

El misterioso caso de las hermanas que no se parecen: La alianza *Androlepis* (Bromelioideae, Bromeliaceae)

CLAUDIA JANETH RAMÍREZ DÍAZ

Estudiante de Maestría, Posgrado en Ciencias (Ciencias Biológicas), Opción Recursos Naturales. Centro de Investigación Científica de Yucatán, A.C. (CICY).
Calle 43, No. 130 x 32 y 34, Col. Chuburná de Hidalgo,
97205, Mérida, Yucatán, México.
claudia.ramirez@cicy.mx

Cuando era pequeña mis hermanos me molestaban diciéndome que era adoptada. Por un tiempo les creí, pero luego, las semejanzas eran evidentes y nadie podría creer que no lleváramos la misma sangre. En el mundo de las plantas, es común que las especies más emparentadas (también se les llama filogenéticamente relacionadas), compartan ciertos rasgos o son muy parecidas entre sí. Estas semejanzas son muy útiles para los taxónomos (personas que se dedican a clasificar a los seres vivos ¡y que no pueden salir a la calle sin tratar de conocer los nombres de cada bicho que ven!), pues permiten clasificar y ordenar a las especies de una manera práctica y útil. Sin embargo, conozco un caso extraño en donde la regla de la semejanza no se cumple y aquí los invito a conocerlo.

Palabras clave: Evolución, filogenia, monofilético, sistemática, taxonomía.

La familia Bromeliaceae es un grupo de plantas que crece principalmente en América Tropical (excepto por una especie que brincó el charco y se encuentra en el Oeste de África, *Pitcairnia feliciana* (A. Chev.) Harms & Mildbr.). Esta familia está subdividida en ocho subfamilias (la dividieron con base en sus relaciones filogenéticas, utilizando datos de su ADN) (Givnish *et al.*, 2007; 2011). Una de ellas recibe el nombre de Bromelioideae, y es justo dentro de ese grupo donde se encuentran ubicadas las hermanas de las que les contaba, esas que no se parecen. La mayoría de las especies de la subfamilia Bromelioideae se encuentran en Sudamérica. De las casi 1,000 especies, ¡el 80% están en la Mata Atlántica de Brasil! (Stehmann *et al.*, 2009); el resto, se encuentra en otras partes de Sudamérica, Centroamérica y, en México solo podemos encontrar 24 especies.

Ante esta carencia de especies en Centroamérica se me ocurren una serie de

preguntas: ¿cómo y cuándo migraron ciertas especies hacia el norte del continente?, ¿será que solo llegó una especie y a partir de ella evolucionaron las otras? ¿fueron varios los migrantes? Recientemente, con el uso de regiones del ADN, Sass y Specht (2010) encontraron algunas pistas acerca de las relaciones filogenéticas de las especies centroamericanas y, por tanto, de su historia. Para ello, primero tuvieron que hacer una filogenia, que es algo similar al árbol genealógico de una familia (aunque en lugar de tratarse de la especie humana, *Homo sapiens* L., se analizan muchas especies). Detectaron dos grupos de Bromelioideae que comparten el mismo ancestro común (a estos grupos se les llama grupo monofilético (Figura 1A). Esto es muy importante porque nos ayuda a entender que, en algún momento, algunas especies (hoy probablemente extintas) migraron hacia Centroamérica y, a partir de ahí ellas evolucionaron en nuevas especies.

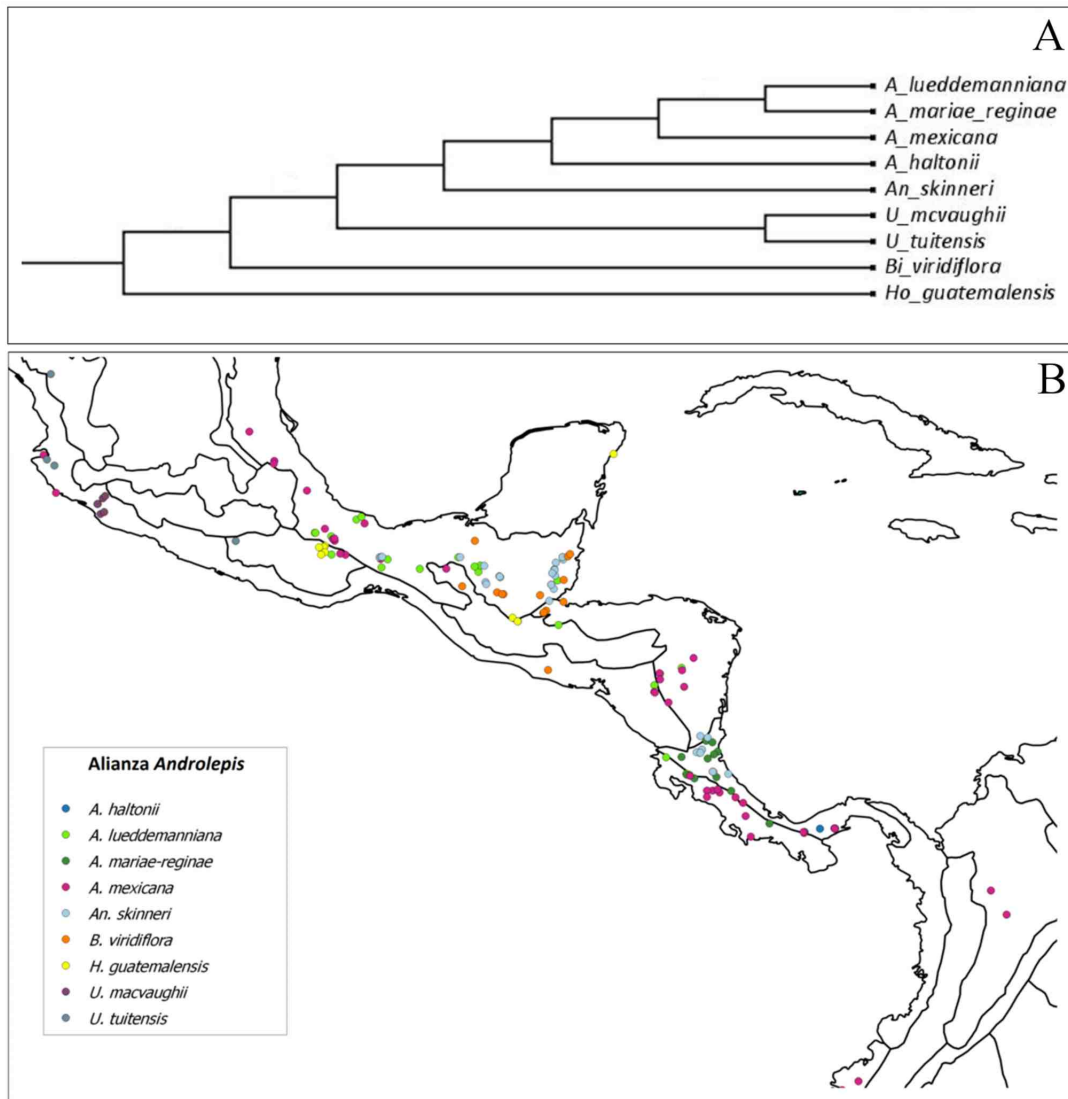


Figura 1. A. Fragmento del árbol de consenso de la máxima parsimonia de 150 especies del Núcleo Bromelioideae, basado en dos regiones de ADN nuclear (*ETS* y *g3pdh*) y tres de cloroplasto (*matk*, *rcbl* y *rpl32*), en donde se muestra la Alianza *Androlepis*. No se muestran soportes en las ramas. B. Mapa de distribución de las especies que integran la Alianza *Androlepis*. La regionalización del mapa está basada en las áreas biogeográficas de Morrone (2014), utilizando las capas de información de Löwenberg (2014). (Figura y mapa: Claudia Ramírez Díaz).

Lo más interesante del trabajo de Sass y Specht (2010) es que uno de estos grupos está integrado por especies con aspectos muy diferentes entre sí, y para muestra: una imagen (Figura 2). Son tan diferentes entre sí, que varias han sido agrupadas en diferentes géneros de Bromelioideae ¡porque se parecen más a los integrantes de otros géneros que entre ellas mismas! Estas especies claramente han logrado confundir a los taxónomos. El

grupo de hermanas que no se parecen serán llamadas aquí: Alianza *Androlepis* (llamado Clado I América Central en Sass y Specht, 2010), y está integrado por al menos nueve especies. Tres de ellas son parecidas entre sí (*Aechmea lueddemanniana* (K. Koch) Brongn. ex Mez (Figura 1B), *A. haltonii* H. Luther y *A. mexicana* Baker), *Ursulaea macvaughii* (L.B. Sm.) Read & Baensch y *U. tuitensis* (Magana & E.J. Lott) Read & Baensch

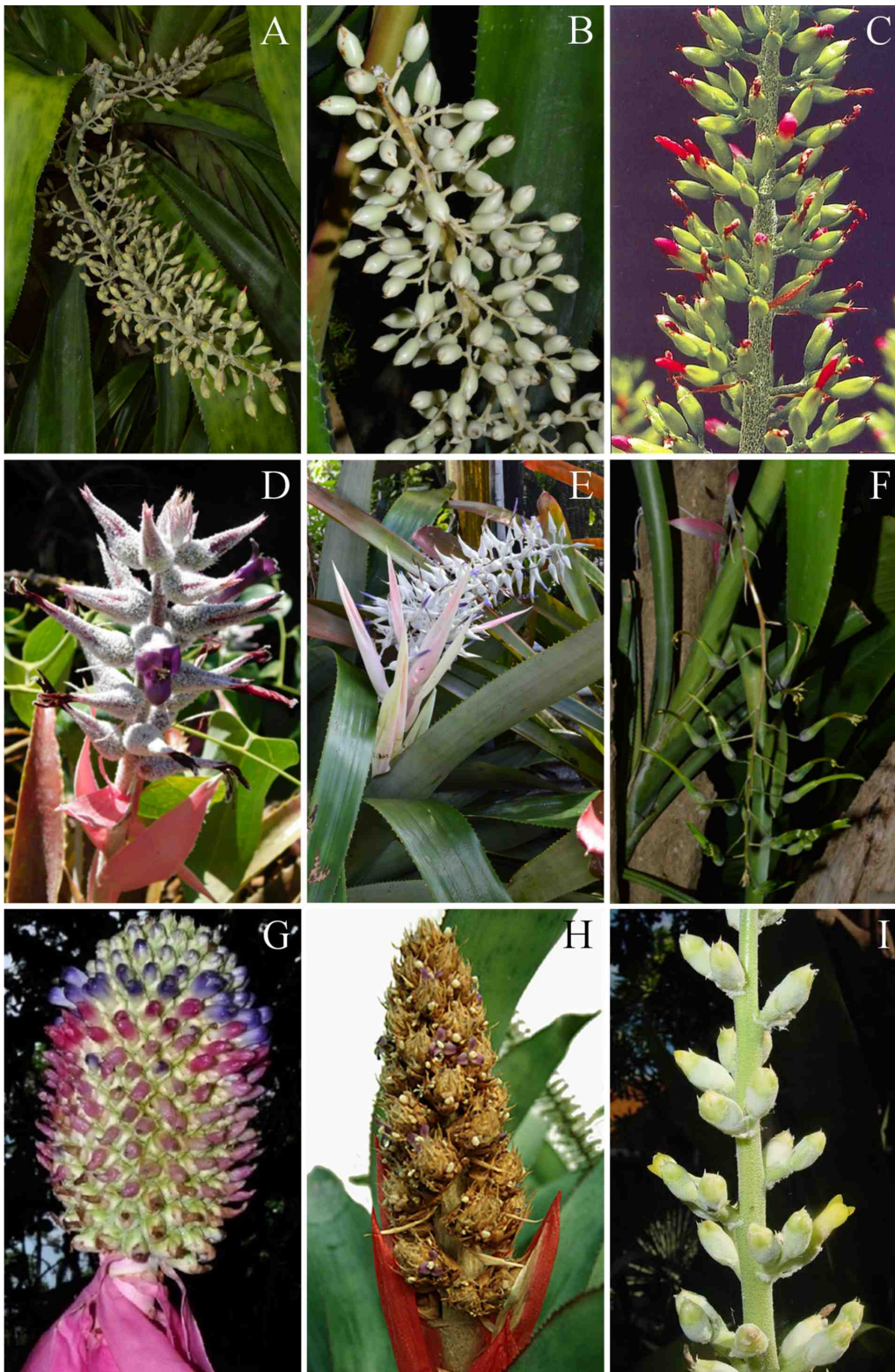


Figura 2. A. *Aechmea lueddemanniana*. B. *Aechmea mexicana*. C. *Aechmea haltonii*. D. *Ursulaea tuitensis*. E. *Ursulaea macvaughii*. F. *Billbergia viridiflora* H.L. Wendl. G. *Aechmea mariaae-reginae* H. Wendl. H. *Hohenbergiopsis guatemalensis* (L.B. Sm.) L.B. Sm. & Read. I. *Androlepis skinneri* Brongn. ex Houliet. (Fotografías: A. Katya J. Romero Soler. B, E, F. Claudia Ramírez Díaz. C. Vern Sawyer. D. Pablo Carrillo Reyes. G. Christian Fernando Trejos Hernández. H. Erick Gouda. I. Ivón Ramírez Morillo).

también son similares entre sí, pero ¿y las otras? Si estas especies son hermanas ¿por qué son tan distintas? ¿por qué se parecen más a otras especies que no tienen nada que ver?, ¿o será que la característica es tan pequeña, como su polen o sus tejidos, que no la hemos encontrado? Para los taxónomos, es muy importante encontrar características similares que nos ayuden a identificarlas en campo, porque no vamos a poder ver su ADN a simple vista.

Hay muchas otras preguntas interesantes que circundan este caso, por ejemplo ¿cómo han hecho para adquirir características tan distintas si vienen del mismo ancestro común? ¿será que el ADN nos esté engañando? ¿o le seguimos haciendo caso a la apariencia? Si le hacemos caso al ADN debemos de pensar en ¿por qué son tan distintas? ¿qué cosas ocurrieron en el transcurso de su evolución para que tuvieran aspectos tan distintos? Una posibilidad es que se tratara de un grupo de plantas mucho más grande que el que conocemos, pero que en la actualidad solamente vemos a los sobrevivientes de una extinción masiva, y por eso nos parecen tan distintos. Para entender esta última idea, imaginen que un día cae un meteorito y se extinguen muchas especies de animales, pero quedan algunos sobrevivientes. Tiempo después, un curioso quiere reconstruir la historia filogenética de lo que encuentra. En el árbol filogenético resulta que el perro, el caballo, el zorrillo, el canguro y el león son especies hermanas y ¡su ancestro común más cercano es un mapache! En realidad no es que sean tan cercanos, es que nos faltan los “eslabones perdidos”. Pero aún no podemos saberlo.

Conocer la historia evolutiva de los grupos biológicos (seres que existen desde hace millones de años), no es un asunto fácil. Las cosas se complican porque se trata de seres vivos que no hablan ¡y que no han dejado un legado escrito pa-

ra saber qué fue lo que pasó! En estos casos, se requiere reunir la mayor evidencia posible para tratar de reconstruir una historia, algo así como ser un detective. Y aunque nunca sabremos cómo ocurrió en realidad, nuestras reconstrucciones evolutivas nos muestran los escenarios más probables, que nos servirán de guía para entender la biodiversidad que hoy en día vemos.

Referencias

- Sass C. y Specht C.D. 2010.** Phylogenetic estimation of the core Bromelioids with an emphasis on the genus *Aechmea* (Bromeliaceae). *Molecular Phylogenetics and Evolution* 55(2): 559-571.
- Stehmann J.R., Forzza R.C., Salino A., Sobral M., da Costa D.P., Kamino L.H.Y. 2009.** *Plantas da Floresta Atlântica*. Jardim Botânico do Rio de Janeiro, Rio de Janeiro. 516 pp.
- Givnish T.J., Millam K.C., Berry P.E. y Sytsma K.J. 2007.** Phylogeny, adaptive radiation, and historical biogeography of Bromeliaceae inferred from *ndhF* sequence data. *Aliso* 23: 3-26.
- Givnish T.J., Barfuss M.H.J., Ee B.V., Riina R., Schulte K., Horres R., Gonsiska P.A., Jabaily R.S., Crayn D.M., Smith J.A.C., Winter K., Brown G.K., Evans T.M., Holst B.K., Luther H., Till W., Zizka G., Berry P.E., Sytsma K.J. 2011.** Phylogeny, adaptive radiation, and historical biogeography in Bromeliaceae: Insights from an eight-locus plastid phylogeny. *American Journal of Botany* 98(5): 872-895
- Löwenberg-Neto P. 2014.** Neotropical region: a shapefile of Morrone's (2014) biogeographical regionalization. *Zootaxa* 3802: 300-300.
- Morrone J.J. 2014.** Biogeographical regionalisation of the Neotropical region. *Zootaxa* 3782: 1-110.

Desde el Herbario CICY, 9: 198–202 (26-Octubre-2017), es una publicación semanal editada por el Herbario CICY del Centro de Investigación Científica de Yucatán, A.C., con oficinas en Calle 43 No. 130, Col. Chuburná de Hidalgo, C.P. 97200, Mérida, Yucatán, México. Tel. 52 (999) 942-8330 Ext. 232, www.cicy.mx/Sitios/Desde_Herbario/, webmas@cicy.mx. Editores responsables: Ivón Mercedes Ramírez Morillo y José Luis Tapia Muñoz. Reserva de Derechos al Título Exclusivo No. 04-2016-041413195700-203, otorgado por el Instituto Nacional del Derecho de Autor, ISSN: 2395-8790. Responsable de la publicación: José Fernely Aguilar Cruz, Calle 43 No. 130, Col. Chuburná de Hidalgo, C.P. 97200, Mérida, Yucatán, México. Fecha de última modificación: 26 de octubre de 2017. Las opiniones expuestas por los autores no necesariamente expresan la postura del editor de la publicación. De la misma manera, la responsabilidad sobre la veracidad y la precisión de los contenidos, le corresponde totalmente a los autores de los ensayos.