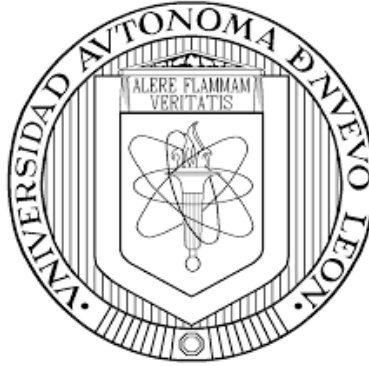


UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE NUEVO LEÓN
FACULTAD DE CIENCIAS BIOLÓGICAS



**DISTRIBUCIÓN DE LA DIVERSIDAD FILOGENÉTICA DE LAS CONÍFERAS DE LA
SIERRA MADRE ORIENTAL Y SU REPRESENTATIVIDAD DENTRO DE LAS
ÁREAS NATURALES PROTEGIDAS DEL NORESTE DE MÉXICO.**

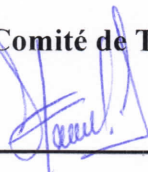
POR

MARÍA SUSANA SÁNCHEZ CHÁVEZ

**COMO REQUISITO PARCIAL PARA OBTENER EL GRADO DE
MAESTRÍA EN CONSERVACIÓN, FAUNA SILVESTRE Y SUSTENTABILIDAD**

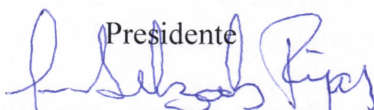
DISTRIBUCIÓN DE LA DIVERSIDAD FILOGENÉTICA DE LAS CONÍFERAS DE LA
SIERRA MADRE ORIENTAL Y SU REPRESENTATIVIDAD DENTRO DE LAS
ÁREAS NATURALES PROTEGIDAS DEL NORESTE DE MÉXICO

Comité de Tesis



Dra. Susana Favela Lara

Presidente



Dr. José Ignacio González Rojas

Secretario

Dr. Roberto Eduardo Mendoza Alfaro

Vocal

Dr. José Gerardo Ham Dueñas

Vocal

Dr. Juan Antonio García Salas

Vocal



Dra. Katiushka Arévalo Niño

Subdirectora de Posgrado



**SUBDIRECCIÓN
DE POSGRADO**

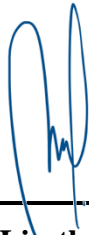
DISTRIBUCIÓN DE LA DIVERSIDAD FILOGENÉTICA DE LAS CONÍFERAS DE LA
SIERRA MADRE ORIENTAL Y SU REPRESENTATIVIDAD DENTRO DE LAS
ÁREAS NATURALES PROTEGIDAS DEL NORESTE DE MÉXICO

Dirección de Tesis



Dra. Susana Favela Lara

Directora



M.C. Katia Lizeth Treviño Cuéllar

Asesora externa

DERECHOS RESERVADOS©

PROHIBIDA SU REPRODUCCIÓN TOTAL O PARCIAL

Todo el material contenido en esta Tesis está protegido, el uso de imágenes, fragmentos de videos, y demás material contenido que sea objeto de protección de los derechos de autor, será exclusivamente para fines educativos e informativos y deberá citar la fuente donde se obtuvo mencionando al autor o autores.

AGRADECIMIENTOS

Agradezco a CONAHCYT por el apoyo económico otorgado durante la realización de este proyecto.

Agradezco a la Facultad de Ciencias Biológicas y a la Universidad Autónoma de Nuevo León, estas instituciones han sido para mí una fuente de apoyo durante todo mi posgrado.

Agradezco con un gran cariño a mis asesoras de tesis, Dra. Susana Favela Lara y M.C. Katia Lizeth Treviño Cuellar, sus conocimientos, atenciones, consejos y paciencia son lo que me ha hecho llegar a este momento, es un honor ser parte de este equipo de trabajo.

Agradezco a los miembros de mi comité, por sus valiosas contribuciones y consejos que ayudaron a construir este trabajo.

Agradezco a mis padres, Susana y Mario, siempre han sabido como ser buenos padres, su apoyo, compañía y amor son una de las cosas que me mantiene siempre avanzando.

Agradezco a la Biol. Mayte Méndez, su compañía en el laboratorio y alegría son cosas que siempre me suben el ánimo.

Agradezco a mi compañero de maestría, Biol. Adrián Veloz, tu sentido del humor me acompañó durante todo el posgrado, finalmente lo logramos.

Agradezco a mi pequeña familia, César, Koko, Kiki y Kuki, compartir la vida, mis alegrías, frustraciones y miedos con ustedes es una motivación constante.

DEDICATORIA

Para Marisú, después de tanto, aquí estamos.

ÍNDICE

I.	INTRODUCCIÓN.....	1
II.	ANTECEDENTES.....	4
	2.1 Modelos de distribución potencial.....	4
	2.2 Sierra Madre Oriental.....	5
	2.2.1 Importancia y vulnerabilidad de las regiones montañosas en México.	5
	2.3 Coníferas del Noreste de México y su importancia ecológica.....	6
	2.4 Evaluación de la diversidad.....	7
	2.4.1 Riqueza de especies.....	7
	2.4.2 Diversidad filogenética.....	8
	2.4.3 Distinción evolutiva, especies clave para los ecosistemas.....	9
	2.5 Áreas Naturales Protegidas.....	10
	2.5.1 Efectividad de las Áreas Naturales Protegidas.....	11
	2.5.2 Representatividad dentro de las ANP.....	11
III.	JUSTIFICACIÓN.....	13
IV.	HIPÓTESIS.....	14
V.	OBJETIVOS.....	15
	5.1 Objetivo general.....	15
	5.2 Objetivos específicos.....	15
VI.	MATERIAL Y MÉTODOS.....	16
	6.1 Área de estudio.....	16
	6.2 Colecta y procesamiento de muestras.....	17
	6.2.1 Selección de especies.....	17
	6.2.2 Colecta de material vegetal.....	18
	6.2.3 Procesamiento y extracción de DNA.....	18
	6.2.4 Amplificación de DNA (PCR) y secuenciación.....	18

6.2.5 Búsqueda de secuencias.....	19
6.3 Modelado de distribución potencial	20
6.4 Análisis de datos	21
6.4.1 Análisis de secuencias y construcción de filogenia	21
6.4.2 Generación de mapas de distribución de diversidad	21
6.4.3 Distinción evolutiva, EDGE Y EDLE	23
VII. RESULTADOS.....	24
7.1 Modelos de distribución potencial.....	24
7.2 Análisis de distribución de diversidad	25
7.2.1 Distribución de la riqueza de especies.....	25
7.2.2 Distribución de diversidad filogenética.....	26
7.3 Diversidad filogenética y Riqueza de especies.....	28
7.4 Análisis de representatividad de las coníferas dentro de las ANP	30
7.5 Distinción evolutiva (DE).....	31
VIII.DISCUSIÓN.....	33
8.1 Modelos de distribución potencial.....	33
8.2 Distribución de la riqueza de especies.....	34
8.3 Diversidad filogenética.....	35
8.4 Zonas prioritarias, diversidad filogenética y riqueza de especies	37
8.5 Representatividad de las coníferas dentro de las ANP.....	38
8.6 Distinción evolutiva.....	39
IX. CONCLUSIONES.....	42
X. LITERATURA CITADA	43

ÍNDICE DE TABLAS

Tabla 1. Listado de especies seleccionadas y su estatus de conservación de acuerdo con la IUCN y NOM-059 (categorías de la NOM-059 fueron homologadas con la IUCN, ver tabla 3).....	17
Tabla 2. Secuencias y condiciones de los primers que se utilizaron en la amplificación de PCR.....	19
Tabla 3. Variables bioclimáticas utilizadas.....	20
Tabla 4. Categorías de riesgo internacionales (IUCN) y su homologación con las categorías de riesgo nacionales (NOM-059), de acuerdo con CONABIO (2022).	23
Tabla 5. Cobertura superficial de los distintos tipos de vegetación con presencia de coníferas y su porcentaje de representatividad dentro de las ANP del Noreste de México dentro de la SMO.....	31
Tabla 6. Valores de distinción evolutiva (DE), distinción evolutiva relacionada con la categoría de riesgo global (EDGE) y distinción evolutiva relacionada con la categoría de riesgo local (EDLE).....	32

ÍNDICE DE FIGURAS

Figura 1. Representación de la composición de comunidades con baja y alta diversidad filogenética, obtenido de Srivastava y colaboradores (2012).....	9
Figura 2. Provincia fisiográfica de la Sierra Madre Oriental (SMO) y las Áreas Naturales Protegidas (ANP).....	16
Figura 3. Modelos de distribución potencial de distintas especies A) <i>Pinus cembroides</i> ; B) <i>Taxus globosa</i> ; C) <i>Juniperus saltillensis</i> ; D) <i>Picea martinezii</i>	24
Figura 4. Mapa de distribución de la Riqueza de Especies de las coníferas del Noreste de México dentro de la provincia fisiográfica de la SMO.	26
Figura 5. Árbol filogenético obtenido por inferencia bayesiana. El número junto a los nodos indica la probabilidad posterior de certidumbre de las relaciones filogenéticas. La escala inferior representa las distancias genéticas en sustituciones de nucleótidos por sitio.....	27
Figura 6. Mapa de distribución de la Diversidad Filogenética de las coníferas del Noreste de México dentro de la provincia fisiográfica de la SMO (A. Escala bruta, B. Escala normalizada).	28
Figura 7. Mapa de distribución de las zonas de mayor Diversidad Filogenética y riqueza de especies de las coníferas del Noreste de México dentro de la provincia fisiográfica de la SMO.	29
Figura 8. Mapa de distribución de las zonas de mayor DF + RE. A) Polígonos de las zonas identificadas como prioritarias. B) regiones terrestres prioritarias de Arriaga y colaboradores (2000).....	30

RESUMEN

La protección de la biodiversidad es fundamental para asegurar la prevalencia de especies, ecosistemas y los servicios que proporcionan. Las especies de coníferas dentro de la SMO y el noreste de México son una pieza clave en los ecosistemas montañosos de la región. Las ANP son fundamentales para la protección de la diversidad y los ecosistemas. No obstante, en México, la designación de ANP no siempre se lleva a cabo con metodologías claras y sistematizadas, y de igual forma, los índices de evaluación de diversidad la mayoría de las veces están basados en la riqueza de especies. En esta investigación se plantea el uso del índice de diversidad filogenética en conjunto con la riqueza de especies para la detección de zonas prioritarias para la conservación de las especies de coníferas de la SMO. Así como el modelado de distribución potencial de las especies, así como el mapeo de distribución de la riqueza de especies (RE) y diversidad filogenética (DF) de las coníferas dentro de la SMO.

Los objetivos de esta investigación fueron analizar los patrones de distribución de estos índices de diversidad, la detección de especies y zonas prioritarias para su conservación y la evaluación de la representatividad de las especies de coníferas dentro de las ANP. Los mapas de distribución de DF y RE revelaron patrones de distribución con una mayor concentración de zonas altamente diversas dentro de la región montañosa de la gran sierra plegada. Así mismo, se pudieron identificar tres regiones dentro de la SMO que serían zonas prioritarias para la conservación de las coníferas. Igualmente, se evaluó la priorización de las especies con base en su historia evolutiva y categoría de riesgo mediante el índice EDGE y EDLE, se reconocieron distintas especies prioritarias de acuerdo con su categoría de riesgo a nivel global y nacional. Finalmente, los análisis de representatividad de las especies de coníferas revelaron que, dentro de las ANP del noreste de México, se encuentran porcentajes significativos de la superficie total de distribución de los seis tipos de ecosistemas vegetales que albergan estas especies.

ABSTRACT

The protection of biodiversity is crucial to ensure the prevalence of species, ecosystems, and the services they provide. Conifer species within the Sierra Madre Oriental (SMO) and northeastern Mexico play a key role in the mountainous ecosystems of the region. Natural Protected Areas (NPA) are essential for safeguarding diversity and ecosystems. However, in Mexico, the designation of NPA is not always carried out with clear and systematized methodologies, and likewise, diversity assessment indices are often based on species richness. This research proposes the use of the phylogenetic diversity index along with species richness for detecting priority conservation areas for SMO conifer species. This includes potential distribution modeling of species, as well as mapping the distribution of species richness (RE) and phylogenetic diversity (DF) of conifers within the SMO.

The objectives of this research were to analyze the distribution patterns of these diversity indices, detect species and priority conservation areas, and evaluate the representativity of conifer species within NPA. Maps of DF and RE distribution revealed patterns with a higher concentration of highly diverse areas within the mountainous region of the great folded Sierra. Three regions within the SMO were identified as priority conservation areas for conifers. Additionally, prioritization of species based on their evolutionary history and risk category was assessed using the EDGE and EDLE indices, recognizing different priority species based on their global and national risk category. Finally, analyses of representativity of conifer species revealed that significant percentages of the total distribution area of the six types of vegetation ecosystems hosting these species are within the NPA of northeastern Mexico.

I. INTRODUCCIÓN

Dentro de la provincia fisiográfica de la Sierra Madre Oriental, la heterogeneidad geográfica es una característica que ha propiciado la diversificación de los ecosistemas y tipos de vegetación (Salinas et al., 2022). En esta cadena montañosa, las coníferas destacan como uno de los grupos con mayor extensión territorial, otorgándoles un papel de gran relevancia como componente ecológico principal. Dentro de la SMO existen aproximadamente 30 especies de coníferas (Gernandt y Pérez, 2014), estas especies cumplen con roles ecológicos importantes como evitar la erosión de los suelos, regulación de ciclos biogeoquímicos y ser fuente de alimento y refugio para otras especies animales y vegetales (Rzedowski y Huerta, 1994; Gosz, 1981). Este grupo muestra cierta preferencia por los sitios en altitudes por encima de los 2000 m.s.n.m. y climas templados, sin embargo, algunos de sus miembros se encuentran presentes en ecosistemas como bosques de galería, bosques mixtos e incluso matorrales xerófilos (Rzedowski y Huerta, 1994). Sin embargo, bajo el escenario actual del cambio climático, estas especies muestran una vulnerabilidad particular debido a sus requerimientos ambientales (precipitación, temperatura) y características de su hábitat (altitud, topografía). Así mismo, enfrentan amenazas como la sobreexplotación por el aprovechamiento, plagas e incendios forestales (Del Castillo et al., 2014).

Dada la importancia ecológica del grupo y las amenazas a las que se enfrenta, es evidente la necesidad de establecer medidas para su protección dentro de la SMO. En México, una de las principales estrategias para la protección de la diversidad es la designación de espacios conocidos como Áreas Naturales Protegidas (ANP); estas zonas tienen como objetivo principal preservar los ecosistemas naturales representativos del país, asegurando su mantenimiento y equilibrio (CONANP, 2022). Sin embargo, la eficiencia de estos espacios se ha visto comprometida debido a que su selección no siempre se realiza de la forma más adecuada (Blackman et al., 2015; Figueroa & Sánchez-Cordero, 2008; Salcido, 1995). Se ha documentado ya la carencia de una metodología sistematizada (CONABIO, 2007) que ha derivado en una preferencia por designar espacios no utilizables para actividades económicas (agricultura, ganadería), que son de difícil acceso, o que se basan en la presencia de especies bandera o endémicas. Dichas características se toman en cuenta sin analizar la composición y prioridad del ecosistema como tal (Eguiarte et al., 1999). Así mismo, se debe considerar que este no es el único problema de las ANP, en muchas ocasiones su deficiencia se encuentra

ligada a diversos conflictos de interés, la falta de financiamiento de las instituciones responsables de su monitoreo y gestión es una ventana de oportunidad para el aprovechamiento ilegal de los recursos naturales. Se ha registrado que dentro de estas zonas siguen ocurriendo actividades extractivas y cambios de uso de suelo, lo que perjudican a la flora (González-Fernández et al., 2022; Sánchez-Reyes et al., 2017) y a la fauna (Escobar-Luján et al., 2022; Sahagún-Sánchez et al., 2018).

De manera tradicional, la evaluación de la biodiversidad de un sitio se ha realizado utilizando parámetros con base en la riqueza de especies (Aguilar et al., 2021). Sin embargo, este tipo de métricas dejan de lado rasgos intrínsecos de las especies, como sus características funcionales e historia evolutiva, lo que es esencial para comprender las interacciones entre especies y ecosistemas (Cadotte et al., 2011). En este contexto, se ha explorado la posibilidad de realizar análisis incorporando estas características de las especies, con el objetivo de establecer metas de conservación más adecuadas (Escobar et al., 2022; Srivastava et al., 2012; Devictor et al., 2010), y que vayan de acuerdo con las problemáticas actuales asegurando la preservación de las especies y su función en el ecosistema.

Nuevos índices para la estimación de la diversidad han sido propuestos, por ejemplo, la diversidad filogenética (DF) propuesta por Faith (1992), incorpora las diferencias entre especies a través de su historia evolutiva, la cual es calculada con un árbol filogenético. El uso de este índice nos permite comparar entre comunidades las diferencias de composición de las especies, así como inferir la diversidad funcional y diferenciación filogenética de sus especies (Devictor et al., 2010). Así mismo, se ha propuesto otro índice que nos permite calcular la singularidad evolutiva de cada especie, esto se refiere a especies o linajes que hayan tenido cambios característicos que resultaron en divergencias únicas que contribuyen de forma significativa a la diversidad filogenética de un ecosistema o región. Este índice se conoce como distinción evolutiva (DE) (Cadotte et al., 2010). Este mismo análisis de DE permite priorizar especies vitales para los ecosistemas, analizando su singularidad evolutiva y relacionarlo con la categoría de riesgo de las especies nacional e internacional, lo que se conoce como índice EDGE y EDLE (Evolutionarily Distinct and Globally Endangered y Evolutionarily Distinct and Locally Endangered, por sus siglas en inglés) dándole aún más peso a aquellas especies con alta singularidad y un estado de conservación vulnerable (Forest et al., 2018; Pearse et al., 2015).

Con la aplicación de estas métricas, podemos analizar a especies y comunidades como unidades con características únicas, permitiéndonos realizar análisis de distribución de diversidad. Esto haría posible detectar regiones que sean prioritarias para la conservación, dada la composición de sus comunidades y la singularidad de sus especies (Posadas et al., 2001).

En este trabajo se plantea realizar un análisis de distribución de diversidad de las coníferas con los parámetros anteriormente descritos (DT, DF, y DE). Así mismo, evaluar la representatividad del grupo de las coníferas dentro de las ANP y detectar posibles zonas de alta diversidad, mismas que puedan ser consideradas como prioritarias y que no se encuentren correctamente representadas dentro de estas zonas. Igualmente se pretende detectar especies cruciales en el ecosistema, y generar antecedentes para en un futuro, poder integrar este tipo de análisis en la toma de decisiones para la designación de estos espacios o la modificación de sus polígonos.

II. ANTECEDENTES

2.1 Modelos de distribución potencial

Los modelos de distribución potencial se refieren a análisis realizados para estimar el área geográfica donde habita una especie determinada (Soberón et al., 2017). Se construyen con base en coordenadas de presencia de especies, las cuales se relacionan con capas bioclimáticas (precipitación, temperatura), topográficas (elevación) y edafológicas (tipo de suelo, pH del suelo). Con esta información el algoritmo de modelación analiza los requerimientos ambientales específicos para cada especie, y se encarga de proyectar la distribución de las especies en aquellas áreas del área de estudio que tienen las condiciones adecuadas para su establecimiento (Mateo et al., 2011). Es por ello que se conoce como distribución potencial, porque las áreas modeladas tienen el potencial de albergar individuos de las especies analizadas (Soberón & Peterson, 2005).

Por otra parte, el análisis de las variables climáticas que favorecen el establecimiento de las especies nos da la oportunidad de conocer aquellas variables altamente asociadas con la supervivencia de éstas (Manzanilla-Quñones et al., 2019). Esta información es relevante cuando se tienen objetivos como la prevalencia y protección a las poblaciones.

Sin embargo, los modelados de distribución potencial dependen en gran medida de la calidad de los insumos utilizados para su construcción, es decir, las capas ambientales y los registros de las especies. Específicamente en el caso de los registros, en muchas ocasiones se obtienen de bases de datos comunitarias, por lo que se asume su correcta identificación y localización (Rodrigues et al., 2022). Así mismo, los esfuerzos de muestreo generalmente son sesgados debido a la accesibilidad a las áreas naturales (Beck et al., 2014). No obstante, los modelados de distribución potencial son una herramienta importante para la biología de la conservación. Los esfuerzos de conservación requieren de un enfoque eficiente para la optimización de recursos. Hacer uso de los modelos de distribución potencial posibilita la selección de zonas con mayores probabilidades de éxito en caso de muestreos (García-Aranda et al., 2018).

Para el grupo de las coníferas de la Sierra Madre Oriental no se cuentan con mapas oficiales para su distribución, por lo que resalta la importancia de evaluar y conocer las zonas que tienen el potencial de albergar a las especies de acuerdo con sus condiciones climáticas.

2.2 Sierra Madre Oriental

En México existen 14 provincias fisiográficas, en la región noreste se encuentra la Sierra Madre Oriental (SMO), una zona de alta diversidad biológica que se considera como una provincia fisiográfica y unidad biótica por distintos autores (Suárez-Mota et al., 2017). Dentro de esta provincia existen distintos tipos de ecosistemas que albergan una alta diversidad, específicamente hablando de flora, se ha estimado la existencia de aproximadamente 6600 especies nativas (Villaseñor, 2016).

Dentro de la SMO existen condiciones climáticas diversas; se presentan comunidades vegetales como los matorrales xerófilos, bosques mesófilos de montaña, pradera alpina, bosques de galería, etc., dichas comunidades se distribuyen en función de las condiciones ambientales y geográficas igualmente diversas (Suárez-Mota et al., 2017).

Por otra parte, a pesar de la importancia y diversidad dentro de la SMO, existen factores que atentan contra la conservación y preservación de sus ecosistemas. Incendios forestales, cambio de uso de suelo y pérdida de la cobertura vegetal son algunas de las principales causas (Sahagún Sánchez, 2012; Sahagún-Sánchez et al., 2018).

2.2.1 Importancia y vulnerabilidad de las regiones montañosas en México.

En México, cerca del 23% del territorio se encuentra ocupado por montañas (Díaz y Villalobos, 2020). Estas zonas juegan un papel importante en el mantenimiento de los ecosistemas, en estas regiones ocurre el nacimiento de fuentes de agua y la regulación de ciclos biogeoquímicos y climáticos (Körner, 2004; 2007). Así mismo, son regiones en las que se encuentran niveles especialmente altos de biodiversidad y endemismos, donde habita al menos un tercio de la biodiversidad de especies terrestres en el mundo (Körner, 2007). La singularidad de estas características en las regiones montañosas es un derivado de los eventos geológicos y climáticos del pasado. Así mismo, rasgos como los gradientes altitudinales de las montañas, desempeñan un papel crucial en la configuración de las comunidades vegetales (Pérez-Watteijne, 2009).

El conjunto de los factores climáticos, geológicos y topográficos determinó la distribución actual de las especies vegetales. Específicamente, eventos climáticos como la última glaciación tuvieron un gran impacto en la restricción de la distribución de muchas especies,

especialmente aquellas con requerimientos ambientales específicos (Tonni, 1978), por ejemplo, *Picea mexicana*. No obstante, las regiones montañosas son áreas sumamente sensibles a fenómenos como el cambio climático. El equilibrio de sus ecosistemas es especialmente vulnerable a eventos como incendios forestales, deforestación y erosión de los suelos; mismos que ponen en alto riesgo a dichas regiones (Kohler et al., 2010; Spehn y Körner, 2011).

2.3 Coníferas del Noreste de México y su importancia ecológica

Dentro de la SMO y el Noreste de México se reportan aproximadamente 30 especies de coníferas representadas por los géneros *Pinus*, *Juniperus*, *Abies*, *Cupressus*, *Taxus* y *Taxodium* (Gernandt y Pérez, 2014). Dichas especies forman parte de los distintos ecosistemas vegetales dentro de esta región; comúnmente se establecen en regiones de clima frío y templado (e.g. bosques mesófilos, bosques de alta montaña). Sin embargo, también pueden encontrarse en zonas de clima cálido y árido (Sahagún Sánchez, 2012). La variación de su distribución se establece en función de sus requerimientos ambientales y los gradientes altitudinales, abarcando desde los 600 hasta los 3700 m.s.n.m. (Villaseñor, 2016).

Cabe destacar que la región Noreste del país destaca por la presencia de especies endémicas del grupo de las coníferas (e.g. *Pinus culminicola*, *Picea mexicana*, *Juniperus zanonii*), calificándola como una de las regiones más diversidad y como posible centro de diversificación del grupo (Estrada et al., 2014). Así mismo, dentro de la SMO existen importantes extensiones de bosques de coníferas, que funcionan como un pulmón para la zona metropolitana de Monterrey, así como refugio para la fauna nativa (Farjon, 1996).

Igualmente, la presencia de las especies de coníferas dentro de los ecosistemas de la SMO y el Noreste de México es esencial para la conservación de la dinámica de los ecosistemas. Estas especies cumplen funciones y servicios ecológicos como la regulación de los ciclos biogeoquímicos, producción de oxígeno, regulación de la temperatura e interacciones biológicas con especies animales y vegetales (Lutz et al., 2012).

No obstante, ante la evidente problemática ambiental que existe en todo el mundo, el grupo de las coníferas enfrenta desafíos que atentan contra su supervivencia; las sequías e incendios forestales son las mayores amenazas. Así mismo, algunas especies como *Pinus culminicola*,

Picea mexicana y *Taxus globosa* son especies cuya vulnerabilidad es mayor, debido a sus requerimientos ambientales específicos (altitud, temperatura), así como su limitada distribución (Saenz-Romero et al., 2017).

2.4 Evaluación de la diversidad

En materia de conservación, la evaluación de la diversidad biológica es fundamental. Es crucial contar con conocimiento especializado que nos ayude a comprender la diversidad biológica, sus cambios en el tiempo, y, de forma más específica, las amenazas emergentes para la biodiversidad. Así mismo, es una herramienta valiosa que nos permite cuantificar la magnitud de los daños ocasionados por actividades antropogénicas en los ecosistemas (Regan et al., 2007).

El conocimiento de la biodiversidad, su dinamismo y amenazas, es esencial para la planeación de estrategias de conservación que aseguren no solamente la protección de las especies, si no también sus interacciones biológicas y los servicios ecosistémicos proporcionados por las mismas. En pocas palabras, la evaluación de la biodiversidad proporciona una base sólida para la toma de decisiones y la gestión de los recursos naturales de nuestros ecosistemas (Storch y Okie, 2019; Spehn y Körner, 2010).

2.4.1 Riqueza de especies

El índice de la riqueza de especies es una herramienta básica en la evaluación de la biodiversidad, proporciona una medida cuantitativa de número de especies en un ecosistema o área específica. Es así, que se piensa que mientras mayor sea el índice de riqueza de especies, la diversidad y la capacidad de resiliencia en un ecosistema será mayor (Storch & Okie, 2019).

Sin embargo, el uso exclusivo del índice de riqueza de especies es controversial, ya que no toma en cuenta otras características relevantes de las especies como sus abundancias relativas ni las interacciones complejas que existen entre ellas (Delang & Li, 2013). El índice de riqueza de especies se enfoca solamente en la cantidad de especies presentes, lo que tiende a igualar su importancia y la relevancia de su presencia dentro del ecosistema. Esta homogeneización en la importancia de todas las especies de una comunidad impide la

priorización y la identificación de las especies más relevantes para el funcionamiento del ecosistema (Hellmann & Fowler, 1999).

Debido a lo anterior, se ha sugerido que es necesario el combinar el uso del índice de riqueza de especies con otros enfoques, esto con el objetivo de generar evaluaciones más completas de la biodiversidad, reduciendo así las limitaciones del índice de riqueza de especies y comprendiendo mejor la complejidad de los ecosistemas (Cadotte et al., 2010).

2.4.2 Diversidad filogenética

En la búsqueda de la integración de nuevas características intrínsecas de las especies, se ha formulado la propuesta de la inclusión de su historia evolutiva. Faith (1992) ha planteado una métrica conocida como diversidad filogenética (DF), la cual, cuantifica la variabilidad evolutiva de un grupo de especies en particular. Este índice considera las relaciones filogenéticas entre las especies, evaluando que tan diferentes son entre sí evolutivamente.

Los valores obtenidos en el análisis nos sirven para conocer la variabilidad filogenética entre los organismos de una comunidad, en este análisis, altos valores de DF indican mayor diferenciación evolutiva de las especies que la componen (Figura 1), dicho valor se asocia con una mayor diversidad de funciones y características dentro de la comunidad evaluada, de esta forma, los ecosistemas con mayor diferenciación evolutiva y mayor diversidad de características tendrán más posibilidades de adaptación y resiliencia bajo los escenarios actuales de pérdida de biodiversidad. (Srivastava et al., 2012).

La aplicación de estos índices es de especial relevancia en el análisis de múltiples comunidades, donde se busca conocer aquellas que contengan una mayor diversidad filogenética, las cuales se podrían incluir como regiones prioritarias para la conservación de los ecosistemas (Cadotte et al., 2010; Alzate et al., 2018).

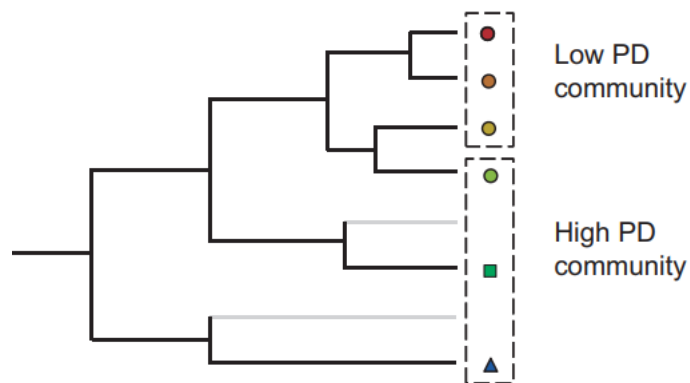


Figura 1. Representación de la composición de comunidades con baja y alta diversidad filogenética, obtenido de Srivastava y colaboradores (2012).

2.4.3 Distinción evolutiva, especies clave para los ecosistemas

La definición de una especie clave es distinta dependiendo de los autores, sin embargo, la mayoría está de acuerdo en que las especies clave contribuyen a mantener el equilibrio en los ecosistemas (Treviño, 2021). De acuerdo con esta característica, es necesario que se reconozcan y definan aquellas especies cuya presencia aporta algo significativo al ecosistema, de esta idea surge la incorporación de un índice conocido como distinción evolutiva.

El índice de distinción evolutiva (DE) desarrollado por Isaac y colaboradores (2007), es una herramienta que permite evaluar la singularidad filogenética de las especies dentro de un árbol filogenético. En otras palabras, el índice cuantifica la diferenciación evolutiva entre las especies, lo que permite identificar aquellas con historias evolutivas singulares. Se asume que las especies con altos valores de DE ocupan nichos ecológicos específicos dentro de las comunidades que habitan. Esto las posiciona como especies prioritarias para su protección y conservación, ya que generalmente carecen de especies filogenéticamente cercanas que pueden sustituir sus funciones ecológicas (Forest et al., 2018). La pérdida de especies con alta DE podría tener consecuencias significativas para la funcionalidad de los ecosistemas, como la desaparición de funciones e interacciones ecológicas específicas (Cadotte y Davis, 2010).

Se han realizado otras adaptaciones al índice de DE, con el objetivo de resaltar aún más la relevancia de ciertas especies en los ecosistemas. Es así como han surgido índices como EDGE (Evolutionarily Distinct and Globally Endangered) y EDLE (Evolutionarily Distinct

and Locally Endangered). Estas nuevas métricas, además de calcular la singularidad de la historia evolutiva de las especies, han incorporado su estatus de conservación a nivel internacional y nacional. Este nuevo enfoque permite la identificación de especies con historias evolutivas particulares y que se encuentren bajo algún riesgo, permitiendo su priorización y facilitando la planificación de acciones de conservación específicas para su protección (Forest et al., 2018; Pearse et al., 2015).

2.5 Áreas Naturales Protegidas

En México, una de las principales estrategias para la protección de la biodiversidad es la designación de espacios conocidos como Áreas Naturales Protegidas (ANP) (Salcido, 1995), históricamente la época de mayor auge en el nombramiento de estos espacios ocurrió durante el siglo XX en el mandato del presidente Lázaro Cárdenas, periodo durante el cual se decretaron la mayor parte de las ANP de jurisdicción federal que actualmente existen en México (Ocampo et al., 2014).

No obstante, la manera tradicional de selección de ANP ha carecido de una metodología sistematizada. Generalmente, características como paisaje, presencia de especies endémicas y la preservación de servicios ecosistémicos han sido seleccionadas para designar ANP. Sin embargo, otros factores de peso pueden ser la imposibilidad para realizar actividades económicas (agricultura, ganadería) y la falta de accesibilidad al sitio (CONABIO, 2007). Esto ha provocado la generación de vacíos y omisiones, lo que quiere decir que no todos los tipos de vegetación y ecosistemas se encuentran representados dentro de las ANP (Cantú et al., 2013)

Actualmente, en México existen 580 ANP (CONANP, 2022), las cuales se encuentran divididas dependiendo de su administración (federal, estatal, administración privada), e igualmente de acuerdo con su extensión territorial (monumento natural, reserva de la biósfera, etc.) (Jiménez et al., 2014). Dentro del noreste de la SMO se han designado 48 ANP, siendo algunas de las de mayor extensión el Parque Nacional Cumbres de Monterrey, la Cuenca Alimentadora del Distrito Nacional de Riego 026 Bajo Río San Juan y Reserva de la Biósfera el Cielo (UNEP-WCMC y IUCN, 2023). Algunas de estas ANP son cruciales para la protección del grupo de las coníferas, especialmente para especies endémicas como *Picea mexicana*, *Pinus culminicola* y *Juniperus zanonii* (Favela, 1999; González et al., 2004)

2.5.1 Efectividad de las Áreas Naturales Protegidas

A pesar de la importancia con la que cuentan las ANP en materia de conservación a la biodiversidad, la designación o nombramiento de estos espacios no garantiza la protección de las especies (Blackman et al., 2015). Diversos autores han reportado que aún dentro de las ANP situaciones como el cambio de uso de suelo, y pérdida de la cobertura vegetal debido a aprovechamiento maderable siguen siendo comunes (Gastón et al., 2008; Sahagún-Sánchez et al., 2018).

Así mismo, algunas de las ANP que cuentan con asentamientos humanos dentro de sus fronteras presentan conflictos con los pobladores, los cuales llevan a cabo actividades económicas que impactan directamente a la diversidad (e.g. ganadería, agricultura), mermando aún más la efectividad de las acciones de conservación (Figuroa & Sánchez, 2008; Murillo et al., 2011; Reyes et al., 2021).

Otro problema frecuente para las ANP es la subrepresentación o falta de inclusión de grupos taxonómicos o tipos de ecosistemas vegetales específicos (Salinas-Rodríguez et al., 2018). El último análisis realizado de vacíos y omisiones en la conservación reportaba que ninguna ANP protegía el 10% de la extensión del matorral de coníferas, porcentaje que se considera el mínimo necesario para la conservación de un ecosistema (CONABIO, 2007).

2.5.2 Representatividad dentro de las ANP

Las ANP tienen como objetivo principal preservar la integridad biológica de los diversos ecosistemas presentes en el país. Para lograr este propósito, es fundamental que todos los ecosistemas y tipos de vegetación estén adecuadamente representados dentro de los polígonos designados como ANP (CONABIO, 2007). El término 'representatividad' no solo se limita a la inclusión de todos los tipos de vegetación, sino que también implica la protección de un porcentaje específico de la extensión de estos ecosistemas para garantizar su integridad (Cantú, et al., 2011).

Se han establecido criterios para la evaluación de la representatividad de los ecosistemas; de forma general, se considera óptimo un porcentaje de protección entre el 12 y 17% de la superficie total de los distintos tipos de vegetación (Neri et al., 2022).

En investigaciones anteriores se ha documentado como la red de ANP de algunos estados de la republica no cumplen con el criterio de evolución descrito anteriormente. Respecto al grupo de las coníferas esto ha afectado ecosistemas como el bosque de oyamel, bosque de pino y bosque mesófilo de montaña (Neri et al., 2022; Cantú et al., 2011; Cantú et al., 2013).

III. JUSTIFICACIÓN

Las coníferas son un grupo vegetal representativo dentro del Noreste de México y la Sierra Madre Oriental. Esta cordillera alberga especies endémicas además de extensiones considerables cubiertas por estas especies. Dentro de las comunidades, las coníferas llevan a cabo servicios ecosistémicos como la regulación de la temperatura, ciclos biogeoquímicos, e interacciones biológicas con otras especies.

Sin embargo, frente a los escenarios actuales de cambio climático y cambio de uso de suelo, el grupo de las coníferas es altamente vulnerable. Siendo incendios forestales y aprovechamiento económico son algunas de las problemáticas a las que se enfrenta. Igualmente, algunas de las especies presentes en el Noreste de México cuentan con requerimientos ambientales específicos, lo que las vuelve especialmente sensibles a los cambios ambientales.

Incluir índices como la diversidad filogenética y distinción evolutiva, nos abre la puerta a un entendimiento más completo de la distribución de la diversidad. Permittiéndonos generar estrategias que garanticen la conservación de su diversidad y el aseguramiento de sus funciones para mantener el equilibrio de los ecosistemas. En este trabajo se plantea realizar un análisis de la distribución de la diversidad filogenética y riqueza de especies, además de evaluar la representatividad de estas especies dentro de las zonas designadas para la conservación de la biodiversidad (ANP). Así mismo, los resultados generados servirán para enriquecer y mejorar acciones futuras para la protección de estas especies. Igualmente, se plantea la evaluación de la distinción evolutiva de las especies, lo que permitirá determinar aquellas especies que requieran acciones de conservación específicas para garantizar su protección.

IV. HIPÓTESIS

Existe una discrepancia entre los polígonos establecidos para las Áreas Naturales Protegidas y las zonas de mayor riqueza de especies y diversidad filogenética de las coníferas de la Sierra Madre Oriental.

V. OBJETIVOS

5.1 Objetivo general

5.1.1 Analizar la distribución de la riqueza de especies y diversidad filogenética de las coníferas de la SMO.

5.2 Objetivos específicos

5.2.1 Modelar la distribución potencial actual de las especies de coníferas de la Sierra Madre Oriental.

5.2.2 Comparar la distribución espacial de la riqueza de especies y diversidad filogenética de las especies de coníferas de la SMO.

5.2.3 Determinar zonas de alto valor de riqueza de especies y diversidad filogenética de las coníferas de la SMO.

5.2.4 Evaluación de la representatividad de las especies de coníferas de la SMO dentro de las ANP del Noreste de México.

5.2.5 Evaluar el índice de distinción evolutiva de las especies (EDGE y EDLE) para detectar posibles especies prioritarias.

VI. MATERIAL Y MÉTODOS

6.1 Área de estudio

La Sierra Madre Oriental es una cordillera montañosa en el este de México, ubicada entre las coordenadas 25°22'00"N 100°33'00"O. Tiene una longitud de aproximadamente 1300 km. Su cumbre de mayor altitud está ubicada en el cerro el Potosí con 3,720 m.s.n.m. (Figura 2).

El noreste de México se compone por los estados de Coahuila, Nuevo León y Tamaulipas, en cuya superficie existen un total de 48 Áreas Protegidas decretadas, la mayor parte de ellas de jurisdicción federal (CONANP, 2022).

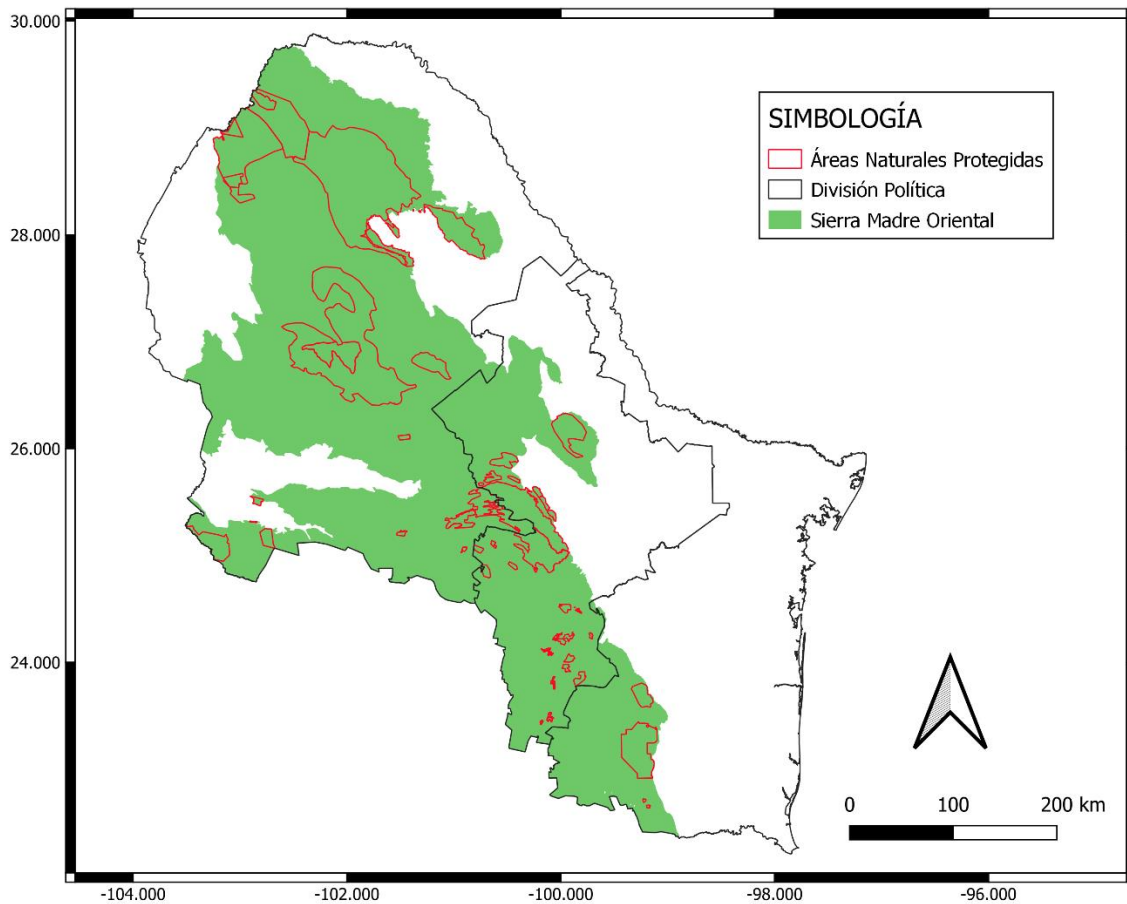


Figura 2. Provincia fisiográfica de la Sierra Madre Oriental (SMO) y las Áreas Naturales Protegidas (ANP).

6.2 Colecta y procesamiento de muestras

6.2.1 Selección de especies

Para la selección de especies (Tabla 1) se revisaron distintos listados de especies de coníferas de la Sierra Madre Oriental (Salinas et al., 2022; Alanís-Flores, 2004; Reséndiz, 2009) y se seleccionaron un total de 29 especies reportadas para el área de estudio.

Tabla 1. Listado de especies seleccionadas y su estatus de conservación de acuerdo con la IUCN y NOM-059 (categorías de la NOM-059 fueron homologadas con la IUCN, ver tabla 3).

Familia	Especie	IUCN	NOM-059
Cupressaceae	<i>Cupressus arizonica</i>	LC	-
	<i>Juniperus angosturana</i>	VU	-
	<i>Juniperus coahuilensis</i>	LC	-
	<i>Juniperus deppeana</i>	LC	-
	<i>Juniperus flaccida</i>	LC	-
	<i>Juniperus pinchotii</i>	LC	-
	<i>Juniperus saltillensis</i>	EN	-
	<i>Juniperus zanonii</i>	LC	NT
	<i>Taxodium mucronatum</i>	LC	-
Pinaceae	<i>Abies vejarii</i>	VU	VU
	<i>Picea martinezii</i>	EN	EN
	<i>Picea mexicana</i>	EN	EN
	<i>Pinus arizonica</i>	LC	-
	<i>Pinus arizonica var. stormeae</i>	VU	-
	<i>Pinus cembroides</i>	LC	-
	<i>Pinus cembroides var. bicolor</i>	-	NT
	<i>Pinus culminicola</i>	EN	EN
	<i>Pinus greggi</i>	VU	-
	<i>Pinus hartweggi</i>	LC	-
	<i>Pinus montezumae</i>	LC	-
	<i>Pinus nelsonii</i>	EN	EN
	<i>Pinus patula</i>	LC	-
	<i>Pinus pinceana</i>	LC	EN
	<i>Pinus pseudostrabus</i>	LC	-
	<i>Pinus remota</i>	LC	NT
	<i>Pinus strobiformis</i>	LC	-
	<i>Pinus teocote</i>	LC	-
	<i>Pseudotsuga menziesii</i>	LC	NT
Taxaceae	<i>Taxus globosa</i>	EN	NT

6.2.2 Colecta de material vegetal

La colecta de material vegetal se llevó a cabo en distintas localidades de la SMO, acudiendo a los sitios donde se tenían registros de presencia. Se tomaron de 3 a 4 muestras de hojas por especie (aproximadamente 10 g); dichas muestras se conservaron dentro de bolsas ziploc con sílica gel para su procesamiento en el Laboratorio de Ecología Molecular de la Facultad de Ciencias Biológicas de la UANL.

6.2.3 Procesamiento y extracción de DNA

Para realizar la extracción de DNA, se tomó una muestra de tejido foliar de 0.1 g de cada una de las especies colectadas y se utilizó el método de extracción de CTAB por Doyle y Doyle (1987) (modificado por Favela, 2004). Se colocaron las muestras en un gel de agarosa al 1% para observar la calidad del DNA por medio de una electroforesis, utilizando un Buffer Sodio-Borato (SB 1X).

La electroforesis se realizó por un periodo de 20 minutos, a 140v y 400ma, el gel se tiñó con 1 μ L de GelRed Nucleic Acid Gel Stain, 100X por muestra, adicionándolo directamente a la muestra que se cargó en el gel de agarosa. El DNA se observó en un fotodocumentador UVP MultiDoc-it (Digital Imaging System).

Como último paso, el DNA genómico obtenido se cuantificó para determinar la pureza de la muestra utilizando un espectrofotómetro NanoDrop 2000 (UV-Vis Spectrophotometer, Thermo Scientific) a 260 nm de absorbancia, con la finalidad de estandarizar la cantidad de DNA utilizada en cada reacción.

6.2.4 Amplificación de DNA (PCR) y secuenciación

Después de la evaluación de la calidad del DNA extraído, se procedió a realizar una amplificación parcial de dos genes de cloroplasto, *rbcL* y *trnL-trnF*. Las reacciones fueron preparadas a un volumen final de 25 μ L conteniendo 17.5 μ L de H₂O, 5 μ L de Reaction Buffer (Bioline), 0.5 μ L de cada uno de los primers (Forward y Reverse), 1.25 μ L de DNA y 0.25 μ L de Taq polimerasa (Bioline). Se realizaron un total de 35 ciclos de amplificación con cada primer de acuerdo con las condiciones descritas (Tabla 2).

Tabla 2. Secuencias y condiciones de los primers que se utilizaron en la amplificación de PCR.

Primer	Secuencia	Condiciones de amplificación		
		Desnaturalización	Alineamiento	Extensión
RbcL F'	ATGTCACCACAAACAGAGACTAAAGC	94°C	55°C	72°C
RbcL R'	GTAAAATCAAGTCCACCRCG			
trnL-trnF F'	ATTTGAACTGGTGACACGAG	94°C	56°C	72°C
trnL-trnF R'	CGAAATCGGTAGACGCTACG			

Se enviaron 20 μ L para secuenciación y con los 5 μ L restantes se realizaron análisis de confirmación con un gel de agarosa al 1%, colocando 4 μ L de la muestra junto con 1 μ L de GelRed Nucleic Acid Gel Stain, 10X por muestra. Se utilizó también un marcador de peso molecular (1000 pb) para verificar los tamaños de los fragmentos amplificados. La electroforesis se llevó a cabo durante 35 minutos a 110v y 400mA utilizando un Buffer Sodio-Borato (SB 1X), una vez terminada la electroforesis, se observó el gel de agarosa en el fotodocumentador para visualizar el fragmento amplificado.

Finalmente, se confirmó la longitud y calidad del fragmento amplificado con el gel de agarosa y se procedió a la purificación del producto de PCR utilizando el kit QIAquick PCR Purification. Una vez terminado el proceso de purificación se procedió al envío de las muestras para secuenciación a la empresa LANGEBIO, CINVESTAV, (Irapuato, Gto., México) para su procesamiento bajo los parámetros estipulados por la empresa.

6.2.5 Búsqueda de secuencias

Además de las secuencias generadas con las muestras colectadas y la amplificación de los productos de PCR (Tabla 2), fue necesario realizar una búsqueda en el GenBank para incluir un tercer gen en la alineación múltiple. El gen seleccionado fue el gen de cloroplasto MatK, se obtuvieron las secuencias de 28 de las 29 especies seleccionadas. *Juniperus zanonii* fue la única especie que no contaba con una secuencia, por lo que la alineación final de esta especie solamente contaba con dos genes, lo que fue especificado en el software *Mr.Bayes* al momento de realizar el árbol filogenético.

6.3 Modelado de distribución potencial

Para la construcción de los modelos de distribución de las especies, el primer paso fue conseguir información y registros de las especies, para ello, se utilizó la plataforma GBIF (GBIF.org, 2022). Se descargaron y depuraron los registros de las 29 especies seleccionadas, se eliminaron registros repetidos además de conservar únicamente los registros que estuvieron al menos a 1 km de distancia, e igualmente retirando aquellos que presentaban valores atípicos en su análisis con las variables bioclimáticas (registros con coordenadas posiblemente incorrectas).

Para el proceso de modelado y limpieza de registros se utilizaron 15 de las 19 capas bioclimáticas para México de Cuervo y colaboradores (2014) (Tabla 3). Se siguieron las instrucciones para crear un modelo de distribución potencial basado en elipsoides de volumen mínimo, esto con el paquete *ntbox* de *Rstudio* (Osorio-Olvera et al., 2020) (ANEXO B) cuyo producto final fue la generación de una capa ráster que representaba la distribución potencial de cada especie (Anexo A).

Tabla 3. Variables bioclimáticas utilizadas.

Código	Nombre
BIO1	Temperatura media anual
BIO2	Rango diurno medio
BIO3	Isotermalidad
BIO4	Estacionalidad de la temperatura
BIO5	Máxima temperatura del mes más cálido
BIO6	Mínima temperatura del mes más frío
BIO7	Rango anual de temperatura
BIO8	Temperatura media del trimestre más húmedo
BIO9	Temperatura media del trimestre más seco
BIO10	Temperatura media del trimestre más cálido
BIO11	Temperatura media del trimestre más frío
BIO12	Precipitación anual
BIO13	Precipitación del mes más lluvioso
BIO14	Precipitación del mes más seco
BIO15	Estacionalidad de las precipitaciones

6.4 Análisis de datos

6.4.1 Análisis de secuencias y construcción de filogenia

6.4.1.1 Análisis de secuencias

Una vez que se recibieron las secuencias, se procedió a su edición utilizando el software *Geneious Prime* (Geneious Prime, 2022). Se verificó su calidad, se alinearon utilizando el algoritmo *Muscle*, y finalmente se realizaron los recortes necesarios para que se tuviera el mismo número de pares de bases en todas las secuencias correspondientes al mismo gen.

6.4.1.2 Selección del modelo evolutivo

Una vez que las alineaciones de cada gen estuvieron listas (*rbcL*, *trnL-trnF* y *matK*), fueron sometidas a un análisis individual (por gen) para determinar el modelo evolutivo que mejor se ajustara en cada caso. Este procedimiento se realizó en el software *JModelTest* (Guindon y Gascuel, 2003; Darriba et al, 2012) utilizando los criterios de información de Akaike (AIC), donde se escogió el modelo evolutivo con el AIC más bajo, ya que indica un mejor ajuste del modelo con los datos.

6.4.1.3 Construcción de árbol filogenético y análisis bayesiano

Posteriormente a la selección de los modelos evolutivos, se realizó la concatenación de los tres genes para generar una sola secuencia por especie. Esta nueva alineación se analizó en el programa *Mr. Bayes* (Huelsenbeck y Ronquist, 2001), mismo donde se especificaron las particiones y el modelo evolutivo correspondiente a cada gen. Se corrió un análisis de 1,000,000 de generaciones, con un parámetro de burnin de 25% (Anexo B).

Una vez terminado el análisis bayesiano, el archivo *Nexus* resultante se editó en el programa *FigTree* (Rambaut, 2010) para mejorar la apariencia e interpretación del árbol filogenético.

6.4.2 Generación de mapas de distribución de diversidad

6.4.2.1 Construcción de matriz de comunidades

Para llevar a cabo los análisis de distribución de riqueza de especies y diversidad filogenética, se construyó una matriz de comunidades. El área de estudio se dividió en cuadrantes de 1 x 1 km, coincidiendo con las dimensiones de las celdas o píxeles de las capas ráster generadas

en los modelos de distribución potencial. En *Rstudio*, utilizando el paquete "*raster*" (Hijmans et al., 2013), estas capas se sumaron para obtener los valores de riqueza de especies en cada celda. Posteriormente, la capa ráster resultante de la suma se vectorizó en el programa *QGIS*, y de ella se extrajo una tabla de atributos que sirvió como matriz de comunidades. Esta matriz tiene filas que representan las celdas y columnas que representan las especies. Se completó la matriz asignando los valores 1 (indicando presencia) y 0 (indicando ausencia de la especie) según corresponde.

6.4.2.2 Análisis de diversidad filogenética (DF)

Para realizar el análisis de la diversidad filogenética se construyó un *Script* (Anexo C) en el programa *Rstudio* con los paquetes de *vegan* (Oksanen et al., 2022), *ape* (Paradis y Schliep, 2019), y *picante* (Kembel et al., 2010); en dicho *script* se utilizaron los archivos de la matriz de comunidades y el árbol filogenético previamente generados. Con este *script*, el software *Rstudio* realizó los cálculos de diversidad filogenética mediante la sumatoria de la longitud de las ramas del árbol filogenético de las especies presentes en cada celda. De este modo, el archivo resultante correspondió a un archivo de valores (.csv) el cual contenía la información de las coordenadas de todos los cuadrantes del área de estudio y sus valores de DF. Finalmente, para obtener el mapa de distribución de DF, este archivo fue espacializado proyectando esta información en el área de estudio resultando en una capa de tipo *ráster*.

6.4.2.3 Análisis comparativos de DF y RE

Después de generar las capas ráster que representan la distribución de la diversidad filogenética (DF) y la riqueza de especies (RE), fue necesario normalizar estos datos. Este procedimiento se llevó a cabo dividiendo los valores de todas las celdas entre el valor máximo en la respectiva capa, resultando en una nueva capa con una escala normalizada entre 0 y 1, es decir, una capa de proporciones. Esta normalización se realizó para facilitar la interpretación y la comparación entre ambas medidas de diversidad (DF y RE).

6.4.2.4 Identificación de zonas con altos valores de diversidad

Después de generar las capas ráster que representan la distribución de la riqueza de especies (RE) y la diversidad filogenética (DF), se creó una tercera capa combinando ambas mediante la suma de sus valores respectivos. Esta nueva capa fue analizada para identificar áreas donde

se encontraban los valores máximos tanto para la riqueza de especies como para la diversidad filogenética. Estas zonas, donde coincidían los máximos valores de RE y DF, fueron identificadas como prioritarias para la conservación de las coníferas. Esta priorización se basó en la elevada presencia de especies y la composición de la comunidad, atribuyendo así los valores más altos de diversidad filogenética.

6.4.2.5 Análisis de representatividad

Para evaluar la representatividad de las coníferas en las Áreas Naturales Protegidas (ANP), se utilizó la capa de uso de suelo y vegetación Serie VII (INEGI, 2021). Mediante esta capa vectorial, se calculó el área (en Km²) de la cobertura vegetal de los diversos tipos de vegetación que presentan una mayor presencia de coníferas, de acuerdo con la descripción de la Guía para la interpretación de cartografía Uso del Suelo y Vegetación (INEGI, 2017). Esta área de cobertura vegetal se comparó con la extensión de los diferentes tipos de vegetación dentro de las ANP, permitiendo obtener porcentajes de representatividad. Estos porcentajes indican en qué medida los distintos tipos de vegetación, especialmente aquellos con presencia de coníferas, están representados dentro de las ANP.

6.4.3 Distinción evolutiva, EDGE Y EDLE

Para realizar los análisis de distinción evolutiva, EDGE y EDLE, fue utilizado el paquete de *RStudio phyloregion* (Daru et al., 2020), donde se desarrolló un *script* (Anexo E). Se recopiló la información del estado de conservación de las especies seleccionadas, tanto a nivel global (IUCN), como a nivel local (NOM-059). El paquete de *RStudio* utilizado solamente reconoce los estados de conservación determinados por la IUCN, por lo tanto, fue necesario homologar los términos utilizados por la NOM-059 para poder llevar a cabo el análisis (Tabla 3).

Tabla 4. Categorías de riesgo internacionales (IUCN) y su homologación con las categorías de riesgo nacionales (NOM-059), de acuerdo con CONABIO (2022).

Criterios Internacionales (IUCN)	Criterios Nacionales (NOM-059)
Least concern (LC)	No está presente en la lista
Near Threatened (NT)	Sujetas a protección especial (Pr)
Vulnerable (VU)	Amenazada (A)
Endangered (EN)	En Peligro (P)
Critically endangered (CR)	

VII. RESULTADOS

7.1 Modelos de distribución potencial

Se generaron los modelos de distribución para las 29 especies seleccionadas (Tabla 1). En los mapas generados, el área de estudio correspondiente a la SMO esta delineada en color rojo, así como la división política de los estados del Noreste de México se aprecia con líneas negras. La distribución de las especies se representa por las áreas en color azul (Figura 3). Es evidente la variación en el área de distribución potencial modelada para cada especie, por ejemplo, podemos observar como para la especie *Pinus cembroides* (Figura 3A) el área es mucho mayor en comparación a la especie *Picea mexicana* (Figura 3D). Esta diferencia en el área de distribución potencial se debe a los diferentes requerimientos ambientales que tiene cada especie. Mientras *P. cembroides* se distribuye en altitudes entre los 1300 y 2800 m.s.n.m. en zonas áridas a través de toda la SMO, *P. mexicana* tiene requerimientos más restringidos en elevación (2600 a 3000 m.s.n.m.) en zonas más frías.

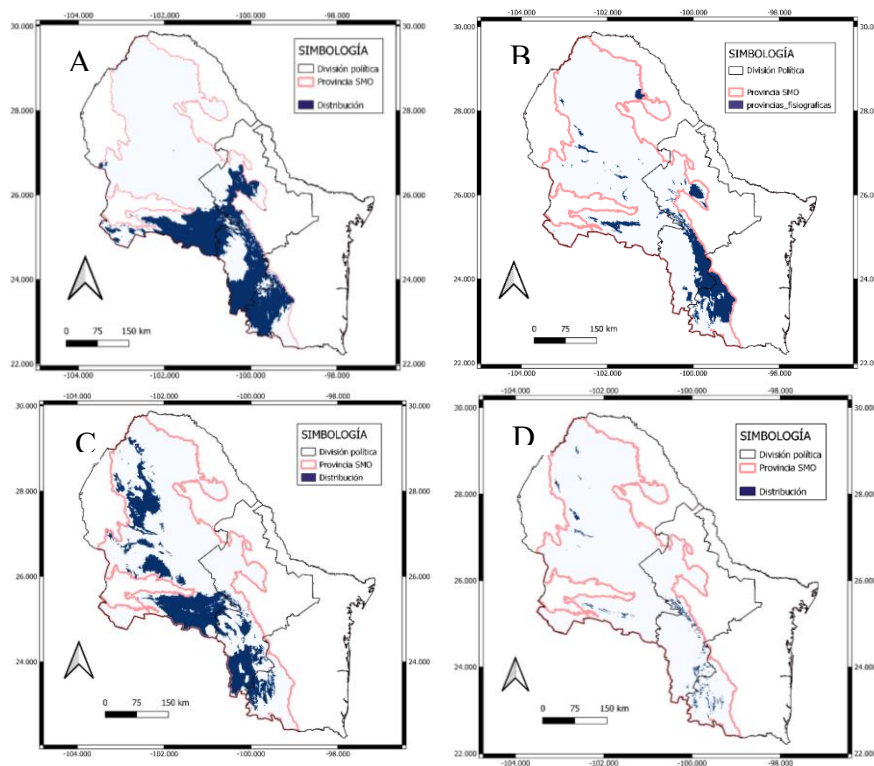


Figura 3. Modelos de distribución potencial de distintas especies A) *Pinus cembroides*; B) *Taxus globosa*; C) *Juniperus saltillensis*; D) *Picea martinezii*.

7.2 Análisis de distribución de diversidad

7.2.1 Distribución de la riqueza de especies

Tomando en cuenta los modelos de distribución de las especies generados, se construyó una capa ráster representando la distribución de la riqueza de especies normalizada (escala 0-1) (Figura 4). En este mapa podemos observar distintas tonalidades rojizas, las cuales representan el número de especies en el área. Una mayor intensidad en el color refleja la conjunción de un mayor número de especies. De forma general, se observa un patrón de distribución de riqueza de especies que es escaso en la región norte de la SMO, y se hace más intenso a medida que se lleva a latitudes más al sur. Específicamente dentro de la región de la Sierra Plegada se observa la ocurrencia de un mayor número de especies dentro del mismo espacio. Así mismo, en el mapa generado (Figura 4) se muestran los polígonos correspondientes a las ANP. Al realizar un análisis visual, se puede observar que algunas de las zonas de altas riqueza de especies se encuentran dentro de ciertas ANP (Parque Nacional Cumbres de Monterrey, Cuenca Alimentadora del Distrito Nacional de Riego 026 Bajo Río San Juan). Sin embargo, la zona donde se aprecia la riqueza de especies más alta (entre los municipios de Aramberri, Iturbide, Galeana, Rayones, Morelos, Linares, Santiago y Santa Catarina) se encuentra fuera de alguna ANP.

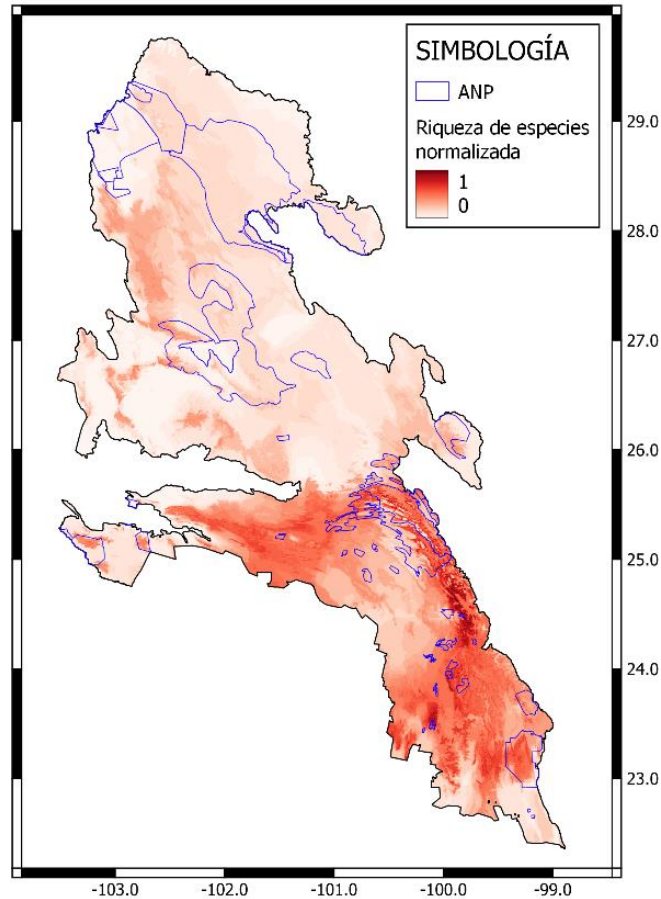


Figura 4. Mapa de distribución de la Riqueza de Especies de las coníferas del Noreste de México dentro de la provincia fisiográfica de la SMO.

7.2.2 Distribución de diversidad filogenética

Como parte de la metodología para la evaluación de la diversidad filogenética fue necesaria la construcción de un árbol filogenético (Figura 5). Dentro del árbol filogenético generado, podemos observar la separación de las tres familias en las que se encuentran las especies seleccionadas, así como al grupo externo. En el parte inferior resaltado en color rojo podemos ver al grupo externo, en este caso corresponde a la especie *Ginkgo biloba*. Así mismo, se muestra como la familia *Pinaceae* es la más antigua del grupo, posicionándose en la parte inferior del árbol, esta familia surgió hace aproximadamente 340 millones de años. Las familias *Taxaceae* y *Cupressaceae* son familias hermanas que forman un grupo monofilético que se separó hace aproximadamente 211 millones de años (Lu et al., 2014). El árbol filogenético generado exhibe valores de probabilidad posterior entre 0.51 y 1, lo que se consideran como relaciones evolutivas con buen soporte.

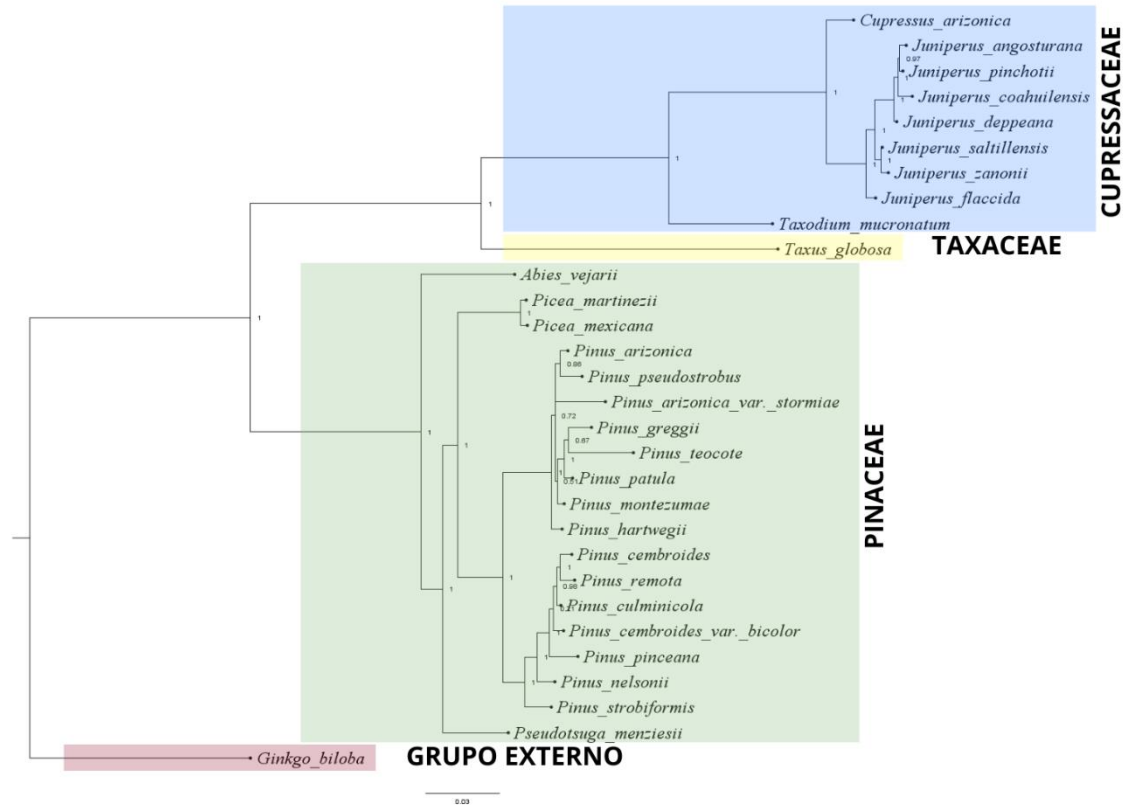


Figura 5. Árbol filogenético obtenido por inferencia bayesiana. El número junto a los nodos indica la probabilidad posterior de certidumbre de las relaciones filogenéticas. La escala inferior representa las distancias genéticas en sustituciones de nucleótidos por sitio.

Así mismo, como parte de la evaluación de la distribución de la diversidad filogenética (DF), se generó una capa ráster que muestra su distribución (Figura 6). En este mapa, podemos observar en escala de rojos la distribución de los valores de diversidad filogenética. Al igual que el mapa de distribución de riqueza de especies (Figura 4), podemos observar un patrón de tonalidades que se intensifica en la parte sur de la SMO. Es importante señalar que la DF tiende a ser mayor en comunidades con especies filogenéticamente distintas. En la parte norte de la SMO la riqueza de especies es menor, las condiciones ambientales más áridas presentes limitan el tipo de especies que pueden establecerse en la zona, lo que resulta en comunidades evolutivamente similares. En contraste, la zona sur de la SMO, específicamente en la gran sierra plegada, las condiciones climáticas y topográficas permiten el establecimiento y diversificación de un mayor número de especies. Lo que origina comunidades evolutivamente diversas.

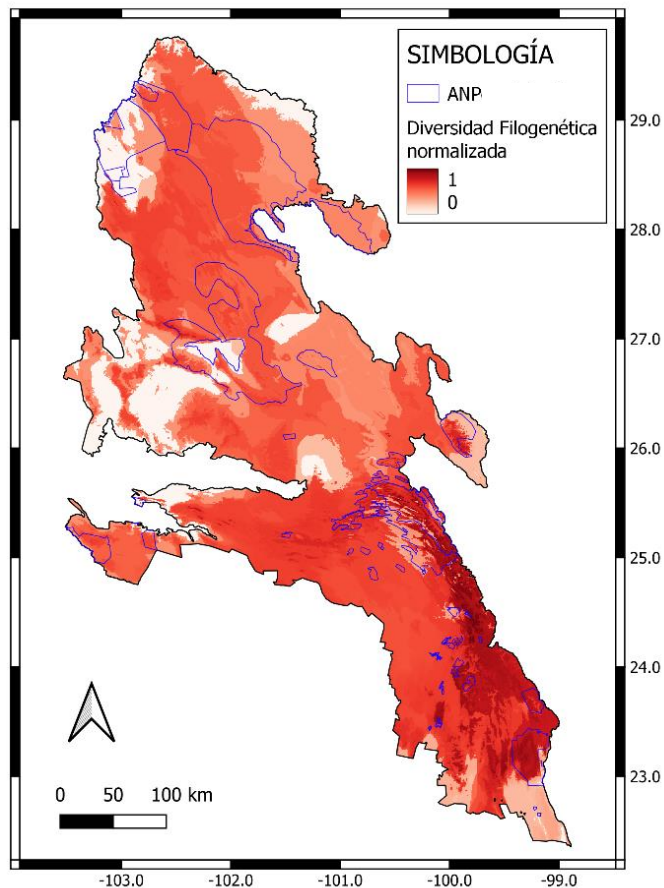


Figura 6. Mapa de distribución de la Diversidad Filogenética de las coníferas del Noreste de México dentro de la provincia fisiográfica de la SMO (A. Escala bruta, B. Escala normalizada).

7.3 Diversidad filogenética y Riqueza de especies

Así como en la capa de distribución de RE (Figura 4) y DF (Figura 6), se generó un mapa de distribución de la RE+DF (Figura 7), con la intención de analizar las zonas donde coinciden los mayores valores de ambos índices. Así mismo, se agregaron los polígonos de las ANP dentro del mapa, esto con la intención de reconocer las ANP que contenían o se ubicaban cerca de las zonas más diversas. Se realizó un análisis visual preliminar. El patrón de distribución que pudo observarse siguió la misma tendencia que los mapas anteriores (Figura 4 y 6). De forma general, en la parte norte de la SMO se tienen valores más bajos de diversidad, mientras que en la parte sur se concentran las zonas de mayor RE+DF. Se pueden distinguir las áreas de color más intenso por debajo del Parque Nacional Cumbres de Monterrey y la Cuenca Alimentadora del Distrito Nacional de Riego 026 Bajo Río San Juan. Cercano al área de mayor intensidad, se puede notar la presencia de tres ANP de menor

tamaño, las cuales corresponden a La Purísima y a dos ANP voluntarias para la protección del Lobo Mexicano (Corona del Rosal y el Saucillo).

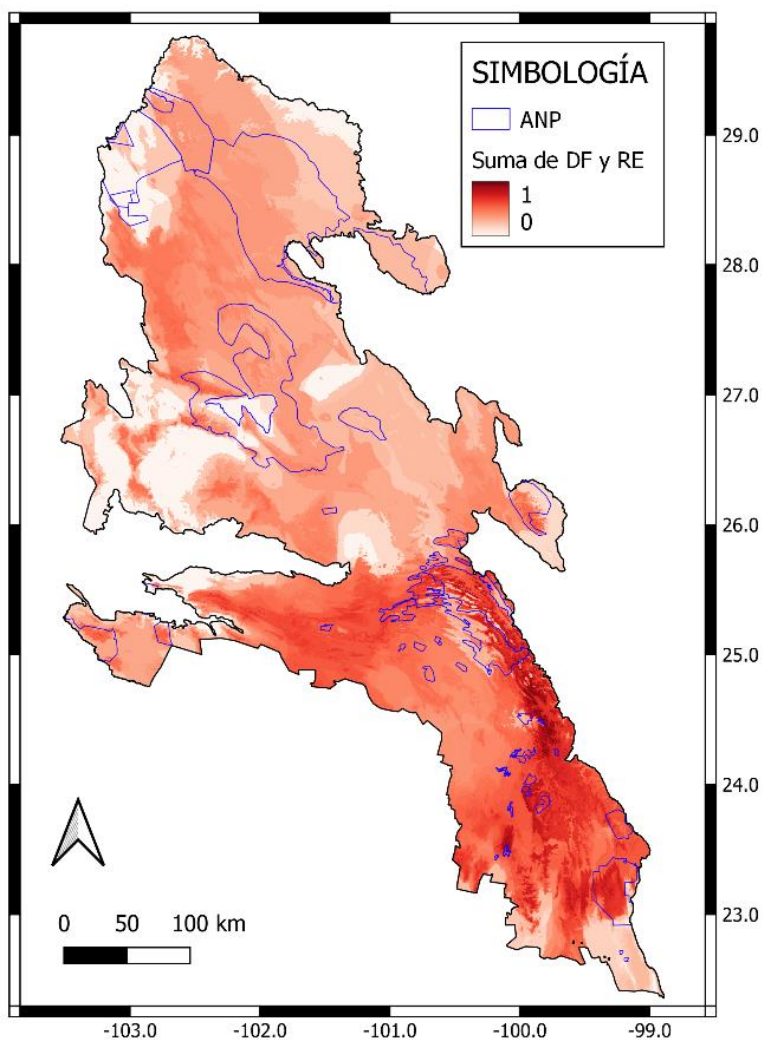


Figura 7. Mapa de distribución de las zonas de mayor Diversidad Filogenética y riqueza de especies de las coníferas del Noreste de México dentro de la provincia fisiográfica de la SMO.

Se identificaron tres zonas de alta DF+RE (Figura 8A); la primera de ellas entre municipios de Iturbide, Galeana Aramberri y Rayones del estado de Nuevo León (zona A), así como dos zonas aisladas dentro de la zona sur, en los municipios de General Zaragoza, Nuevo León (zona B) y Mier y Noriega, Nuevo León (zona C). Anteriormente, se había realizado una propuesta de designación de zonas terrestres prioritarias para la conservación (Arriaga et al., 2000). Resulta interesante la comparación de las zonas identificadas y anteriormente propuestas (Figura 8B) debido a que hay una coincidencia parcial con algunos polígonos.

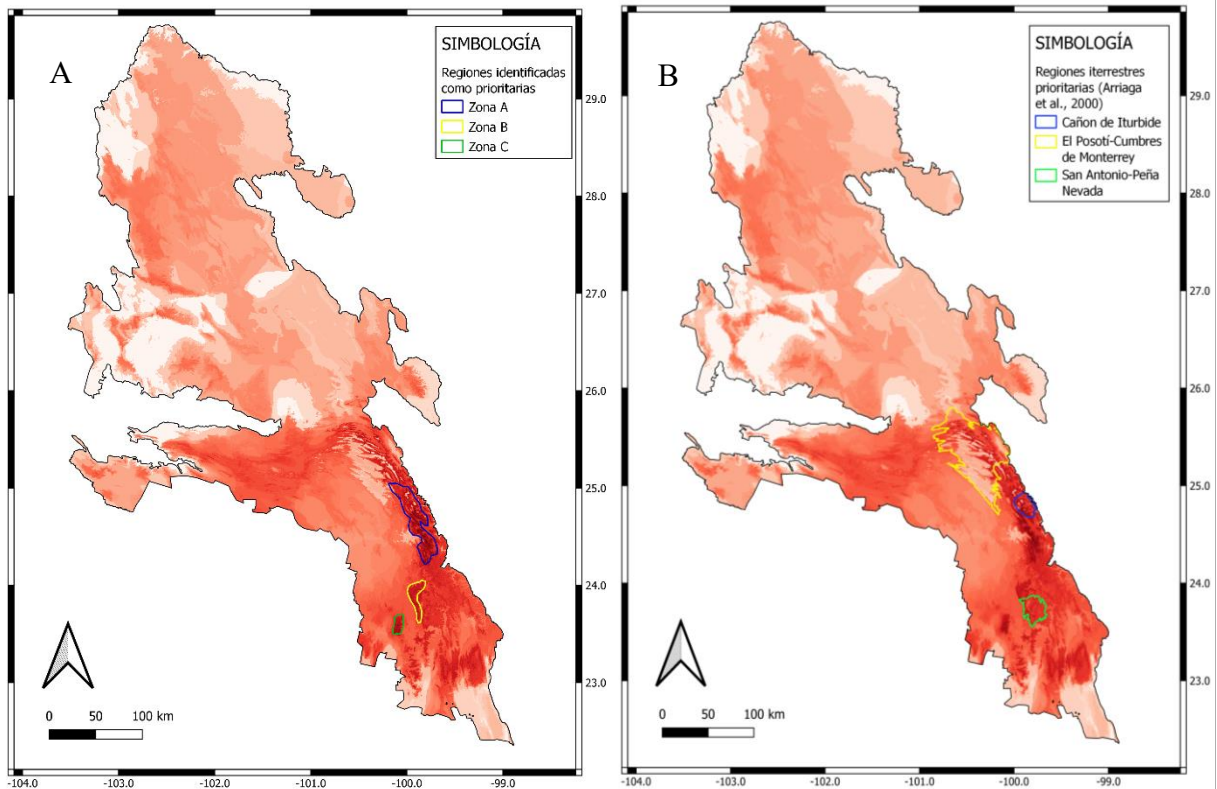


Figura 8. Mapa de distribución de las zonas de mayor DF + RE. A) Polígonos de las zonas identificadas como prioritarias. B) regiones terrestres prioritarias de Arriaga y colaboradores (2000).

7.4 Análisis de representatividad de las coníferas dentro de las ANP

Para la prueba de representatividad, se evaluó el porcentaje de superficie de los distintos tipos de vegetación con presencia de coníferas dentro de la SMO y las ANP (Tabla 5). El bosque de pino es el tipo de vegetación con una mayor superficie (3149 Km²), mientras que el bosque de oyamel (Género *Abies*) es el tipo de vegetación con la menos superficie ocupada dentro de la SMO (18 Km²). No obstante, todos los tipos de vegetación tienen un porcentaje de representatividad mayor al 12%, lo que se considera como el mínimo necesario para la protección de ecosistema.

Tabla 5. Cobertura superficial de los distintos tipos de vegetación con presencia de coníferas y su porcentaje de representatividad dentro de las ANP del Noreste de México dentro de la SMO.

Tipo de vegetación	Superficie (Km²)	Superficie dentro de ANP	% de representatividad
Bosque de Pino	3149	874.39	27.77
Bosque de Pino-Encino	2672	737	27.58
Bosque de Oyamel	18	7.73	42.94
Bosque de Táscate	321	67.94	21.17
Bosque Mesófilo de Montaña	212	163.96	77.34
Vegetación de Galería	38.5	14.6	37.92

7.5 Distinción evolutiva (DE)

Para la cuantificación de la distinción evolutiva se utilizó el árbol filogenético generado (Figura 5), se construyó una tabla (Tabla 4) donde se observan los valores de distinción evolutiva para cada especie. Igualmente, se obtuvieron los valores para la distinción evolutiva relacionada con la categoría de riesgo global (EDGE) y la distinción evolutiva relacionada con la categoría de riesgo local (EDLE) (Categorías de riesgo en Tabla 1).

Las cinco especies con mayor valor de distinción evolutiva fueron *Taxus globosa*, *Taxodium mucronatum*, *Abies vejarii*, *Juniperus coahuilensis* y *Pinus teocote*. Al calcular el valor de EDGE, las especies más altas fueron *Taxus globosa*, *Juniperus saltillensis*, *Picea mexicana*, *Picea martinezii*, *Pinus nelsonii* y *Pinus culminicola*. Por otra parte, las especies de mayor valor con respecto al índice EDLE fueron *Pinus pinceana*, *Picea mexicana*, *Picea martinezii*, *Pinus nelsonii* y *Pinus culminicola*. Existen diferencias entre las especies prioritarias para el índice EDGE y EDLE, esto se debe a los distintos criterios que se utilizan de forma nacional e internacional para asignar las categorías de riesgo. Así mismo, algo que se pudo apreciar al momento de definir las categorías de riesgo para las especies utilizadas, es que algunas de ellas no son reconocidas como especies por la IUCN. Este es el caso de *Picea mexicana*, la cual es reconocida como una especie por la NOM-059, mientras que para la IUCN se considera una variedad. Igualmente, en el caso de *Pinus cembroides* var. *bicolor*, este organismo es reconocido por la NOM-059 como *Pinus johannis*, sin embargo, no se encuentra como especie ni como variedad dentro de la IUCN.

Tabla 6. Valores de distinción evolutiva (DE), distinción evolutiva relacionada con la categoría de riesgo global (EDGE) y distinción evolutiva relacionada con la categoría de riesgo local (EDLE).

Especies	Distinción Evolutiva (DE)	EDGE	EDLE
<i>Abies vejarii</i>	0.04167	0.04776	0.11014
<i>Cupressus arizonica</i>	0.03664	0.03668	0.03668
<i>Juniperus angosturana</i>	0.03412	0.10286	0.03424
<i>Juniperus coahuilensis</i>	0.03693	0.03695	0.03695
<i>Juniperus deppeana</i>	0.03180	0.03200	0.03200
<i>Juniperus flaccida</i>	0.03201	0.03220	0.03220
<i>Juniperus pinchotii</i>	0.03272	0.03289	0.03289
<i>Juniperus saltillensis</i>	0.03034	0.49429	0.03058
<i>Juniperus zanonii</i>	0.03283	0.03283	0.03923
<i>Picea martinezii</i>	0.01961	0.48383	0.48383
<i>Picea mexicana</i>	0.02000	0.48421	0.48421
<i>Pinus arizonica</i>	0.01255	0.01317	0.01317
<i>Pinus arizonica var. stormiae</i>	0.02881	0.09772	0.02910
<i>Pinus cembroides</i>	0.01504	0.01562	0.01562
<i>Pinus cembroides var. bicolor</i>	0.01329	0.01389	0.02013
<i>Pinus culminicola</i>	0.01136	0.47570	0.47570
<i>Pinus greggii</i>	0.01963	0.08875	0.02013
<i>Pinus hartwegii</i>	0.01236	0.01298	0.01298
<i>Pinus montezumae</i>	0.01134	0.01197	0.01197
<i>Pinus nelsonii</i>	0.01505	0.47935	0.47935
<i>Pinus patula</i>	0.01304	0.01364	0.01364
<i>Pinus pinceana</i>	0.02033	0.02082	0.48453
<i>Pinus pseudostrobus</i>	0.01827	0.01880	0.01880
<i>Pinus remota</i>	0.01621	0.01677	0.02301
<i>Pinus strobiformis</i>	0.01773	0.01827	0.01827
<i>Pinus teocote</i>	0.03671	0.03674	0.03674
<i>Pseudotsuga menziesii</i>	0.03070	0.03093	0.03716
<i>Taxodium mucronatum</i>	0.05983	0.05880	0.05880
<i>Taxus globosa</i>	0.12951	0.58619	0.12872

VIII. DISCUSIÓN

8.1 Modelos de distribución potencial

La falta de mapas de distribución de especies es un problema para los estudios macroecológicos. No obstante, el modelado de distribución potencial representa una alternativa viable para la generación de estos mapas. Sin embargo, es importante resaltar que estos algoritmos tienen limitaciones y es necesario realizar un análisis extenso de los insumos utilizados y los resultados obtenidos (Mota-Vargas et al., 2019; Lissovsky y Dudov, 2021).

Para esta investigación, se utilizaron registros de presencias de las especies provenientes de distintas fuentes (i.e. GBIF, CONABIO, CONAFOR, Naturalista). El uso de estas fuentes para la obtención de registros de especies normalmente genera resultados satisfactorios en el modelado de distribución de especies. Sin embargo, existen ocasiones en la que se pueden presentar dificultades en el uso de estos datos. En nuestro caso, el grupo de las coníferas contiene distintas especies que pueden presentar dificultades al momento de registrar una ocurrencia. La correcta identificación de las especies puede representar un desafío, ya que existen especies que son morfológicamente muy parecidas (especialmente dentro del género *Juniperus*). Así mismo, hay especies (i.e. *Pinus nelsonii*, *Picea mexicana*, *Picea martinezii*) que cuentan con distribuciones aisladas y restringidas, lo que resulta en un bajo número de registros y una mayor dificultad para modelar su distribución (Beck et al., 2014; Rodrigues et al., 2022).

De forma general, los resultados obtenidos en los modelos de distribución potencial fueron coherentes con la información previamente revisada respecto a su distribución (Favela Lara, 2010; García-Aranda et al., 2012; Riskind & Patterson, 1975). Sin embargo, para algunas especies se observó una sobreestimación del área de distribución. Esto se refiere a que el modelo indica que la especie podría habitar en áreas donde, en realidad, no se encuentra presente. Este resultado fue más evidente en aquellas especies con distribuciones naturalmente restringidas (i.e. *Pinus culminicola*, *Picea martinezii*, *Taxus globosa*). Las causas de esta sobreestimación son diversas, la primera y anteriormente descrita, es el bajo número de registros de presencia de especies. Mientras más registros de la especie se tengan, mayor será la cantidad de información ambiental que el algoritmo pueda analizar lo que resultaría en la construcción de un modelo de distribución potencial robusto y específico

(Rodrigues et al., 2022). Para las especies con bajo número de registros es más complicado lograr un modelo robusto que refleje una distribución potencial más realista (Miller, 2010).

Así mismo, al igual que la obtención de las coordenadas de las especies, es importante la selección de las variables climáticas que se usarán para la construcción del modelo. Para esta investigación, se seleccionaron 15 variables bioclimáticas para México (Cuervo et al., 2014). Sin embargo, en otras investigaciones donde se modela la distribución de especies de coníferas (Aceves et al., 2018; García et al., 2018; García et al., 2012) se menciona la importancia de la inclusión de variables como el tipo de suelo, pendiente, y exposición solar. Dichas variables enriquecen el modelado de distribución potencial ya que están fuertemente asociadas con el establecimiento de los ecosistemas vegetales.

8.2 Distribución de la riqueza de especies

La distribución y establecimiento de las especies, y más específicamente de especies de plantas está fuertemente asociadas a las características climáticas, de suelo, topográficas y de exposición solar. En el caso de la SMO, el norte se encuentra mayormente dominado por ecosistemas áridos. A medida que se avanza hacia latitudes más meridionales, el paisaje se vuelve más accidentado y con una mayor cobertura de bosques templados (Salinas-Rodríguez et al., 2022). Estas características son las que moldean la distribución de la riqueza de especies; en el mapa de distribución de RE (Figura 4), se observa claramente que las regiones montañosas de la parte sur de la SMO son el ecosistema ideal para el establecimiento de la mayoría de las especies del grupo (Gernandt & Pérez-de la Rosa, 2014).

La zona sur de la SMO contiene a la subprovincia fisiográfica de la gran sierra plegada, misma donde existe una conjunción de zonas de alta y baja elevación con características ideales para el establecimiento de distintos ecosistemas y especies (Salinas-Rodríguez et al., 2022). Las regiones montañosas han sido ya definidas como zonas especialmente ricas en especies, derivado precisamente de la heterogeneidad ambiental y geográfica en distancias relativamente cortas (Körner, 2004). Así mismo, el aislamiento geográfico dentro de los ecosistemas montañosos es una de las causas de la diversificación de especies, lo que influye en el origen de un alto número de endemismos (Noroozi et al., 2018; Spehn et al., 2011), esto puede apreciarse dentro de la gran sierra plegada, donde habitan la mayoría de las especies

endémicas incluidas en este estudio (p.e. *Pinus culminicola*, *Pinus nelsonii*, *Picea mexicana*, *Picea martinezii*, y *Juniperus zanonii*).

Analizando estas características, es de esperarse que esta zona sea la región con la mayor riqueza de especies de coníferas. Aquí se establecen representantes de los ocho géneros de coníferas debido a las condiciones climáticas ideales, así como los distintos tipos de hábitat dentro de esta región (*Pinus*, *Picea*, *Abies*, *Pseudotsuga*, *Juniperus*, *Cupressus*, *Taxus* y *Taxodium*). La predicción de los modelos de distribución de las especies establece la existencia de comunidades con un valor máximo de 22 especies, lo que demuestra la gran riqueza que la zona es capaz de albergar. Sin embargo, como ya se discutió en el apartado anterior, la predicción de dichos valores de riqueza de especies es derivado de la interpretación de los modelos de distribución, por lo que estos resultados deben ser tomados con cautela.

8.3 Diversidad filogenética

La filogenia generada (Figura 5) mostró la agrupación de las especies dentro de las tres familias esperadas (*Pinaceae*, *Taxaceae* y *Cupressaceae*) además de valores de probabilidad posterior que van desde 0.51 a 1, estos valores indican la confianza o certeza estadística de la existencia de un nodo o clado particular (Ellison, 2004). Sin embargo, en la rama de *Pinus arizonica* var. *stormiae* (Figura 5) se puede observar una politomía, es decir, una relación dentro del árbol filogenético que no pudo ser resulta. Generalmente, esto ocurre cuando no existe suficiente información (variabilidad genética dentro de las secuencias) para esclarecer esta relación filogenética. *Pinus arizonica* var. *Stormiae* está clasificada como una variedad de la especie *Pinus arizonica*, morfológica y genéticamente son organismos muy parecidos que comparten un ancestro en común muy reciente, lo que puede ocasionar la falta de variación entre ambas especies (Kusumi et al., 2000).

Así mismo, para la reconstrucción filogenética de esta investigación se utilizó la concatenación de dos genes de cloroplasto (*rbcL* y *matK*) y un espacio intergénico del mismo organelo (*trnL-trnF*). Estas regiones dentro del genoma de las plantas ya han sido ampliamente utilizadas para esclarecer las relaciones filogenéticas dentro de numerosos grupos de plantas, incluidas las coníferas (Pham et al., 2021; Xing et al., 2008; Kusumi et al., 2000; Suyama et al., 2000) y han demostrado ser de utilidad en la separación de especies

dentro del grupo. Sin embargo, se ha mencionado específicamente que dentro de la familia *Pinaceae* que el uso de estos marcadores moleculares puede presentar algunas dificultades en la separación de especies evolutivamente muy cercanas (Pham et al., 2021) lo que igualmente puede influir en la relación filogenética incierta de *Pinus arizonic var. stormiae*.

El conflicto de la separación de especies de coníferas muy estrechamente relacionadas ya se ha abordado en otras investigaciones, las cuales sugieren la inclusión de otros marcadores como otras regiones del cloroplasto (Kusumi et al., 2000; Suyama et al., 2000) e incluso el uso de tecnologías de secuenciación de nueva generación (Yang et al., 2022) para generar árboles filogenéticos más robustos. Sin embargo, el árbol filogenético generado cuenta con valores de probabilidad posterior suficientemente robustos (>0.5) para ser utilizados en el cálculo de la diversidad filogenética a pesar de las politomías presentes en la filogenia construida (Faith, 1992).

A diferencia del índice de riqueza de especies, la diversidad filogenética es una métrica que incorpora las diferencias entre las especies a través de su historia evolutiva mediante el análisis de un árbol filogenético (Faith, 1992). Sin embargo, existen estudios donde se muestra como la DFy RE mantienen una correlación positiva (Aguilar-Tomasini et al., 2021; Escobar-Luján et al., 2022; Li et al., 2015). En el caso de este trabajo se obtuvo el mismo escenario, ya que al realizar un análisis de correlación de los valores de ambas capas de distribución (Figura 5 y Figura 6) se obtuvo un coeficiente de correlación de 0.76.

Así mismo, esto se hace nuevamente evidente al comparar los patrones de distribución de los mapas de DF y RE (Figura 5 y Figura 6), ambos muestran la presencia de los valores de diversidad más altos en latitudes más al sur, y remarcan la importancia de las regiones montañosas (la gran sierra plegada) como ecosistemas diversos e importantes. Dentro de la gran sierra plegada, se extienden vastas cadenas montañosas, y sus gradientes altitudinales posibilitan el establecimiento de comunidades vegetales altamente diversas, así como un alto número de especies endémicas (Körner, 2004; Li et al., 2015). Estos resultados son consistentes con investigaciones similares, donde se había observado como las regiones montañosas tienden a tener los valores más altos de RE y DF entre las elevaciones de 2000-3000 msnm (Li et al., 2015; Zhou et al., 2018), lo que se le atribuye nuevamente a la variación ambiental y geográfica existente debido a los gradientes altitudinales.

A pesar de las similitudes generales entre los patrones de distribución de DF y RE de coníferas en la SMO, existen algunas diferencias en áreas específicas; se observaron valores más altos de DF (Figura 6) en el norte de la SMO en comparación con la RE (Figura 5). Esta diferencia entre los valores de DF y RE recae en la forma de evaluar la diversidad en ambos índices. Mientras que la RE solamente cuenta el número de especies presentes, la DF varía en función de la composición de las especies de la comunidad evaluada (Faith, 1992). El uso del índice de DF en conjunto con la RE posibilita llevar a cabo la inclusión de estas diferencias evolutivas entre especies, lo que permite determinar aquellos espacios que no solamente tienen mayor riqueza de especies, sino que son funcionalmente más diversas. Los hábitats evolutiva y funcionalmente diversos se consideran ecosistemas más resilientes, con mejores probabilidades de adaptación y conservación de funciones ecológicas (Cadotte et al., 2012; Cadotte et al., 2010).

8.4 Zonas prioritarias, diversidad filogenética y riqueza de especies

Dentro del mapa de DF+RE (Figura 7) fue posible la identificación de tres zonas que resaltan por su alta diversidad filogenética y riqueza de especies (Figura 8A). Estas zonas igualmente se encuentran dentro de la región montañosa de la gran sierra plegada, y destacan nuevamente la importancia de los ecosistemas montañosos como regiones altamente diversas (Körner, 2004; Li et al., 2015). La primera región identificada se encuentra en los límites de los municipios de Iturbide y Galeana del estado de Nuevo León (zona A), así como otras dos zonas en los municipios de General Zaragoza (zona B) y Mier y Noriega (zona C). Los altos valores de DF y RE en muchas ocasiones están correlacionados, y las condiciones geográficas y climáticas tienen gran influencia en el establecimiento de comunidades vegetales diversas (Salinas et al., 2022).

Así mismo, se realizó una comparación de estas zonas identificadas como prioritarias (A, B y C) (Figura 8A) con aquellas propuestas por Arriaga y colaboradores (2000) (Figura 8B), se observó que dos de las zonas identificadas coinciden parcialmente con las propuestas por estos autores (zona A con El Potosí-Cumbres de Monterrey Cañón de Iturbide; zona B y C con San Antonio-Peña Nevada). En el trabajo mencionado, se utilizaron parámetros como riqueza de especies, topografía, endemismos, o presencia especies en peligro. A pesar de que las metodologías utilizadas fueron diferentes, nuestros resultados son consistentes en

considerar a estas regiones como prioritarias, en este caso, considerando únicamente al grupo de las coníferas.

8.5 Representatividad de las coníferas dentro de las ANP.

La red de ANP es una valiosa herramienta para la protección de la biodiversidad nacional, es crucial que dentro de estos polígonos exista una representación equitativa de los distintos tipos de vegetación. En México, la media nacional de representatividad ecológica se encuentra en 12%, es decir, este porcentaje representa la superficie de los ecosistemas con vegetación primaria que se encuentran dentro de una ANP (Neri et al., 2015).

Con respecto a las coníferas, dentro de la SMO los tipos de vegetación de mayor relevancia corresponden a los bosques de pino, bosques de pino-encino, bosque mesófilo de montaña, bosque de oyamel, bosque de táscate y vegetación de galería (Salinas et al., 2022; INEGI, 2017; Rzedowski y Huerta, 1994). Los resultados del análisis de representatividad (Tabla 5) muestran que, para estos tipos de vegetación dentro de la SMO, el porcentaje de representatividad se encuentra por encima del 12%. El contraste de estos resultados es complejo; por una parte, a nivel nacional se menciona que los porcentajes de cobertura vegetal de algunos tipos de vegetación aquí incluidos es menor al 12%, por ejemplo, bosque de coníferas y bosque mesófilo de montaña (Mas y Vega, 2005). En investigaciones enfocadas en la región noreste de México, específicamente al estado de Coahuila (Cantú et al., 2011), nuestros resultados son más consistentes, ya que los porcentajes de representatividad son similares.

No obstante, es importante analizar que la capa de uso de suelo y vegetación utilizada en esta investigación corresponde a la Serie VII, mientras que las investigaciones anteriormente mencionadas corresponden a la Serie III (Mas y Vega, 2005) y Serie VI (Cantó et al., 2011). La diferencia en las capas utilizadas puede afectar el cálculo de la superficie de los diferentes tipos de vegetación dentro de la SMO y las ANP. Esto sugiere la necesidad de llevar a cabo estudios de representatividad actualizados dentro de esta subprovincia fisiográfica.

Es necesario recalcar que, a pesar de que los resultados puedan parecer positivos y alentadores, no se debe ignorar que siguen existiendo problemáticas dentro de la SMO y las ANP. Se ha explorado como el cambio de uso de suelo, incendios forestales y actividades

extractivas dentro de las ANP siguen afectando los porcentajes de cobertura vegetal dentro de ellas (González et al., 2022; Sahagún et al., 2018; Figueroa y Sánchez, 2007), lo que implica un cambio no solamente dentro de las políticas y designación de las ANP, si no en el monitoreo y manejo de estas áreas para la protección efectiva de la biodiversidad.

8.6 Distinción evolutiva

Con el fin de conservar la diversidad ecológica y las funciones ecosistémicas, la priorización de especies y espacios es una acción que debe llevarse a cabo. Refiriéndose, a las coníferas de la SMO, es necesario identificar aquellas especies que cumplen roles específicos dentro del ecosistema, y que, por consecuencia, tienen una mayor relevancia ecológica (Isaac, et al., 2007). De los resultados obtenidos del índice de distinción evolutiva (DE) (Tabla 4), podemos resaltar a tres especies que obtuvieron los mayores valores, correspondiendo a *Taxus globosa*, *Taxodium mucronatum* y *Abies vejarii*. Este resultado sugiere que estas especies son prioritarias en la conservación de estos ecosistemas. Es decir, son especies cuyos linajes contienen eventos evolutivos únicos dentro del árbol filogenético (Figura 5). Y que, por lo tanto, son cruciales para el mantenimiento de los ecosistemas, ya que es poco probable que haya especies con la capacidad de reemplazar sus funciones ecológicas (Verón et al., 2017).

La evaluación de la DE en el grupo de las gimnospermas ya había sido llevado a cabo (Forest et al., 2018), al realizar la comparación de los resultados podemos observar que las especies del noreste de México con mayor distinción evolutiva en esta investigación corresponden a *Pseudotsuga menziesii*, *Taxus globosa* y *Pinus nelsonii*. La principal diferencia radica en la filogenia utilizada, en este estudio se incluyeron 29 especies, y se construyó una filogenia con la información obtenida de tres genes de cloroplasto (*rbcL*, *trnL-trnF* y *matK*). En el trabajo de Forest y colaboradores (2018) la filogenia fue construida con 923 especies de todo el mundo, además de incluir genes de cloroplasto y nucleares. Estas diferencias metodológicas generan diferencias en la topología y longitud de las ramas de ambas filogenias, lo que influye directamente en el valor del índice de DE ya que es calculado con la longitud de las ramas del árbol filogenético (Isaac et al., 2007).

La categoría de riesgo otorgada a una especie es otro criterio de relevancia para el establecimiento de prioridades de conservación. La comparación entre criterios globales y locales ha sido controversial, por una parte, las evaluaciones globales llevadas a cabo por la

IUCN son realizadas con especialistas y metodologías estandarizadas. Sin embargo, los criterios locales se enfocan en la situación de una especie en ubicaciones específicas o poblaciones particulares dentro de su rango de distribución (Wells et al., 2010). En este sentido la estimación de los índices EDGE (Evolutivamente distinto y globalmente en riesgo) y EDLE (Evolutivamente distinto y localmente en riesgo) es necesario para observar las diferencias entre ambos criterios de evaluación de riesgo. Las especies con el valor de EDGE más alto corresponden a *Taxus globosa*, *Juniperus saltillensis*, *Picea mexicana*, *Picea martinezii*, *Pinus nelsonii* y *Pinus culminicola*. Así mismo, las especies de mayor valor en el EDLE son *Pinus pinceana*, *Picea mexicana*, *Picea martinezii*, *Pinus nelsonii* y *Pinus culminicola* como prioritarias. La coincidencia en cuatro de las seis especies se debe a una equivalencia entre los términos globales (IUCN) y locales (NOM-059). La discrepancia entre estos dos criterios puede ser un obstáculo para el establecimiento de especies prioritarias y afectar la percepción del estado de las poblaciones (Gernandt & Pérez-de la Rosa, 2014). Existen condiciones específicas dentro de las poblaciones locales que amenazan la prevalencia de ciertas especies. Por ejemplo, *Pinus pinceana* es una especie endémica a México, sus poblaciones fragmentadas se encuentran en riesgo y en la NOM-059 está decretada como en peligro de extinción, mientras que para la IUCN se encuentra como *Least concern*.

Se ha publicado una lista de especies consideradas prioritarias por la organización EDGE para el grupo de las gimnospermas (Forest et al., 2018). Realizando una comparativa, tres especies de las seleccionadas en este estudio se clasifican como prioritarias (*Pinus nelsonii*, *Pinus culminicola* y *Taxus globosa*), estas tres especies fueron congruentes con las estimadas por el índice EDGE, mientras que solo dos fueron igualmente estimadas por el índice EDLE. Nuevamente las diferencias en la evaluación de las especies de forma global y local provocan las inconsistencias en las especies seleccionadas como prioritarias.

Así mismo, otro aspecto destacable es la importancia de la delimitación de especies, en esta investigación la variedad *Pinus cembroides* var. *bicolor* actualmente se encuentra reconocida como una especie, *Pinus johannis*, por la NOM-059 en México, la cual le otorga la categoría de protección especial equivalente a *Near Threatened* de la IUCN. Mientras tanto, hasta el momento de esta investigación, dentro del portal de la IUCN esta especie no se encuentra

reconocida como especie o variedad. Igualmente, *Picea mexicana* (NOM-059) se reporta como *Picea engelmannii subsp. mexicana* por la IUCN. El problema de la delimitación de especies dificulta la asignación de una categoría de riesgo adecuada, limitando los esfuerzos de conservación (Montes et al, 2022).

IX. CONCLUSIONES

- Dentro de los modelos de distribución potencial es necesaria la integración de variables topográficas y edafológicas para el robustecimiento del análisis.
- El mapa de distribución de riqueza de especies refleja la fuerte asociación que tienen las especies de coníferas con las zonas montañosas dentro de la SMO, principalmente debido a las condiciones de temperatura y humedad por las que las especies de coníferas tienen una preferencia.
- Los marcadores moleculares empleados demostraron ser útiles en la reconstrucción filogenética del grupo de coníferas; sin embargo, la separación de especies con evolución muy distante o con escasa variación en sus secuencias puede presentar dificultades.
- Para esta investigación, se observó una correlación positiva entre la riqueza de especies y la diversidad filogenética, dando lugar a la coincidencia de áreas con una elevada abundancia de especies y una rica diversidad filogenética.
- Nuestros resultados confirman la hipótesis planteada al demostrar una discrepancia entre las zonas de alta riqueza de especies y diversidad filogenética con los polígonos para las ANP.
- Las zonas identificadas como prioritarias mostraron una parcial coincidencia con polígonos de zonas prioritarias anteriormente propuestas, resaltando la importancia de dichas áreas para la conservación no solamente de las coníferas, si no de diversos grupos taxonómicos.
- La selección del criterio internacional o nacional para establecer la categoría de riesgo de las especies tiene un impacto significativo en las especies identificadas como prioritarias.
- Los seis tipos de vegetación elegidos para evaluar la representatividad de las coníferas dentro de las Áreas Naturales Protegidas exhibieron niveles significativos de inclusión dentro de los polígonos de las ANP

X. LITERATURA CITADA

- Aceves-Rangel, L. D., Méndez-González, J., García-Aranda, M. A., & Nájera-Luna, J. A. (2018). Distribución potencial de 20 especies de pinos en México. *Agrociencia*, 52(7), 1043-1057.
- Aguilar-Tomasini, M. A., Martin, M. D., & Speed, J. D. (2021). Assessing spatial patterns of phylogenetic diversity of Mexican mammals for biodiversity conservation. *Global Ecology and Conservation*, 31, e01834.
- Alaní-Flores, G. (2004). Florística de Nuevo León, en: Isolda-Luna et al., (eds.), *Biodiversidad de la Sierra Madre Oriental*.
- Alzate, F., Álvarez, A., Miranda-Esquivel, D. R., & Morrone, J. J. (2018). Aplicación de índices filogenéticos para la definición de prioridades de conservación en los páramos del noroeste de los Andes. *Revista de Biología Tropical*, 66(4), 1353-1361.
- Arriaga Cabrera, L., Espinoza Rodríguez, J. M., Aguilar Zuñiga, C., Martínez Romero, E., Gómez Mendoza, L., & Loa Loza, E. (2000). *Regiones terrestres prioritarias de México*.
- Beck, J., Böller, M., Erhardt, A., & Schwanghart, W. (2014). Spatial bias in the GBIF database and its effect on modeling species' geographic distributions. *Ecological Informatics*, 19, 10-15.
- Blackman, A., Pfaff, A., & Robalino, J. (2015). Paper park performance: Mexico's natural protected areas in the 1990s. *Global Environmental Change*, 31, 50-61.
- Cadotte, M. W., Jonathan Davies, T., Regetz, J., Kembel, S. W., Cleland, E., & Oakley, T. H. (2010). Phylogenetic diversity metrics for ecological communities: integrating species richness, abundance, and evolutionary history. *Ecology letters*, 13(1), 96-105.
- Cadotte, M. W., & Jonathan Davies, T. (2010). Rarest of the rare: advances in combining evolutionary distinctiveness and scarcity to inform conservation at biogeographical scales. *Diversity and Distributions*, 16(3), 376-385.

- Cadotte, M. W., Carscadden, K., & Mirotchnick, N. (2011). Beyond species: functional diversity and the maintenance of ecological processes and services. *Journal of applied ecology*, 48(5), 1079-1087.
- Cantú, C., González, F. N., Marmolejo, J. G., Saucedo, J. I. U., Estrada, E., & Rentería, L. (2011). Los vacíos y omisiones de conservación de Coahuila, México, con especial referencia a sus tipos de vegetación. *CIENCIA-UANL*, 14(1), 69-74.
- Cantú Ayala, C. M., Estrada Arellano, J. R., Salinas Rodríguez, M. M., Marmolejo Moncivais, J. G., & Estrada Castellón, E. A. (2013). Vacíos y omisiones en conservación de las ecorregiones de montaña en México. *Revista mexicana de ciencias forestales*, 4(17), 10-27.
- CONABIO (2022). Categorías de riesgo en México | Biodiversidad Mexicana. Biodiversidad Mexicana. <https://www.biodiversidad.gob.mx/especies/catRiesMexico>
- CONABIO-CONANP-TNC-Pronatura-FCF, UANL. (2007). Análisis de vacíos y omisiones en conservación de la biodiversidad terrestre de México: espacios y especies. Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad, Comisión Nacional de Áreas Naturales Protegidas, The Nature Conservancy Programa México, Pronatura, A.C. Facultad de Ciencias Forestales. Universidad Autónoma de Nuevo León, México.
- Comisión Nacional de Áreas Naturales Protegidas. (2022). Cobertura de las Áreas Naturales Protegidas Federales de México. CONANP <http://sig.conanp.gob.mx/website/pagsig/listanp/>
- Cuervo-Robayo, A. P., Téllez-Valdés, O., Gómez-Albores, M. A., Venegas-Barrera, C. S., Manjarrez, J., & Martínez-Meyer, E. (2014). An update of high-resolution monthly climate surfaces for Mexico. *International journal of climatology*, 34(7), 2427-2437.
- Darriba D, Taboada GL, Doallo R, Posada D. 2012. jModelTest 2: more models, new heuristics and parallel computing. *Nature Methods* 9(8), 772.
- Daru, B. H., Karunarathne P., & Schliep K. (2020), phyloregion: R package for biogeographic regionalization and macroecology. *Methods in Ecology and Evolution*, 11: 1483-1491. doi: 10.1111/2041-210X.13478

- Delang, C. O., Li, W. M., Delang, C. O., & Li, W. M. (2013). Species richness and diversity. Ecological Succession on Fallowed Shifting Cultivation Fields: A Review of the Literature, 39-66.
- Del Castillo, J.A. Pérez-de la Rosa, G. Vargas-Amado, R. Rivera-García. (2014) Coníferas. Biodiversidad de Oaxaca, pp. 141-158
- Devictor, V., Mouillot, D., Meynard, C., Jiguet, F., Thuiller, W., & Mouquet, N. (2010). Spatial mismatch and congruence between taxonomic, phylogenetic and functional diversity: the need for integrative conservation strategies in a changing world. Ecology letters, 13(8), 1030-1040.
- Díaz, J. A. G., & Villalobos, F. (2020). Montañas: cómo se definen y su importancia para la biodiversidad y la humanidad. CIENCIA ergo-sum, 27(2).
- Eguiarte, L. E., Larson-Guerra, J. O. R. G. E., Núñez-Farfán, J. U. A. N., Martínez-Palacios, A., Del Prado, K. S., & Arita, H. T. (1999). Diversidad filogenética y conservación: ejemplos a diferentes escalas y una propuesta a nivel poblacional para *Agave victoriae-reginae* en el desierto de Chihuahua, México. Revista Chilena de Historia Natural, 72(4), 475-492.
- Ellison, A. M. (2004). Bayesian inference in ecology. Ecology letters, 7(6), 509-520.
- Escobar-Luján, J., Castaño-Quintero, S. M., Villalobos, F., Lira-Noriega, A., Chiappa-Carrara, X., & Yañez-Arenas, C. (2022). Current and future geographic patterns of bird diversity dimensions of the Yucatan Peninsula and their representativeness in natural protected areas. Neotropical Biodiversity, 8(1), 242-252.
- Estrada-Castillón, E., Villarreal-Quintanilla, J. A., Salinas-Rodríguez, M. M., Encina-Domínguez, J. A., Cantú-Ayala, C. M., González-Rodríguez, H., & Jiménez-Pérez, J. (2014). Coníferas de Nuevo León, México. Universidad Autónoma de Nuevo León, México.
- Faith, D. P. (1992). Conservation evaluation and phylogenetic diversity. Biological conservation, 61(1), 1-10.

- Farjon, A. (1996). Biodiversity of *Pinus* (Pinaceae) in Mexico: speciation and palaeoendemism. *Botanical Journal of the Linnean Society*, 121(4), 365-384.
- Favela Lara, S., (1999). Taxonomía de los pinos del noreste de México. Universidad Autónoma de Nuevo León. Facultad de Ciencias Biológicas. Informe final SNIB-CONABIO proyecto No. H038. México D. F.
- Favela Lara, S. (2010). Variación poblacional de la especie endémica *Pinus culminicola* detectada por rapd. *Polibotánica*, (30), 55-67.
- Favela-Lara, S. (2013). Gimnospermas, en: Cantú-Ayala et al. (eds.), *Historia Natural del Parque Cumbres de Monterrey, México*. UANL-CONANP. México, 133-139.
- Figuroa, F., & Sánchez-Cordero, V. (2008). Effectiveness of natural protected areas to prevent land use and land cover change in Mexico. *Biodiversity and Conservation*, 17, 3223-3240.
- Forest, F., Moat, J., Baloch, E., Brummitt, N. A., Bachman, S. P., Ickert-Bond, S., ... & Buerki, S. (2018). Gymnosperms on the EDGE. *Scientific reports*, 8(1), 6053.
- García-Aranda, M. A., Cantú-Ayala, C., Estrada-Castillón, E., Pando-Moreno, M., & Moreno-Talamantes, A. (2012). Distribución actual y potencial de *Taxus globosa* (Taxaceae) en México. *Journal of the Botanical Research Institute of Texas*, 587-598.
- García-Aranda, M. A., Méndez-González, J., & Hernández-Arizmendi, J. Y. (2018). Distribución potencial de *Pinus cembroides*, *Pinus nelsonii* y *Pinus culminicola* en el Noreste de México. *Ecosistemas y recursos agropecuarios*, 5(13), 3-13.
- Gaston, K. J., Jackson, S. F., Cantu-Salazar, L., & Cruz-Pinon, G. (2008). The ecological performance of protected areas. *Annual review of ecology, evolution, and systematics*, 39, 93-113.
- GBIF.org (2022), Página de Inicio de GBIF. Disponible en: <https://www.gbif.org> [13 de abril de 2022].
- Geneious Prime 2022. (<https://www.geneious.com>)

- Gernandt, D. S., & Pérez-de la Rosa, J. A. (2014). Biodiversity of Pinophyta (conifers) in Mexico. *Revista mexicana de biodiversidad*, 85, S126-S133.
- González-Elizondo, M. S., Ortega-Ramírez, J., & Valdez-Cepeda, R. D. (2004). Coníferas. *Biodiversidad de la Sierra Madre Oriental* (pp. 241-254). CONABIO.
- Gonzalez-Fernandez, A., Segarra, J., Sunny, A., & Couturier, S. (2022). Forest cover loss in the Nevado de Toluca volcano protected area (Mexico) after the change to a less restrictive category in 2013. *Biodiversity and Conservation*, 31(3), 871-894.
- Gosz, J. R. (1981). Nitrogen cycling in coniferous ecosystems. *Ecological Bulletins*, 405-426.
- Guindon S and Gascuel O (2003). A simple, fast and accurate method to estimate large phylogenies by maximum-likelihood". *Systematic Biology* 52: 696-704.
- Hellmann, J. J., & Fowler, G. W. (1999). Bias, precision, and accuracy of four measures of species richness. *Ecological applications*, 9(3), 824-834.
- Hijmans, R (2022). *_raster: Geographic Data Analysis and Modeling_*. R package version 3.5-29, <<https://CRAN.R-project.org/package=raster>>.
- Huelsenbeck, J.P., and F. Ronquist. 2001. MRBAYES: Bayesian inference of phylogeny. *Bioinformatics* 17:754-755.
- INEGI. (2017). *Guía para la interpretación de cartografía: uso del suelo y vegetación: escala 1:250, 000: serie VI / Instituto Nacional de Estadística y Geografía.-- México*
- INEGI. (2021). *Conjunto de datos vectoriales de la carta de uso del suelo y vegetación: escala 1: 250 000. Serie VII (continuo nacional).*
- Isaac, N. J., Turvey, S. T., Collen, B., Waterman, C., & Baillie, J. E. (2007). Mammals on the EDGE: conservation priorities based on threat and phylogeny. *PloS one*, 2(3), e296.
- Jiménez Sierra, C. L., Sosa Ramírez, J., Cortés Calva, P., Solís Cámara, A. B., Íñiguez Dávalos, L. I., & Ortega Rubio, A. (2014). México país megadiverso y la relevancia de las áreas naturales protegidas. *Investigación y ciencia-Universidad Autónoma de Aguascalientes*, (60), 16-22.

- Kembel S, Cowan P, Helmus M, Cornwell W, Morlon H, Ackerly D, Blomberg S, Webb C (2010). "Picante: R tools for integrating phylogenies and ecology." *Bioinformatics*, 26, 1463–1464.
- Kohler, T., Giger, M., Hurni, H., Ott, C., Wiesmann, U., von Dach, S. W., & Maselli, D. (2010). Mountains and climate change: a global concern. *Mountain Research and Development*, 30(1), 53-55.
- Koleff, P., Lira-Noriego, A., Cantú, C., Urquiza, T., & Kolb, M. (2007). Análisis de vacíos y omisiones en conservación de la biodiversidad terrestre de México: espacios y especies.
- Körner, C. (2004). Mountain biodiversity, its causes and function. *AMBIO: A Journal of the Human Environment*, 33(sp13), 11-17.
- Körner, C. (2007). The use of 'altitude' in ecological research. *Trends in ecology & evolution*, 22(11), 569-574.
- Kusumi, J., Tsumura, Y., Yoshimaru, H., & Tachida, H. (2000). Phylogenetic relationships in Taxodiaceae and Cupressaceae sensu stricto based on matK gene, chlL gene, trnL-trnF IGS region, and trnL intron sequences. *American Journal of Botany*, 87(10), 1480-1488.
- Li, R., Kraft, N. J., Yu, H., & Li, H. (2015). Seed plant phylogenetic diversity and species richness in conservation planning within a global biodiversity hotspot in eastern Asia. *Conservation Biology*, 29(6), 1552-1562.
- Lissovsky, A. A., & Dudov, S. V. (2021). Species-distribution modeling: advantages and limitations of its application. 2. MaxEnt. *Biology Bulletin Reviews*, 11(3), 265-275.
- Lu, Y., Ran, J. H., Guo, D. M., Yang, Z. Y., & Wang, X. Q. (2014). Phylogeny and divergence times of gymnosperms inferred from single-copy nuclear genes. *PloS one*, 9(9), e107679.
- Lutz, J. A., Larson, A. J., Swanson, M. E., & Freund, J. A. (2012). Ecological importance of large-diameter trees in a temperate mixed-conifer forest. *PloS one*, 7(5), e36131.

- Manzanilla-Quiñones, U., Aguirre-Calderón, Ó. A., Jiménez-Pérez, J., Treviño-Garza, E. J., & Yerena-Yamallel, J. I. (2019). Distribución actual y futura del bosque subalpino de *Pinus hartwegii* Lindl en el Eje Neovolcánico Transversal. *Madera y bosques*, 25(2).
- Mas, J. F., & Vega, A. P. (2005). La representatividad del Sistema Nacional de Áreas Naturales Protegidas (SINAP). *Gaceta Ecológica*, (74), 5-14.
- Mateo, R. G., Felicísimo, Á. M., & Muñoz, J. (2011). Modelos de distribución de especies: Una revisión sintética. *Revista chilena de historia natural*, 84(2), 217-240.
- Miller, J. (2010). Species distribution modeling. *Geography Compass*, 4(6), 490-509.
- Montes, J. R., Peláez, P., Moreno-Letelier, A., & Gernandt, D. S. (2022). Coalescent-based species delimitation in North American pinyon pines using low-copy nuclear genes and plastomes. *American Journal of Botany*, 109(5), 706-726.
- Mota Vargas, C., Encarnación Luévano, A., Ortega Andrade, H. M., Prieto Torres, D. A., Peña Peniche, A., & Rojas Soto, O. R. (2020). Una breve introducción a los modelos de nicho ecológico. Universidad Autónoma del estado de Hidalgo.
- Murillo, L. P. P., Aguilar, R. S., Naranjo, E. J., & Vazquez, L. B. (2011). Conservation effectiveness of protected areas in Mexico: effects on medium and large mammals at local and regional scales. *International Journal of Biodiversity and Conservation*, 3(10), 487-496.
- Neri Suárez, M., Bustamante González, A., Vargas López, S., & Guerrero Rodríguez, J. D. D. (2015). Representatividad ecológica de las áreas naturales protegidas del Estado de Puebla, México. *Ecología Aplicada*, 14(2), 87-93.
- Neri Suárez, M., Ortiz Alamilla, A. I., Muñiz Montero, I., & Muñiz Montero, C. (2022). Aplicación de algoritmos de optimización espacial para la selección de áreas de conservación de ecosistemas. *Revista Universidad y Sociedad*, 14(2), 180-187.
- Noroozi, J., Talebi, A., Doostmohammadi, M., Rumpf, S. B., Linder, H. P., & Schneeweiss, G. M. (2018). Hotspots within a global biodiversity hotspot-areas of endemism are associated with high mountain ranges. *Scientific reports*, 8(1), 10345.

- Ocampo, H. A. G., Calva, P. C., Dávalos, L. I. Í., & Rubio, A. O. (2014). Las áreas naturales protegidas de México. *Investigación y Ciencia de la Universidad Autónoma de Aguascalientes*, (60), 7-15.
- Oksanen J, Simpson G, Blanchet F, Kindt R, Legendre P, Minchin P, O'Hara R, Solymos P, Stevens M, Szoecs E, Wagner H, Barbour M, Bedward M, Bolker B, Borcard D, Carvalho G, Chirico M, De Caceres M, Durand S, Evangelista H, FitzJohn R, Friendly M, Furneaux B, Hannigan G, Hill M, Lahti L, McGlenn D, Ouellette M, Ribeiro Cunha E, Smith T, Stier A, Ter Braak C, Weedon J. (2022). *Vegan: Community Ecology Package*. R package versión 2.6-2, <<https://CRAN.R-project.org/package=vegan>>.
- Osorio-Olvera, L., Lira-Noriega, A., Soberón, J., Peterson, A. T., Falconi, M., Contreras-Díaz, R. G., ... & Barve, N. (2020). *ntbox: An r package with graphical user interface for modelling and evaluating multidimensional ecological niches*. *Methods in Ecology and Evolution*, 11(10), 1199-1206.
- Paradis E, Schliep K (2019). "ape 5.0: an environment for modern phylogenetics and evolutionary analyses in R." *Bioinformatics*, 35, 526-528.
- Pearse, W. D., Chase, M. W., Crawley, M. J., Dolphin, K., Fay, M. F., Joseph, J. A., ... & Purvis, A. (2015). Beyond the EDGE with EDAM: Prioritising british plant species according to evolutionary distinctiveness, and accuracy and magnitude of decline. *PloS one*, 10(5), e0126524.
- Pérez Quintero, A. L., & Wetteijne Cerón, B. (2009). Estructura de una comunidad de líquenes y morfología del género *Sticta* (Stictaceae) en un gradiente altitudinal. *Acta Biológica Colombiana*, 14(3), 159-172.
- Pham, M. P., Tran, V. H., Vu, D. D., Nguyen, Q. K., & Shah, S. N. M. (2021). Phylogenetics of native conifer species in Vietnam based on two chloroplast gene regions *rbcL* and *matK*. *Czech Journal of Genetics and Plant Breeding*, 57(2), 58-66.
- Posadas, P., Esquivel, D. R. M., & Crisci, J. V. (2001). Using phylogenetic diversity measures to set priorities in conservation: an example from southern South America. *Conservation Biology*, 15(5), 1325-1334.

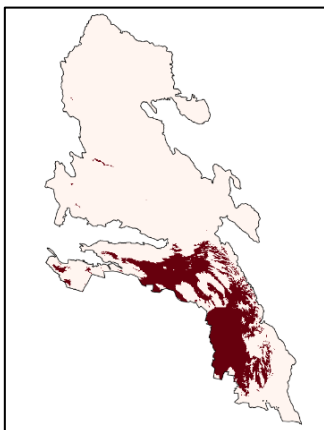
- Rambaut, A. (2010) FigTree v1.3.1. Institute of Evolutionary Biology, University of Edinburgh, Edinburgh. <http://tree.bio.ed.ac.uk/software/figtree/>
- Regan, H. M., Davis, F. W., Andelman, S. J., Widyanata, A., & Freese, M. (2007). Comprehensive criteria for biodiversity evaluation in conservation planning. *Biodiversity and Conservation*, 16, 2715-2728.
- Resendiz, B. (2009). Taxonomía, distribución y ecología del género *Pinus* L. (Pinaceae) en el Noreste de México. (Licenciatura). Universidad Autónoma de Nuevo León.
- Reyes Olivares, A., Miranda Rosales, V., & Juárez Toledo, R. (2021). Vulnerabilidad y Resiliencia de Áreas Naturales Protegidas ante Asentamientos Humanos Irregulares.
- Riskind, D. H., & Patterson, T. F. (1975). Distributional and ecological notes on *Pinus culminicola*. *Madroño*, 23(3), 159-161.
- Rodrigues, A. V., Nakamura, G., Staggemeier, V. G., & Duarte, L. (2022). Species misidentification affects biodiversity metrics: Dealing with this issue using the new R package *naturaList*. *Ecological Informatics*, 69, 101625.
- RStudio Team (2022). RStudio: Integrated Development Environment for R. RStudio, PBC, Boston, MA URL <http://www.rstudio.com/>.
- Rzedowski, J., & Huerta, L. (1994). *Vegetación de México* (No. 582.16 R997r Ej. 1 002135). México: Limusa, Noriega Editores.
- Sáenz-Ceja, J. E., & Mendoza, M. E. (2023). Priority areas for the conservation of the genus *Abies* Mill.(Pinaceae) in North America. *Journal for Nature Conservation*, 73, 126407.
- Sáenz-Romero, C., Larter, M., González-Muñoz, N., Wehenkel, C., Blanco-García, A., Castellanos-Acuña, D., ... & Delzon, S. (2017). Mexican conifers differ in their capacity to face climate change. *Journal of Plant Hydraulics*, 4, e003.
- Sahagún Sánchez, F. J. (2012). Dinámica espacio-temporal de las transformaciones en la cobertura vegetal y el cambio de uso de suelo en la Sierra Madre Oriental de San Luis Potosí y sus efectos potenciales sobre la distribución de la avifauna.

- Sahagún-Sánchez, F. J., & Reyes-Hernández, H. (2018). Impactos por cambio de uso de suelo en las áreas naturales protegidas de la región central de la Sierra Madre Oriental, México. *CienciaUAT*, 12(2), 6-21.
- Salcido, R. P. G. (1995). Natural protected areas in Mexico. In *The George Wright Forum* (Vol. 12, No. 4, pp. 30-38). George Wright Society.
- Salinas-Rodríguez, M. M., Sajama, M. J., Gutierrez-Ortega, J. S., Ortega-Baes, P., & Estrada-Castillón, A. E. (2018). Identification of endemic vascular plant species hotspots and the effectiveness of the protected areas for their conservation in Sierra Madre Oriental, Mexico. *Journal for Nature Conservation*, 46, 6-27.
- Salinas-Rodríguez, M. M., Hernández-Sandoval, L., Carrillo-Reyes, P., Castillo-Gómez, H. A., Castro-Castro, A., Estrada-Castillón, E., ... & Zamudio-Ruíz, S. (2022). Diversidad de plantas vasculares de la provincia fisiográfica de la Sierra Madre Oriental, México. *Botanical Sciences*, 100(2), 469-492.
- Sánchez-Reyes, U. J., Niño-Maldonado, S., Barrientos-Lozano, L., & Treviño-Carreón, J. (2017). Assessment of land use-cover changes and successional stages of vegetation in the natural protected area Altas Cumbres, Northeastern Mexico, using Landsat satellite imagery. *Remote Sensing*, 9(7), 712.
- Soberon, J., & Peterson, A. T. (2005). Interpretation of models of fundamental ecological niches and species' distributional areas.
- Soberón, J., Osorio-Olvera, L., & Peterson, T. (2017). Diferencias conceptuales entre modelación de nichos y modelación de áreas de distribución. *Revista mexicana de biodiversidad*, 88(2), 437-441.
- Spehn EM, Körner Ch (2010). *Data mining for global trends in mountain biodiversity*. CRC Press, Taylor and Francis Group, Boca Raton
- Spehn, E. M., Rudmann-Maurer, K., & Körner, C. (2011). Mountain biodiversity. *Plant Ecology & Diversity*, 4(4), 301-302.

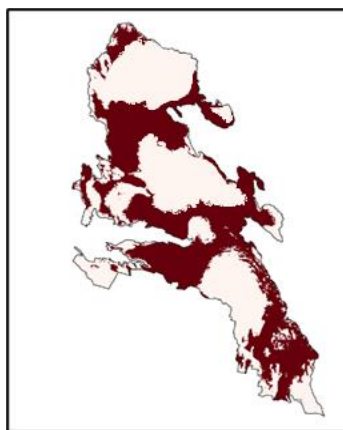
- Srivastava, D. S., Cadotte, M. W., MacDonald, A. A. M., Marushia, R. G., & Mirotnick, N. (2012). Phylogenetic diversity and the functioning of ecosystems. *Ecology Letters*, 15(7), 637–648. doi:10.1111/j.1461-0248.2012.01795.x
- Storch, D., & Okie, J. G. (2019). The carrying capacity for species richness. *Global Ecology and Biogeography*, 28(10), 1519-1532.
- Suárez-Mota, M. E., Villaseñor, J. L., & López-Mata, L. (2017). Dominios climáticos de la Sierra Madre Oriental y su relación con la diversidad florística. *Revista mexicana de biodiversidad*, 88(1), 224-233.
- Suyama, Y., Yoshimaru, H., & Tsumura, Y. (2000). Molecular phylogenetic position of Japanese *Abies* (Pinaceae) based on chloroplast DNA sequences. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 16(2), 271-277.
- Tonni, E. P. (1978). Consideraciones sobre los cambios climáticos durante. El pleistoceno tardío-reciente en la provincia de buenos aires. Aspectos ecológicos y zoogeográficos relacionados. *Revista de la Asociación Paleontológica Argentina*, 15(1-2).
- Treviño Cuéllar, K. L. (2021). Genómica del Paisaje para la Identificación de Hotspots Adaptativos en Coníferas de alta Montaña del Noreste de México. Universidad Autónoma de Nuevo León.
- UNEP-WCMC and IUCN (year), Protected Planet: [insert name of component database; The World Database on Protected Areas (WDPA)/The World Database on Other Effective Area-based Conservation Measures (WD-OECM)/The Global Database on Protected Areas Management Effectiveness (GD-PAME)] [On-line], [insert month/year of the version downloaded], Cambridge, UK: UNEP-WCMC and IUCN. Available at: www.protectedplanet.net.
- Veron, S., Davies, T. J., Cadotte, M. W., Clergeau, P., & Pavoine, S. (2017). Predicting loss of evolutionary history: Where are we?. *Biological Reviews*, 92(1), 271-291.
- Villaseñor, J. L. (2016). Checklist of the native vascular plants of Mexico. *Revista mexicana de biodiversidad*, 87(3), 559-902.

- Wells, J. V., Robertson, B., Rosenberg, K. V., & Mehlman, D. W. (2010). Global versus local conservation focus of US state agency endangered bird species lists. *Plos one*, 5(1), e8608.
- Xing, G. A. O., Yu-Ping, Z. H. U., Bao-Cheng, W. U., Ya-Mei, Z. H. A. O., Jian-Qun, C. H. E. N., & Yue-Yu, H. A. N. G. (2008). Phylogeny of *Dioscorea* sect. *Stenophora* based on chloroplast *matK*, *rbcL* and *trnL-F* sequences. *Journal of Systematics and Evolution*, 46(3), 315.
- Yang, Y., Ferguson, D. K., Liu, B., Mao, K. S., Gao, L. M., Zhang, S. Z., ... & Zhang, Z. X. (2022). Recent advances on phylogenomics of gymnosperms and a new classification. *Plant diversity*, 44(4), 340-350.
- Zhou, Y., Chen, S., Hu, G., Mwachala, G., Yan, X., & Wang, Q. (2018). Species richness and phylogenetic diversity of seed plants across vegetation zones of Mount Kenya, East Africa. *Ecology and Evolution*, 8(17), 8930-8939.

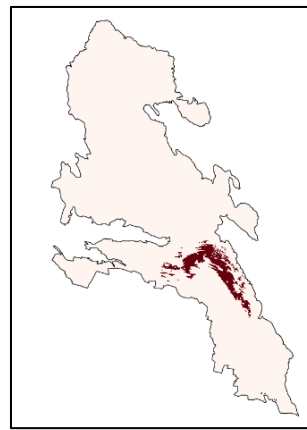
ANEXO A – Modelos de distribución potencial



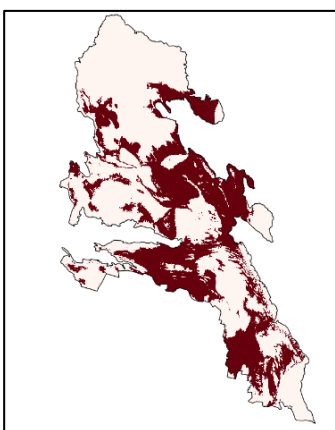
1. *Abies vejarii*



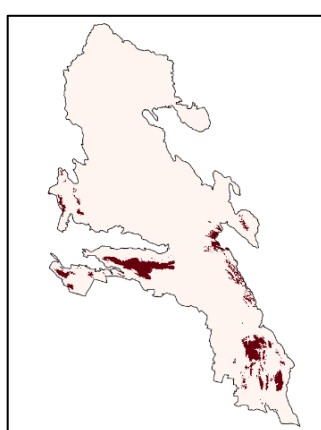
2. *Cupressus arizonica*



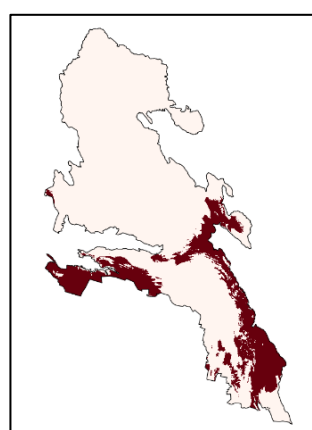
3. *Juniperus angosturana*



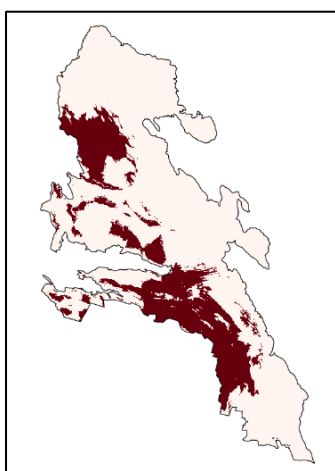
4. *Juniperus coahuilensis*



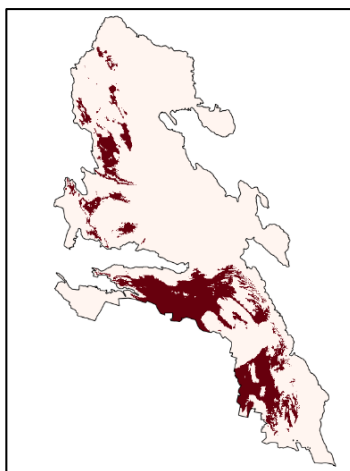
5. *Juniperus deppeana*



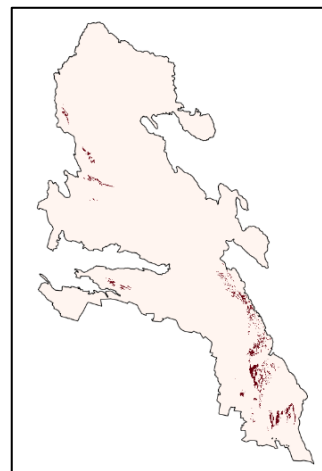
6. *Juniperus fláccida*



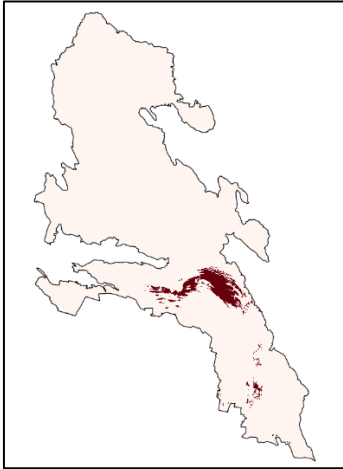
7. *Juniperus pinchotii*



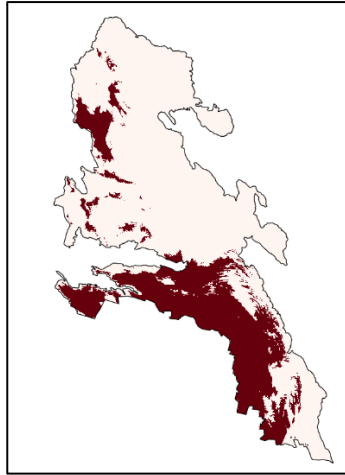
8. *Juniperus saltillensis*



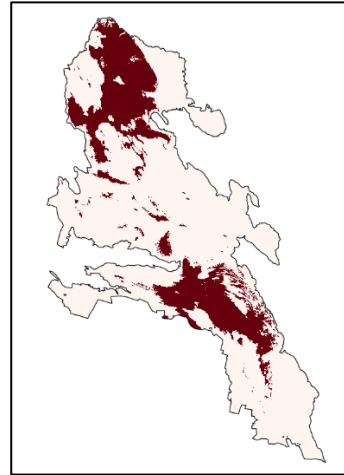
9. *Picea martinezii*



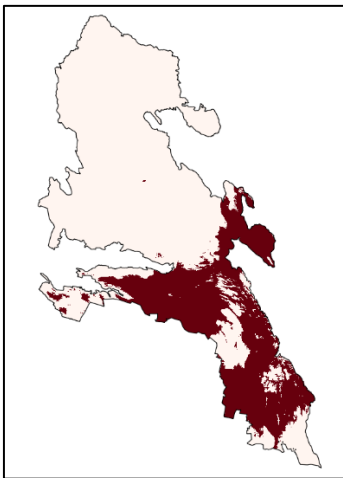
10. *Picea mexicana*



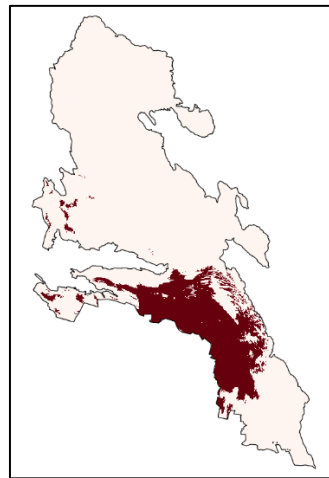
11. *Pinus arizonica*



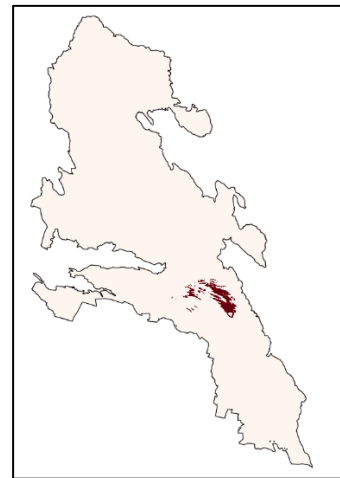
12. *P. arizonica* var. *Stormiae*



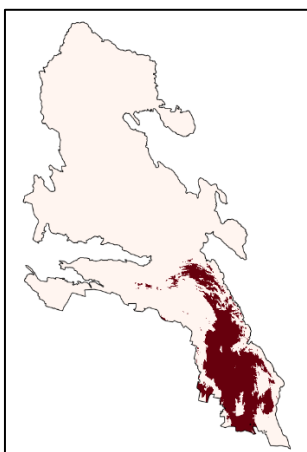
13. *Pinus cembroides*



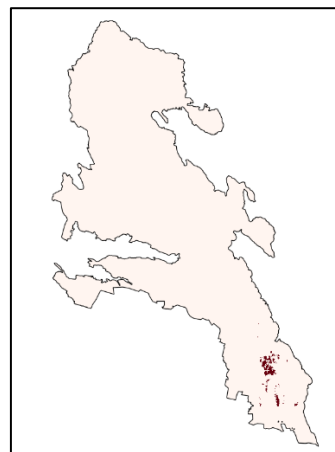
14. *P. cembroides* var. *bicolor*



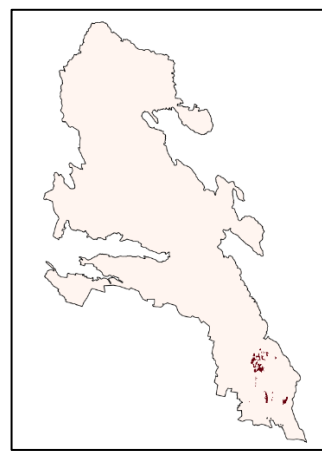
15. *Pinus culminicola*



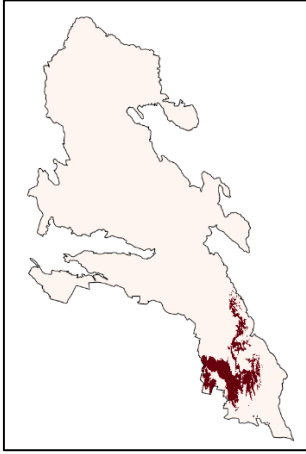
16. *Pinus greggii*



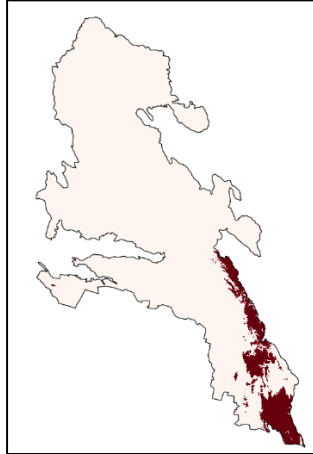
17. *Pinus hartwegii*



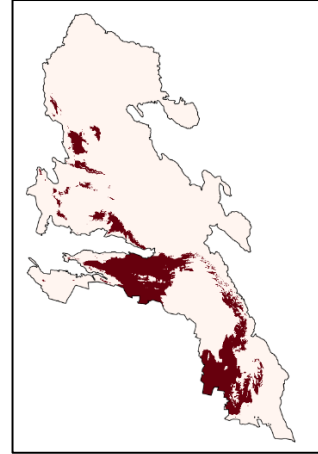
18. *Pinus montezumae*



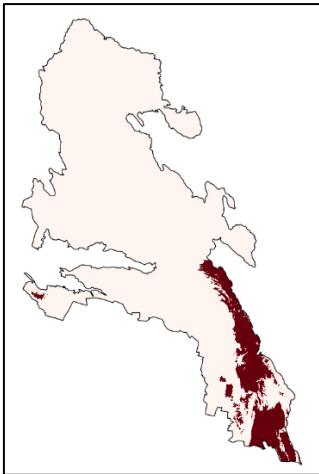
19. *Pinus nelsonii*



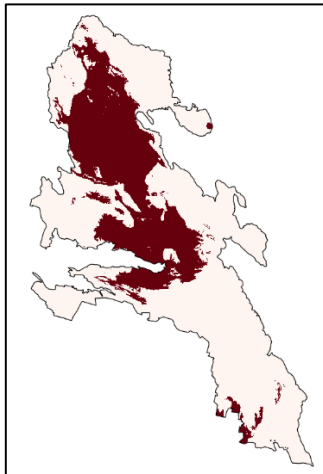
20. *Pinus patula*



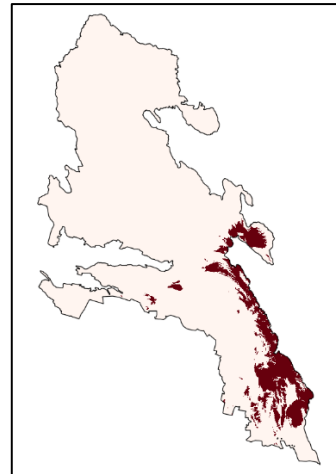
21. *Pinus pinceana*



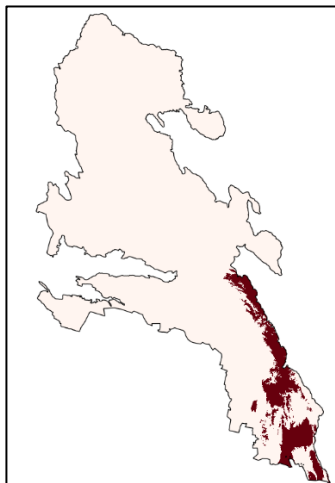
22. *Pinus pseudostrobus*



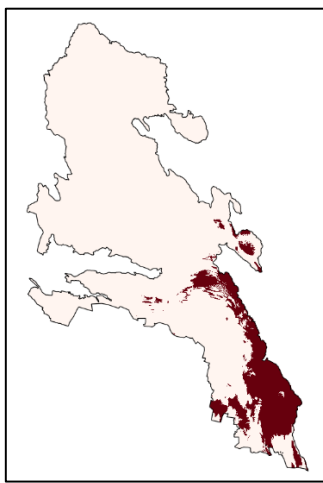
23. *Pinus remota*



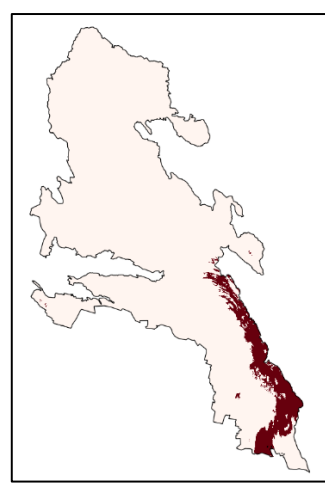
24. *Pinus strobiformis*



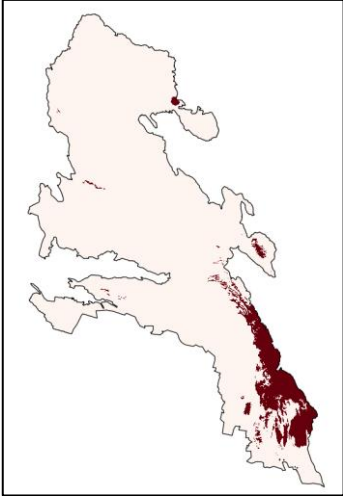
25. *Pinus teocote*



26. *Pseudotsuga menziesii*



27. *Taxodium mucronatum*



28. *Taxus globosa*



29. *Juniperus zanonii*

ANEXO B – Scripts utilizados para modelos de distribución potencial

Analizar y depurar registros

```
library(sf)
library(terra)
library(raster)

#Nombre de archivos
REG<-list.files("C:/Users/msusa/OneDrive/Documentos/MODELADO DE NICHOCOORDENADAS
ESPECIES", pattern = "*.csv$",full.names = TRUE)
REGI<-lapply(REG, read.csv)
head(REGI[[1]])

#Seleccionar registros unicos
REGI_U<-list()
for ( i in 1:length(REGI)){
  UU<-clean_dup(REGI[[i]], longitude="decimalLongitude" ,
               latitude = "decimalLatitude",
               threshold=0.0083)
  REGI_U[[i]]<-UU
}
length(REGI_U)

###Seleccionar especies con más de 30 registros
REGI_Ua <- which(sapply(REGI_U, nrow) < 20)
REGI_U2<-REGI_U[-REGI_Ua]
length(REGI_U2)

##Extraer los nombres de las especies en la lista "OL"
scientificName<-character()
for (i in 1:length(REGI_U) ){
  PO<-as.data.frame(REGI_U[[i]])
  scientificName[i]<-unique(PO$species)
}
View(scientificName)

##Guardar los .csv de las especies.
DIR<-file.path("C:/Users/msusa/OneDrive/Documentos/MODELADO DE NICHOCOORDENADAS
ESPECIES/UNICOS/", paste(scientificName, ".csv", sep=""))

for (i in 1:length(REGI_U)){
  DT<-as.data.frame(lapply(REGI_U[[i]], as.character))
  write.csv(DT, file=DIR[i], row.names = F)
}
```

Correlación de registros y variables climáticas

```
library(terra)
library(sf)

## Función atipicos
FindOutliers <- function(data) {
  lowerq = quantile(data)[2]
  upperq = quantile(data)[4]
  iqr = upperq - lowerq # Or use IQR(data)
  # we identify extreme outliers
  extreme.threshold.upper = (iqr * 1.5) + upperq
  extreme.threshold.lower = lowerq - (iqr * 1.5)
  return(which(data > extreme.threshold.upper | data < extreme.threshold.lower))
}

##### esta primera parte es por cada una de las especies
### Cargar registros
REG<-list.files("C:/Users/msusa/OneDrive/Documentos/MODELADO DE NICH/COORDENADAS
ESPECIES/UNICOS1KM/", pattern = "*.csv$",full.names = TRUE)
REGI<-lapply(REG, read.csv)
head(REGI[[1]])
# Cargar variables
CLIM<-rast(list.files("C:/Users/msusa/OneDrive/Documentos/MODELADO DE NICH/Capas Angela
Cuervo/VariablesAtipico", pattern = "*.tif$",full.names = TRUE))
names(CLIM)
plot(CLIM)

#Crear perfiles climaticos
PERF<-list()

for (i in 1:length(REGI)){
  AA<-REGI[[i]]
  BB<-extract(CLIM,AA[,c("decimalLongitude","decimalLatitude")], df=T)
  ZZ<-cbind(AA[,c("decimalLongitude","decimalLatitude")],BB)
  CC<-ZZ[!(is.na(BB[,2])),]
  PERF[[i]]<-CC
}

head(PERF[[1]])
length(PERF)
summary(PERF[[5]])

##Extraer los nombres de las especies en la lista "OL"
scientificName<-list()

for (i in 1:length(REGI) ){
  PO<-as.data.frame(REGI[[i]])
  scientificName[[i]]<-unique(PO$species)
```



```

}

scientificName

DIR<-file.path("C:/Users/msusa/OneDrive/Documentos/MODELADO DE NICH0
REVISADO/COORDENADAS ESPECIES/ATIPICOS/", paste(scientificName, ".csv", sep=""))

for (i in 1:length(PERF)){
  DT<-as.data.frame(lapply(PERF[[i]],as.character))
  write.csv(DT, file=DIR[i], row.names = F)
}

# Fijar directorio de trabajo donde estén los csv con las variables a revisar:
setwd("C:/Users/msusa/OneDrive/Documentos/MODELADO DE NICH0 REVISADO/COORDENADAS
ESPECIES/ATIPICOS/")

# Lista de archivos csv que se desean revisar en el directorio de trabajo:
datas <- list.files(pattern=".csv")

## Función outlier
# Bucle para revisar por outliers cada variable(j) de
# cada archivo csv(i):

for(i in 1:length(datas)){
  data.i <- read.csv(datas[i])
  data.i <- data.i[rowSums(is.na(data.i))==0, ]

  outlier.matrix <- matrix("", nrow=nrow(data.i), ncol=ncol(data.i))
  for(j in 1:ncol(data.i)){
    variable <- data.i[,j]
    outlier.matrix[FindOutliers(variable), j] <- j
  }
  data_outliers <- outlier.matrix[,1]

  for(k in 2:ncol(data.i)){
    data_outliers <- paste(data_outliers, outlier.matrix[,k], sep=".")
  }
  write.csv(data.frame(data.i, "Outlier"=data_outliers),
            file=paste("outliers_Find_", datas[i], sep=""))
}

```

Construcción de perfiles climáticos

```

#####CREACIÓN DE PERFILES CLIMÁTICOS#####
library(terra)

```

```

library(sf)
library(ntbox)
library(raster)
library(rgdal)

##### esta primera parte es por cada una de las especies
### Cargar registros
REG<-list.files("C:/Users/msusa/OneDrive/Documentos/MODELADO DE NICHOS
REVISADO/COORDENADAS ESPECIES/FINALES LIMPIOS NUEVOS/", pattern = "*.csv$",full.names =
TRUE)
REGI<-lapply(REG, read.csv)
head(REGI)
# Cargar variables
CLIM<-raster::stack(list.files("C:/Users/msusa/OneDrive/Documentos/MODELADO DE
NICHOS/Capas Angela Cuervo/BioClim(Tiff)", pattern = "*.tif$",full.names = TRUE))
names(CLIM)
plot(CLIM[[1]])

#ALT<-raster("/media/alex/APP01/APP_01/VarClima/alt_30s_esri/alt/w001001.adf")
#Crear perfiles climaticos
PERF<-list()

for (i in 1:length(REGI)){
  AA<-REGI[[i]]
  BB<-extract(CLIM,AA[,c("decimalLongitude","decimalLatitude")], df=T)
  ZZ<-cbind(AA[,c("decimalLongitude","decimalLatitude")],BB)
  CC<-ZZ[!(is.na(BB[,2])),]
  PERF[[i]]<-CC
}

head(PERF[[1]])
length(PERF)
summary(PERF[[5]])

##Extraer los nombres de las especies en la lista "OL"
scientificName<-list()
for (i in 1:length(REGI) ){
  PO<-as.data.frame(REGI[[i]])
  scientificName[[i]]<-unique(PO$Species)
}

scientificName

DIR<-file.path("C:/Users/msusa/OneDrive/Documentos/MODELADO DE NICHOS REVISADO/Perfiles
climaticos/", paste(scientificName, ".csv", sep=""))

for (i in 1:length(PERF)){
  DT<-as.data.frame(lapply(PERF[[i]],as.character))
  write.csv(DT, file=DIR[i], row.names = F)
}

```

```

}

##### CORRELACIONAR PERFILES #####3
library(terra)
library(sf)
library(ntbox)

# Cargar los perfiles
REG<-list.files("C:/Users/msusa/OneDrive/Documentos/MODELADO DE NICHOS REVISADO/Perfiles
climaticos/Perfiles climaticos", pattern = "*.csv$",full.names = TRUE)
REGI2<-lapply(REG, read.csv)
## Analisis de correlación
MATXCorr<-list()

for ( i in 1:length(REGI2)){
  AA<-REGI2[[i]][,c(4:18)] # solo seleccionar al columnas (por número) que tienen
valores de variables
  BB<-cor(AA)
  MATXCorr[[i]]<-BB
}

## Seleccionar variables no correlacionadas
SELVar<-list()

for (i in 1:length(MATXCorr)){
  DD<-correlation_finder(cor_mat=MATXCorr[[i]],
                        threshold =0.75,
                        verbose = FALSE)
  GG<-as.data.frame(DD$descriptors)
  SELVar[[i]]<-GG
}

## Guardar los .csv
scientificName<-list()
for (i in 1:length(REGI) ){
  PO<-as.data.frame(REGI[[i]])
  scientificName[i]<-unique(PO$Species)
}
scientificName

DIR<-file.path("C:/Users/msusa/OneDrive/Documentos/MODELADO DE NICHOS REVISADO/Perfiles
climaticos/Correlacion perfiles/", paste(scientificName, ".csv", sep=""))

for (i in 1:length(SELVar)){
  DT<-as.data.frame(lapply(SELVar[[i]],as.character))
  write.csv(DT, file=DIR[i], row.names = F)
}

```

Construcción de PCA

```
if(!require(devtools)){
  install.packages("devtools")
}

if(!require(kuenm)){
  devtools::install_github("marloncobos/kuenm")
}

library(kuenm)

#CODIGO PARA PCA
library (raster)
library (kuenm)

setwd("C:/Users/msusa/OneDrive/Documentos/MODELADO DE NICO/Perfiles Finales/CARPETA PCA SMO")
filenames<-list.files("C:/Users/msusa/OneDrive/Documentos/MODELADO DE NICO/Perfiles Finales/CARPETA PCA SMO", full.names=TRUE)

for (i in 1:length(filenames)){
  variables_list <- list.files(path = filenames[i], pattern = ".tif", full.names = TRUE)
  variables <- stack(variables_list)
  var_folder <- variables
  in_format <- "GTiff"
  scalev <- TRUE
  writer <- TRUE
  out_format <- "GTiff"
  out_folder <- filenames[i]

  n_pcs <- 3
  kuenm_rpca(variables = var_folder, in.format = in_format, var.scale = scalev,
             write.result = writer, out.format = out_format, out.dir = out_folder,
             n.pcs = n_pcs)
}
```

Crear modelos de distribución potencial

```
library(ntbox)
library(raster)
#install.packages("tidyverse")
library(tidyverse)
library(terra)
library(rgdal)
library(sp)
library(kuenm)

#Cargar registros
```

```

REGFLo<-read.csv("C:/Users/msusa/OneDrive/Documentos/MODELADO DE NICH0/Carpeta
definitiva/CARPETA PCA SMO/Abies vejarii/Abies vejarii.csv")
head(REGFLo)

## Cargar variables
FLOR<-rast(list.files("C:/Users/msusa/OneDrive/Documentos/MODELADO DE NICH0/Carpeta
definitiva/CARPETA PCA SMO/Abies vejarii/Initial" ,pattern = "*.tif$",full.names =
TRUE))
FLORV<-raster::stack(FLOR)
plot(FLORV[[1]])
plot(FLORV)

VARIAB<-c("pc_1","pc_2","pc_3")

# Dividir Registros
TEST<-sample_frac(REGFLo, 0.30)
TRAIN<-anti_join(REGFLo,TEST)

###Perfil
TEST_PF<-raster::extract(FLORV, TEST[,c("decimalLongitude", "decimalLatitude")], df=T)

TEST_PF<-na.omit(TEST_PF[, -1])
head(TEST_PF)

TRAIN_PF<-raster::extract(FLORV, TRAIN[,c("decimalLongitude", "decimalLatitude")], df=T)
TRAIN_PF<-na.omit(TRAIN_PF[, -1])
summary(TRAIN_PF)

#Especificar numero de variables
nvarstest <-3

## Especificar el número de registros usados
level<-0.99

## Determinar el entorno ("background")
env_bg <- ntbox::sample_envbg(FLORV,1000)

#Criterio de omision; Pedir ROC parcial

omr_criterio<-0.05
proc<-TRUE

## calibrar y selección del modelo
E_selc<-ntbox::ellipsoid_selection(env_train = TRAIN_PF,
                                env_test = TEST_PF,
                                env_vars = VARIAB,
                                level = level,
                                nvarstest = nvarstest,
                                env_bg = env_bg,

```

```

        omr_criteria= omr_criterio,
        proc = proc)

### Mejor modelo elipsoide "omr_criteria"
bestvarcomb <- stringr::str_split(E_selc$fitted_vars,",")[[1]]

##Modelo elipsoide (espacio ambiental)
best_mod <- ntbox::cov_center(TRAIN_PF[,bestvarcomb],
                             mve = T,
                             level = 0.99,
                             vars = 1:length(bestvarcomb))

### proyeccion al espacio geografico
mProj <- ntbox::ellipsoidfit(FLORV[[bestvarcomb]],
                             centroid = best_mod$centroid,
                             covar = best_mod$covariance,
                             level = 0.99,size = 3)

raster::plot(mProj$suitRaster)
points(REGFLo[,c("decimalLongitude","decimalLatitude")],pch=20,cex=0.5)

# Modelo Binario
BIN<-
bin_model(mProj$suitRaster,REGFLo[,c("decimalLongitude","decimalLatitude")],percent=30)
plot(BIN)
points(REGFLo[,c("decimalLongitude","decimalLatitude")],pch=20,cex=0.5)

setwd("C:/Users/msusa/OneDrive/Documentos/MODELADO DE NICH0/Perfiles Finales/CARPETA PCA
SMO/Abies vejarii")
NAME <- "MODELO.tif"

terra::writeRaster(BIN, filename = NAME, overwrite = FALSE)

```