pityrogramma, Pleopeltis, Pellaea, Serpocaulon, Sceptridium y Thelypteris. El valor 2C varió desde 7.57 pg en *Pleopeltis minima*, a 108 pg en Psilotum nudum. Algunas especies, como P. minima y Ophioglossum reticulatum, mostraron variaciones intraespecificas en sus valores. A partir de la confrontación de los datos obtenidos con la filogenia se observaron duplicaciones completas de los genomas a través del árbol filogenético y se evidenciaron reordenamientos en algunos clados. Por otro lado, se reconocen a los géneros Danaea, Eupodium y Marattia y a la familia Polypodiaceae como taxones prioritarios en las futuras mediciones, debido al escaso conocimiento en estos grupos.

BIOGEOGRAFÍA HISTÓRICA DEL GÉNERO *POLYSTICHUM* (DRYOPTERIDACEAE) EN SUDAMÉRICA AUSTRAL. Historical biogeography of the genus *Polystichum* (Dryopteridaceae) in Southern South America

Morero R.<sup>1,2</sup>, Deanna R.<sup>1,2</sup>, Barboza G.<sup>1,2</sup> y Barrington D.S.<sup>3</sup>

<sup>1</sup>IMBIV (CONICET-UNC), Córdoba; <sup>2</sup>Facultad Cs. Químicas, UNC, Córdoba; <sup>3</sup>University of Vermont, Pringle Herbarium, Burlington, Vermont, USA. ritamorero@gmail.com

El extremo sur de Sudamérica, Patagonia, se destaca por los interesantes patrones de distribución que exhiben los representantes de su flora y fauna local. Los estudios biogeográficos muestran que numerosos linajes de esta biota están relacionados con otras áreas del Hemisferio Sur, como Australia y Nueva Zelanda. Asimismo, esta región constituye un importante centro de endemismos, en parte, como consecuencia del aislamiento geoclimático impuesto por la Diagonal Árida. *Polystichum* Roth (Dryopteridaceae) es uno de los géneros con representantes endémicos

en la Patagonia. Los Polystichum Sudamericanos Australes comprenden siete especies que se distribuyen en los bosques subantárticos y en islas del Atlántico Sur y en el Archipiélago Juan Fernández. Las diferencias en atributos morfológicos sugieren que este grupo no estaría estrechamente emparentado con los otros Polystichum de Sudamérica. Debido a su compleja taxonomía y su distribución restringida, estos helechos generan preguntas sobre su biogeografía histórica y evolución. Por lo tanto, los objetivos de este trabajo fueron: a) revelar las relaciones evolutivas, b) estimar los tiempos de divergencia y c) reconstruir tanto las áreas ancestrales como los niveles de ploidía ancestrales de los Polystichum Sudamericanos Australes. Las relaciones filogenéticas se estimaron utilizando los métodos de máxima verosimilitud y de inferencia bayesiana. Se analizaron tres marcadores de ADN (rbcL, trnL-F, rps4-trnS) de las siete especies Sudamericanas Australes, y además de 31 especies de Polystichum de otras regiones biogeográficas del mundo. Los tiempos de divergencia se estimaron en BEAST y se implementó un análisis bayesiano binario MCMC para inferir las áreas ancestrales. La ploidía se reconstruyó sobre el árbol de máxima credibilidad utilizando mapeo estocástico bayesiano. Los Polystichum Sudamericanos Australes constituyen un grupo monofilético, estrechamente relacionado con las especies de Australia y Nueva Zelanda, con quienes comparte un ancestro tetraploide. En el Clado Sudamericano Austral, la divergencia más temprana reconstruida fue la de *Polystichum andinum*, posteriormente divergieron otros dos linajes que incluyen las seis especies restantes. Los Polystichum patagónicos se habrían originado de un ancestro Austral, por dispersión a larga distancia, durante el Mioceno tardío. La diversificación posterior ocurrió localmente, en el extremo sur de Sudamérica, pudiendo haber sido influenciada por los cambios orogénicos del Plioceno/Mioceno y las fluctuaciones climáticas del Pleistoceno. Los *Polystichum* de los Andes del Norte y Centrales, que se originaron a partir de un ancestro neotropical diploide, no estarían vinculados cercanamente con los congéneres Sudamericanos Australes. Se reporta por primera vez la monofilia de los *Polystichum* Sudamericanos Australes, su estrecha relación evolutiva con las especies de Australia y Nueva Zelanda, y su origen biogeográfico en el Mioceno tardío. Al menos tres linajes independientes habrían originado las especies actuales de *Polystichum* de Sudamérica.

BIOGEOGRAFÍA EVOLUTIVA DEL GRUPO CHEILANTHES SQUAMOSA (CHEILANTHOIDEAE: PTERIDACE-AE). Evolutionary biogeography of the Cheilanthes squamosa group (Cheilanthoideae: Pteridaceae)

Oggero A.<sup>1,4</sup>, Angeli J.<sup>1</sup>, Ponce M.<sup>2</sup>, Arana M.D.<sup>1,4</sup> y Morrone J.J.<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Departamento Cs. Naturales, Facultad Cs. Exactas Físico-Químicas y Naturales, UNRC, Río Cuarto, Córdoba, Argentina; <sup>2</sup>Instituto de Botánica Darwinion, CONICET y ANCFEN, Buenos Aires, Argentina; <sup>3</sup>Museo de Zoología, Departamento de Biología Evolutiva, Facultad de Ciencias, UNAM, Ciudad de México, México; <sup>4</sup>Instituto de Ciencias de la Tierra, Biodiversidad y Ambiente (ICBIA). marana@exa.unrc.edu.ar

La biogeografía reconoce patrones de distribución de organismos, propone hipótesis acerca de los procesos que causaron dichos patrones e identifica unidades biogeográficas para proporcionar un sistema de regionalización biótica del planeta. Asimismo, con base en los patrones de distribución, cuantifica y predice las consecuencias de cambios planetarios globales, y selecciona áreas para la conservación, uno de los tópicos más importantes de las últimas décadas. Teniendo en cuenta las plantas vasculares, los helechos (Polypodiopsida) constituyen el segundo lin-