

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

— 2019 —

Inestabilidad filogenética en un clado de la familia Podocarpaceae (Orden Araucariales)

Andruchow Colombo, Ana^{1,2*}; Ignacio H. Escapa^{1,2*}; Lone Aagesen^{2,3}

¹ Museo Paleontológico Egidio Feruglio (MEF), Av. Fontana 140, 9100, Trelew, Argentina.

² Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Godoy Cruz 2290, 1425, CABA, Argentina.

³ Instituto de Botánica Darwinion (IBODA), Labardén 200, 1642, San Isidro, Argentina.

* aandruchow@mef.org.ar

Más de una decena de filogenias moleculares en las coníferas Podocarpaceae han sido publicadas en las últimas décadas. La mayoría de estos trabajos recuperan dos grandes clados para la familia: el clado tropical, con 11 géneros y 175 especies, y el clado prumnopityoide, con 7 géneros y 23 especies. Las relaciones filogenéticas entre los géneros del clado tropical se han mantenido estables entre los sucesivos estudios. Sin embargo, este no es el caso para los géneros que comprenden el clado prumnopityoide, que conforman agrupamientos variables en los distintos análisis y muestran, comparativamente, valores bajos de soporte. Nuestros objetivos fueron: (1) realizar un análisis integrando la mayor cantidad posible de secuencias disponibles para determinar las relaciones filogenéticas de la familia; (2) probar si el muestreo genético diferencial tomado por los distintos autores pudo haber ocasionado la diversidad de topologías postuladas para el clado prumnopityoide. Para esta contribución compilamos la matriz molecular más amplia utilizada hasta ahora para un análisis filogenético de la familia (9 marcadores nucleares y plastídicos; 158/198 especies de Podocarpaceae, 35 de Araucariaceae y una de Cupressaceae). El consenso estricto de los árboles más parsimoniosos recupera la monofilia de los géneros de la familia Podocarpaceae y la de los grandes clados obtenidos en estudios previos. Dentro del clado prumnopityoide recuperamos un clado de hojas escamosas como hermano del género *Prumnopitys*. Además, mediante un remuestreo de bloques, determinamos que el muestreo diferencial de marcadores en nuestra matriz de datos influyó en las relaciones intergenéricas recuperadas para el clado prumnopityoide.

Un modelo biogeográfico de eventos bajo una geografía dinámica

Arias, J. Salvador^{1,2}

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

² Facultad de Ciencias Naturales e Instituto Miguel Lillo, Universidad Nacional de Tucumán, Miguel Lillo 205, 4000, San Miguel de Tucumán, Argentina. jsalarias@csnat.unt.edu.ar

La biogeografía filogenética ha tenido grandes avances en los últimos 20 años, con el desarrollo de métodos basados en eventos, y de métodos explícitamente geo-

gráficos. Aunque autores y usuarios de todos estos métodos han reconocido la importancia de la tectónica de placas para la inferencia biogeográfica, ninguno la ha utilizado de forma cuantitativa y objetiva, sino como un parámetro subjetivo de la tasa de dispersión entre áreas, o como inferencias *post-hoc* al finalizar el análisis. El objetivo del presente trabajo es presentar un método que es (1) basado en eventos biogeográficos, tanto cladogenéticos (vicarianza, simpatria, evento fundador), como anagenéticos (dispersión, extinción); (2) es geográficamente explícito, ya que en vez de áreas predefinidas utiliza los rangos geográficos de los terminales, así como que infiere rangos geográficos de los ancestros, usando un modelo geográfico de datos (un *raster*); y (3) la geografía es dinámica, es decir que la posición geográfica de cada pixel es estimada en diferentes momentos del tiempo, basada en un modelo tectónico explícito, que incluye además datos paleogeográficos (tierra emergida, mares epicontinentales). Se discuten las estructuras de datos y algoritmos que permiten hacer este tipo de análisis, así como posibles ampliaciones utilizando información paleoclimática.

Análisis biogeográfico del Paraguay a través de la identificación de áreas de endemismos utilizando plantas, insectos, anfibios, reptiles y aves

Ávila Torres, Rubén Ignacio

Universidad Nacional de Asunción, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Departamento de Biología, Campus San Lorenzo, Paraguay. riavilat@gmail.com

El objetivo del presente trabajo fue el establecimiento de patrones biogeográficos del Paraguay a través del análisis e identificación de áreas de endemismos de la biodiversidad existente en el territorio, para ello se empleó una matriz compuesta por 8117 registros de 300 especies, incluyendo 100 especies de plantas, 50 especies de insectos, 50 especies de anfibios, 50 especies de reptiles y 50 especies de aves, que fueron analizados en conjunto, a través del método de Análisis de Endemicidad con celdas de 0,3, 0,4 y 0,5 grados de latitud y longitud y a través del método de Interpolación Geográfica de Endemismos. Se ha logrado identificar a través del método de Análisis de Endemicidad 156 áreas de endemismos, resumidas en 29 áreas de consenso, 4 en el Chaco y 25 en la Región Oriental. A través del método de interpolación geográfica de endemismos, se obtuvo 3 áreas de endemismos, 2 en el Chaco y uno en la Región Oriental, estableciéndose de esta forma patrones biogeográficos en todo el territorio del Paraguay. Mediante la comparación de las áreas de endemismo encontradas, con las diferentes hipótesis biogeográficas publicadas y los sitios protegidos del Paraguay, se logró identificar y proponer 3 áreas prioritarias de conservación basadas en la riqueza endémica de su biota a saber, la ecorregión del pantanal ubicada en el extremo Noreste del Chaco, el Chaco central y la cordillera de los Altos.