

ACTA ZOOLOGICA LILLOANA

VOLUMEN 63
Suplemento

XIII Reunión Argentina
de Cladística y Biogeografía

8 al 10 de abril de 2019
San Miguel de Tucumán, Argentina

Resúmenes



Fundación Miguel Lillo

TUCUMÁN - ARGENTINA

— 2 0 1 9 —

Biogeografía cladística de los bosques montanos húmedos de México

Castro-Torreblanca, Marisol^{1,2*}; David Espinosa²; Isolda Luna-Vega³; Alfredo Bueno-Hernández²

¹ Posgrado en Ciencias Biológicas, UNAM. Apartado Postal 70-153, 04510 Ciudad de México, México.

² Facultad de Estudios Superiores Zaragoza, UNAM. Av. Batalla del 5 de mayo s/n Col. Ejército de Oriente, Iztapalapa. Apartado Postal 70-153,04510, 09230, Ciudad de México, México.

³ Departamento de Biología Evolutiva, Facultad de Ciencias, UNAM. Ciudad Universitaria, Coyoacán 04510 Ciudad de México, México.

* balam_mampar@hotmail.com

Los bosques montano-húmedos de México (BMH) están constituidos por un mosaico de especies de afinidad neártica, neotropical y nativa, por lo que son considerados uno de los ecosistemas más complejos respecto a su origen, composición y fisonomía. El interés principal de este trabajo fue realizar un análisis de biogeografía cladística para corroborar la hipótesis de concordancia distribucional entre las áreas de BMH de México. Se llevaron a cabo tres análisis biogeográficos cladísticos a partir de 23 cladogramas filogenéticos, repartiéndolos en tres capas temporales: Mioceno, Plioceno y Pleistoceno. Los cladogramas obtenidos en las tres capas temporales analizadas coinciden con la formación de eventos vicariantes, que junto con la historia climática dinámica han promovido la diversificación de la biota de los BMH de México a diferentes escalas temporales.

Modificaciones a PASOS para el análisis de ontogenias de caracteres de forma con muestreos reducidos de individuos: uso de funciones de interpolación

Catalano, Santiago Andrés^{1,2*}; Valentina Segura¹; Florencia Vera Candiotti¹

¹ Unidad Ejecutora Lillo (UEL, Fundación Miguel Lillo-CONICET), Miguel Lillo 251, 4000, San Miguel de Tucumán, Argentina.

² Facultad de Ciencias Naturales e IML - UNT. Miguel Lillo 205, 4000, San Miguel de Tucumán, Argentina.

* sacatalano@gmail.com

Recientemente hemos publicado un método para el análisis filogenético de ontogenias de caracteres de forma descriptas a partir de configuraciones de *landmarks* (PASOS; Catalano, Segura & Vera Candiotti 2019). El método utiliza el criterio de parsimonia no sólo para determinar las formas ancestrales a lo largo de la ontogenia en cada nodo interno del árbol sino también para determinar los posibles cambios en el tiempo de desarrollo (*i.e.*, cambios heterocrónicos). En su implementación original, el método requiere tomar datos a lo largo de toda la trayectoria ontogenética, lo que impide su uso cuando el muestreo de especímenes es reducido. Presentamos aquí

una modificación a PASOS para poder trabajar con ontogenias con muestreos incompletos. Para ello, las trayectorias ontogenéticas se completan interpolando formas intermedias utilizando una aproximación basada en promedios móviles ponderados. El análisis de datos reales indica que la función de interpolación permite el uso de PASOS en *datasets* con muestreos mucho más reducidos que los originalmente necesarios.

Evaluación de la utilidad de rasgos morfogeométricos del cráneo de marsupiales didélfidos (*Didelphimorphia: Didelphidae*) para reconstruir su filogenia

Chemisquy, M. Amelia^{1,2*}; Cristo Romano Muñoz¹; Sergio D. Tarquini¹; Francisco J. Prevosti^{1,2}

¹ Centro Regional de Investigaciones Científicas y Transferencia Tecnológica de La Rioja (CRILAR), Provincia de La Rioja, UNLaR, UNCa, SEGEMAR, CONICET, Mendoza y Entre Ríos s.n., 5301, Anillaco, La Rioja, Argentina.

² Departamento de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales, Universidad Nacional de La Rioja (UNLaR), Av. Luis M. de la Fuente s.n., Ciudad Universitaria de la Ciencia y de la Técnica, 5300, La Rioja, Argentina.

* amelych80@gmail.com

Análisis ecomorfológicos y evolutivos, utilizando morfometría geométrica en el cráneo de didélfidos, mostraron que la filogenia es el factor más influyente en la forma. Nuestro objetivo es evaluar la utilidad de estos datos morfogeométricos para reconstruir la filogenia de la familia *Didelphidae*. Mediante MG en 2D analizamos el cráneo en vista dorsal (63 landmarks), ventral (70 landmarks) y lateral (28 landmarks) de 200 especímenes representando 37 especies de 13 géneros. Realizamos una búsqueda con 500 RAS, seguido por TBR, guardando 10 árboles en cada RAS, y se comparó el árbol obtenido con filogenias moleculares. Obtuvimos un árbol de 13,99681 pasos en el que se recuperaron 8 nodos de la filogenia molecular. De los nodos recuperados solamente los de *Didelphini* y *Metachirus* como género hermano de *Didelphini* pertenecen a grandes grupos, el resto son nodos terminales que agrupan a un par de especies. Si bien la tribu *Thylamyni* no resultó monofilética, la mayoría de sus miembros se ubicaron cercanos en el árbol, y esto mismo sucedió con *Monodelphys*. *Caluromys*, si bien tuvo una posición basal en el árbol, forma un clado con especies de *Thylamys*, *Marmosa* y *M. (Micoureus)*. La vista lateral fue el carácter menos variable en el árbol. Si bien se recuperaron pocos nodos, y la mayoría terminales, la ubicación de los taxones es coherente con los cambios observados en las configuraciones de *landmarks*, por ejemplo la ubicación de *Monodelphis* se debe en gran parte a una reducción de la caja craneana, carácter que es muy marcado en *Didelphini*.