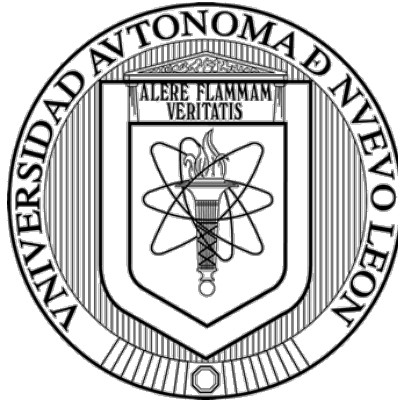


UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE NUEVO LEÓN  
FACULTAD DE CIENCIAS BIOLÓGICAS



DIVERSIDAD FUNCIONAL Y DISTINCIÓN EVOLUTIVA DE PLANTAS LEÑOSAS A LO  
LARGO DEL GRADIENTE ALTITUDINAL EN LA SIERRA LA MARTA, ARTEAGA,  
COAHUILA, MÉXICO

POR

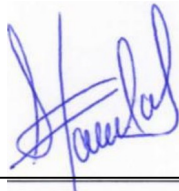
BIOL. MAYTE MÉNDEZ LOZANO

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

2024

Diversidad funcional y distinción evolutiva de plantas leñosas a lo largo del gradiente altitudinal en la sierra La Marta, Arteaga, Coahuila, México.

**Comité de Tesis**



---

**Dra. Susana Favela Lara**

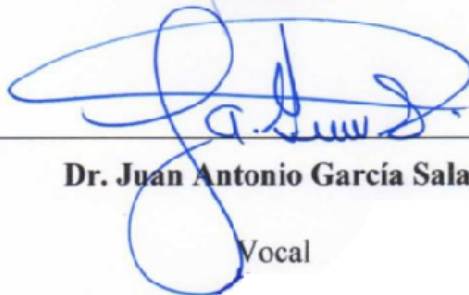
Director de Tesis



---

**Dr. Antonio Guzmán Velasco**

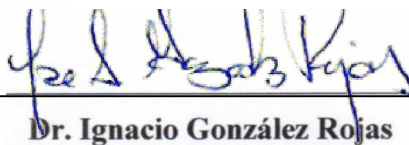
Secretario



---

**Dr. Juan Antonio García Salas**

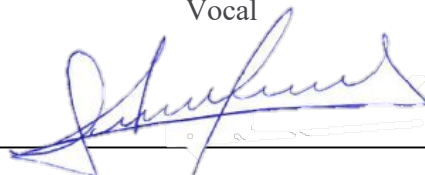
Vocal



---

**Dr. Ignacio González Rojas**

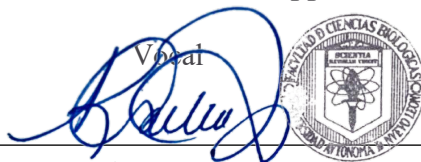
Vocal



---

**Dra. Alina Olalla Ketstupp**

Vocal



---

**Dra. Katiushka Arévalo Niño**

SUBDIRECCIÓN  
DE POSGRADO

Subdirectora de posgrado



**DIVERSIDAD FUNCIONAL Y DISTINCIÓN EVOLUTIVA DE PLANTAS LEÑOSAS A LO LARGO  
DEL GRADIENTE ALTITUDINAL EN LA SIERRA LA MARTHA, ARTEAGA, COAHUILA,  
MÉXICO**

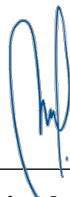
**Dirección de tesis**



---

**Dra. Susana Favela Lara**

**Director**



---

**M.C. Katia Lizeth Treviño Cuéllar**

**Director externo**

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.

#### Financiamiento

Este trabajo fue financiado por el proyecto The Ruffor Foundation

## **AGRADECIMIENTOS**

Quiero expresar mi más profundo agradecimiento a todas las personas y entidades que hicieron posible la realización de esta tesis y el logro de mis estudios de maestría.

En primer lugar, agradezco de todo corazón a mi directora de tesis, la Dra. Susana Favela Lara. Su constante guía, apoyo y dedicación fueron fundamentales durante todo mi proceso de maestría. Sin su invaluable contribución, este trabajo no hubiera sido posible.

A Katia Treviño, mi sincero agradecimiento por su acompañamiento incondicional. Siempre me enseñó con paciencia y buscó las mejores soluciones a cada desafío que enfrentamos. Su apoyo fue un pilar en mi formación.

A María Susana Sánchez, gracias por estar presente en los momentos más divertidos y por compartir sus enseñanzas y apoyo en el laboratorio de Ecología Molecular. Su amistad y conocimiento enriquecieron mi experiencia académica y personal.

A la Universidad Autónoma de Nuevo León (UANL), le expreso mi gratitud por brindarme la oportunidad de continuar con mis estudios y alcanzar mis objetivos académicos. Su apoyo institucional fue crucial para mi desarrollo.

Finalmente, agradezco al Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACYT) por el apoyo financiero recibido. Gracias a la beca proporcionada, pude mantener y concluir mi maestría, permitiéndome dedicarme plenamente a mis estudios e investigaciones.

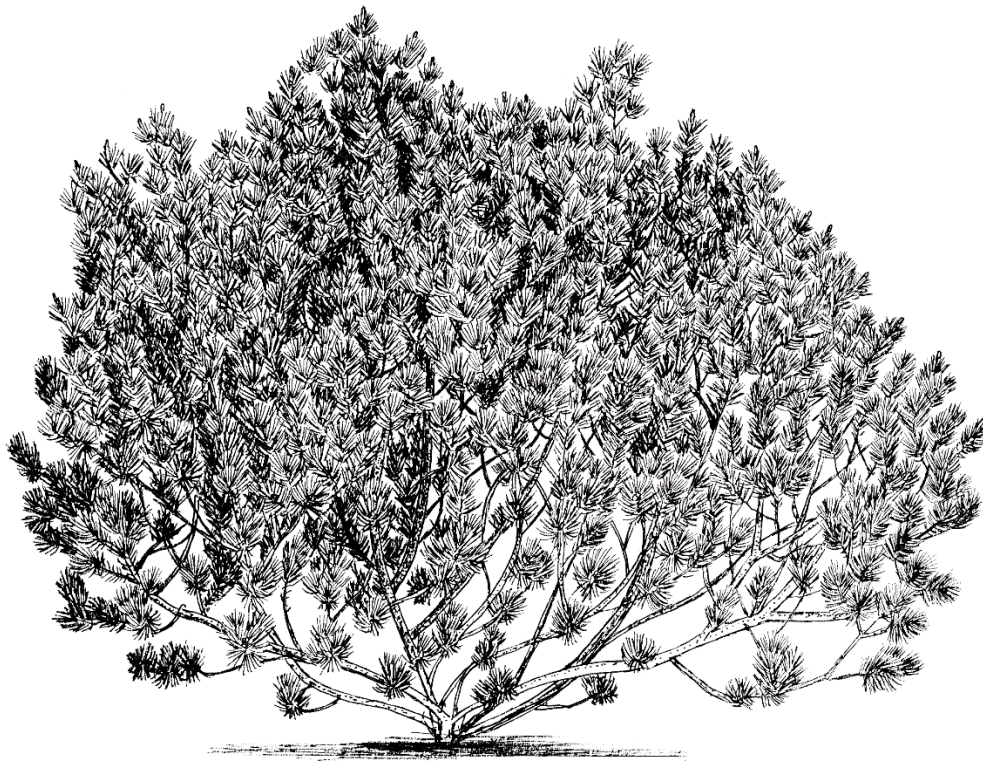
A todos ustedes, mi más sincero agradecimiento.

## DEDICATORIA

Quiero dedicar esta tesis a mi madre, Martha Emma Lozano López, por todo el apoyo que siempre me ha brindado. Gracias por creer en mí, por darme las palabras precisas para continuar en mi camino y por siempre impulsarme a conseguir mis metas. Tu amor y fe en mí me han permitido volar con mis sueños y alcanzar este logro.

"El futuro pertenece a quienes creen en la belleza de sus sueños."

Eleanor Roosevelt



*Pinus culminicola*

A. J. J. J.  
1924

## ÍNDICE DE CONTENIDO

<b>1.INTRODUCCIÓN</b> .....	<b>1</b>
<b>2.ANTEDECENTES</b> .....	<b>4</b>
<b>2.1 Ecosistemas de alta montaña</b> .....	<b>4</b>
2.1.1 Ecosistemas de alta montaña en la Sierra Madre Oriental. ....	4
<b>2.2 Gradientes altitudinales</b> .....	<b>5</b>
2.2.1 Plantas leñosas de alta montaña .....	6
<b>2.3 Diversidad funcional</b> .....	<b>6</b>
2.3.1 Rasgos funcionales .....	8
<b>2.4 Diversidad filogenética</b> .....	<b>9</b>
2.4.1 Distinción evolutiva .....	9
<b>2.5 Aproximaciones de la diversidad funcional y la distinción evolutiva</b> .....	<b>10</b>
2.5.1 Análisis del índice EcoEDGE .....	10
<b>3.JUSTIFICACIÓN</b> .....	<b>12</b>
<b>4.HIPÓTESIS</b> .....	<b>13</b>
<b>5.OBJETIVOS</b> .....	<b>14</b>
<b>Objetivo General</b> .....	<b>14</b>
<b>Objetivos específicos</b> .....	<b>14</b>
<b>6.MATERIAL Y MÉTODOS</b> .....	<b>15</b>
<b>6.1 Área de estudio</b> .....	<b>15</b>
<b>6.2 Selección de especies</b> .....	<b>16</b>
<b>6.3 Distinción evolutiva</b> .....	<b>18</b>
6.3.1 Colecta en campo .....	18
6.3.2 Extracción de DNA .....	20
6.3.3 PCR y secuenciación .....	20
6.3.4 Reconstrucción filogenética .....	22
6.3.5 Análisis de diversidad filogenética e índices de distinción evolutiva .....	24
<b>6.4 Diversidad Funcional</b> .....	<b>24</b>
6.4.1 Selección de rasgos funcionales .....	24
6.4.2 Colecta en campo .....	25
6.4.3 Mediciones de rasgos funcionales .....	27
6.4.4 Construcción de matrices .....	30
6.4.5 Análisis de datos diversidad funcional .....	31
<b>6.5 EcoEDGE</b> .....	<b>34</b>
6.5.1 Análisis de EcoEDGE .....	34
<b>7. RESULTADOS</b> .....	<b>35</b>
<b>7.1 Distinción evolutiva</b> .....	<b>35</b>

7.1.1	Diversidad filogenética.....	35
7.1.2	Índices de distinción evolutiva .....	36
7.1.3	Reconstrucción filogenética .....	37
<b>7.2</b>	<b>Diversidad funcional.....</b>	<b>39</b>
7.2.1	Análisis de rasgos funcionales estadística descriptiva .....	39
7.2.2	Índices de diversidad funcional .....	45
7.2.3	Construcción del dendrograma.....	46
7.2.4	Análisis de Componentes Principales (PCA).....	49
<b>7.3</b>	<b>Relación de la diversidad funcional y la distinción evolutiva .....</b>	<b>59</b>
7.3.1	Dendrograma y árbol filogenético.....	59
7.3.2	Relación distinción evolutiva y ecológica .....	61
7.3.3	Análisis del índice de EcoEDGE.....	62
<b>8.</b>	<b>DISCUSIONES .....</b>	<b>64</b>
<b>8.1</b>	<b>Distinción evolutiva .....</b>	<b>64</b>
<b>8.2</b>	<b>Diversidad funcional .....</b>	<b>65</b>
<b>8.3</b>	<b>Relación de la diversidad funcional y la distinción evolutiva.....</b>	<b>69</b>
<b>9.</b>	<b>CONCLUSIONES.....</b>	<b>71</b>
<b>10.</b>	<b>PERSECTIVAS.....</b>	<b>73</b>
	<b>ANEXOS.....</b>	<b>74</b>
<b>11.</b>	<b>BIBLIOGRAFÍA.....</b>	<b>81</b>



## ÍNDICE DE TABLAS

Tabla 1. Listados de las especies de plantas leñosas identificadas.....	17
Tabla 2. Especies obtenidas en campo, laboratorio de Ecología molecular y base de datos Gen Bank .....	19
Tabla 3. Nombre de los primers y secuencias .....	21
Tabla 4. Condiciones de reacción de PCR para gen rbcL Y trnL-F .....	21
Tabla 5. Rangos altitudinales utilizando para la colecta en campo .....	25
Tabla 6. Tipos de dispersión estandarizado de la base de datos BROT 2.0 .....	30
Tabla 7. Tipo de datos de cada rasgo funcional .....	31
Tabla 8. Diversidad filogenética y riqueza de especies leñosas en los cuatros gradientes altitudinales.....	35
Tabla 9. Índices de distinción evolutiva de las especies leñosas de mayor a menor valor.....	37
Tabla 10. Estadística descriptiva de los rasgos funcionales de las 21 especies de plantas leñosas. Hmax (Altura máxima), LA (Área foliar), LMA (Masa foliar por área), SSD (Densidad específica del tallo), LTH (Grosor de la hoja) .....	39
Tabla 11. Correlaciones significativas con valores de p (<0.05).....	44
Tabla 12. Índices de distinción funcional FAD2 y MFAD a lo largo de los cuatro gradientes altitudinales .....	45
Tabla 13. Valores de Eigenvalues y la varianza de cada una de las dimensiones o componentes principales.....	49

## ÍNDICE DE FIGURAS

Figura 1. Relación de la distinción evolutiva y la distinción ecológica elaborado por Hidasi-Neto et al., en 2015. ....	11
Figura 2. Mapa de polígono de la Sierra La Marta, localizada en la Provincia de la Sierra Madre Oriental y la Subprovincia de la Gran Sierra Plegada.....	15
Figura 3. Gel genómico de DNA, extracción de cuatro especies: <i>Ageratina saltillensis</i> , <i>Quercus hintoniorum</i> , <i>Quercus greggii</i> y <i>Quercus alpscens</i> .....	20
Figura 4. Gel de amplificación del gen <i>rbcL</i> de las especie: <i>Arctostaphylos pungens</i> , <i>Arbutus xalapensis</i> , <i>Gymnosperma glutinosa</i> y <i>Quercus alpscens</i> .....	22
Figura 5. Alineación del gen <i>rbcL</i> de las 21 especies y el grupo externo ( <i>Ginkgo biloba</i> ) en el software Geneious Prime.....	23
Figura 6. Concatenación de los genes <i>rbcL</i> y <i>trnL-F</i> en el software MEGA11, exportado como archivo nexus ( <i>Abies vejarii</i> , <i>Ageratina campyloclada</i> y <i>Ageratina saltillensis</i> )......	23
Figura 7. Archivo en formato Newick del análisis filogenético en el software de MrBayes. ....	24
Figura 8. Imágenes del escaneo de las especies <i>Ceanothus buxifolius</i> y <i>Pinus culminicola</i> .....	28
Figura 9. Distribución de la diversidad filogenética y riqueza de especies en porcentajes a lo largo del gradiente altitudinal. ....	36
Figura 10. Reconstrucción filogenética de las especies leñosas. ....	38
Figura 11. a) Densidad de Hmax, b) Densidad LA, c) Densidad LMA, d) Densidad SSD, y e) Densidad LTH. ....	41
Figura 12. Frecuencia del tipo de dispersión: 0) Autocoría (G): dispersión por gravedad 1) Anemocoría (W): dispersión por viento y 8) Zoócora (Z): dispersión por medio de animales. ....	42
Figura 13. Matriz de correlación de Spearman de los rasgos funcionales.....	43
Figura 14. Distribución altitudinal de los índices FAD2 y MFAD a lo largo del gradiente altitudinal.....	46
Figura 15. Dendrograma de las especies de plantas leñosas en función de sus rasgos funcionales y reconstrucción filogenética de las especies leñosas.....	48
Figura 16. Coordenadas de las variables definidas por las dimensiones 1 y 2 en el análisis de componentes principales. ....	51
Figura 17. Correlaciones entre variables y dimensiones del PCA.....	52
Figura 18. Contribuciones de las variables de las dimensiones 1 y 2 del PCA.....	53
Figura 19. Coordenadas de las especies en el espacio funcional del PCA. ....	54
Figura 20. Cuadraros cosenos de las especies en el espacio funcional del PCA. ....	55
Figura 21. Análisis de componentes principales (PCA) de las variables y especies en el mismo espacio funcional en las dimensiones 1 y 2.....	58
Figura 22. Dendrograma de las especies de plantas leñosas en función de sus rasgos funcionales y reconstrucción filogenética de las especies leñosas.....	60
Figura 23. Relación entre la distintividad evolutiva (ED) y ecológica (EcoD) de las especies. ....	61
Figura 24. Representación del índice EcoEDGE de las especies.....	63
Figura 25. Representación gráfica del los Índices de EcoDGE (EcoD, ED, EcoDGE y EcoEDGE) .....	63

## RESUMEN

Los análisis de diversidad funcional de las plantas leñosas de ecosistemas de alta montaña muestran adaptaciones significativas en rasgos clave como altura máxima (**Hmax**), área foliar (**LA**) y grosor de hoja (**LTH**). Esto resalta la relevancia de considerar análisis de diversidad funcional para la conservación de los ecosistemas frente al cambio climático. Los índices de distinción evolutiva muestran la presencia de especies con linajes distintos y divergentes, implicando importantes consideraciones para su conservación, mientras que la variación de la diversidad filogenética a lo largo del gradiente altitudinal sugiere una historia evolutiva. La agrupación funcional de especies como *Juniperus zanonii* y *Paxistima myrsinites*, a pesar de no estar filogenéticamente relacionadas, indica adaptaciones convergentes, resaltando la complejidad de la biodiversidad. Las métricas como la diversidad funcional y la distinción evolutiva son esenciales para comprender y conservar comunidades vegetales; es fundamental integrar componentes ecológicos y evolutivos en estrategias de conservación. La priorización de especies con altos valores de EcoEDGE, como *Juniperus zanonii*, *Picea mexicana*, and *Pinus culminicola*, proporciona información importante para la gestión de la biodiversidad y otros ecosistemas similares. La relación entre la singularidad evolutiva y ecológica destaca el papel crucial de la comunidad vegetal de plantas leñosas de alta montaña de la Sierra La Marta mostrando que a pesar de su cercanía evolutiva son distintas ecológicamente. La combinación de enfoques evolutivos y ecológicos en la gestión de la biodiversidad puede ser clave para garantizar la sostenibilidad de las comunidades vegetales en el futuro.

## ABSTRACT

Functional diversity analyses of woody plants in high mountain ecosystems show significant adaptations in key traits such as maximum height (**Hmax**), leaf area (**LA**), and leaf thickness (**LTH**). This underscores the importance of considering this functional diversity analysis for the conservation of ecosystems in the face of climate change. Evolutionary distinctiveness indices reveal the presence of species with distinct and divergent lineages, implying important considerations for their conservation, while the variation in phylogenetic diversity along the altitudinal gradient suggests a evolutionary history. The functional grouping of species like *Juniperus zanonii* and *Paxistima myrsinites*, despite not being phylogenetically related, indicates convergent adaptations, highlighting the complexity of biodiversity. Metrics such as functional diversity and evolutionary distinctiveness are essential for understanding and conserving plant communities; it is crucial to integrate ecological and evolutionary components into conservation strategies. Prioritizing species with high EcoEDGE values, such as *Juniperus zanonii*, *Picea mexicana*, and *Pinus culminicola*, provides essential information for biodiversity management and similar ecosystems. The relationship between evolutionary and ecological uniqueness highlights the crucial role of the high mountain woody plant community in Sierra La Marta, showing that despite their evolutionary closeness, they are ecologically distinct. The combination of evolutionary and ecological approaches in biodiversity management may be key to ensuring the sustainability of plant communities in the future.

## 1. INTRODUCCIÓN

Los ecosistemas de alta montaña tienen una diversidad vegetal distintiva debido a sus características intrínsecas de menor oxígeno, presiones atmosféricas y bajas temperaturas, lo que permite el establecimiento de especies que no habitan en otros rangos altitudinales de las montañas. Además, estos ecosistemas se han convertido en refugios fragmentados y, con frecuencia, presentan una mayor diversidad de especies vegetales en comparación con las zonas de menor altitud. La vida en estos ecosistemas está principalmente limitada por los elementos físicos del entorno, como altitudes elevadas, presiones atmosféricas y temperaturas bajas y algunas plantas de alta montaña son capaces de adaptarse a estas condiciones, creando hábitats que albergan diversas especies endémicas (Körner, 2021). Las presiones humanas y el cambio climático alteran la biodiversidad y por consiguiente el funcionamiento del ecosistema. Por tanto, comprender el funcionamiento que mantienen estas comunidades vegetales es de vital importancia para predecir como cambiará la biodiversidad y como se alterará el funcionamiento del ecosistema en respuesta a las presiones en el medio. En la ecología, estudiar la relación entre la diversidad, estructura y el funcionamiento de las comunidades resulta de interés para comprender cuales son las consecuencias de la pérdida de diversidad en la estabilidad de los ecosistemas y tomar medidas preventivas para mantener ecosistemas funcionales y autosostenibles (Córdova y Zambrano, 2015; Palomo, 2017; Seastedt y Oldfather, 2021). Entender el funcionamiento de los ecosistemas aporta al conocimiento científico y a los beneficios que la sociedad obtiene de ellos, conocidos como servicios ecosistémicos. La mayoría de los estudios sobre ecología de comunidades en plantas se han enfocado en analizar la abundancia y, la riqueza de especies mediante índices de diversidad y equidad (Córdova y Zambrano, 2015; Díaz & Cabido, 2001). Sin embargo, estos estudios suponen que todas las especies tiene una misma función e importancia en el ecosistema y asimismo tienen la misma probabilidad de sobrevivir y reproducirse. La diversidad funcional (DF) pretende en cambio entender la relación que existe entre la diversidad de especies, la estructura de la comunidad y el funcionamiento del ecosistema (Córdova y Zambrano, 2015; Cadotte *et al.*, 2011; Gamfeldt *et al.*, 2013). Este se basa en el análisis de los rasgos funcionales como atributos que influyen en el mantenimiento de las comunidades.

Los rasgos funcionales son las características que describen a un individuo, su morfológicas, bioquímicas, fisiológicas, estructurales y fenológicas, que se expresan en el fenotipo de los organismos individuales y que son de importancia para conocer la respuesta de los organismos frente al medio ambiente (Violle *et al.*, 2007).

Para comprender la estructura de las comunidades, es crucial emplear métricas adicionales que vayan más allá de simplemente contar especies. Una de estas métricas es la diversidad filogenética, que considera la relación de parentesco y la profundidad de su historia evolutiva (Faith, 2018). Dentro de está, encontramos la distinción evolutiva (ED), ambas nos aportan una visión mas amplia desde un punto de vista evolutivo acerca de diversidad funcional que albergan las especies dentro de una comunidad. La ED es una medida basada en la reconstrucción filogenética que cuantifica el número de especies emparentadas y qué tan distantes son éstas filogenéticamente, asignando un valor individual para cada especie en un árbol filogenético (Véron *et al.*, 2019). La importancia de este índice radica en que, si se obtiene un valor elevado de ED para una especie determinada, este se puede interpretar como la presencia de caracteres antiguos únicos o compartidos por muy pocas especies, incrementando así su importancia en la conservación para evitar la pérdida de funciones indispensables en el ecosistemas. Considerando esto, priorizar la conservación de especies con un ED elevado permite preservar la diversidad filogenética de una comunidad y contribuir al mantenimiento de la variación de caracteres manteniendo así la diversidad de los servicios ecosistémicos importantes para el funcionamiento del ecosistema y de la sociedad (Véron *et al.*, 2019; Forest *et al.*, 2007; Cavender *et al.*, 2005).

La diversidad funcional y la distinción evolutiva de las especies presentes en las comunidades vegetales de alta montaña se deben explorar para tener una mejor comprensión sobre la estructura y el funcionamiento de estos ecosistemas. La Sierra de La Marta en Coahuila, México, ofrece un gradiente altitudinal único para estudiar la diversidad funcional y la distinción evolutiva de las plantas leñosas que varían a lo largo del gradiente altitudinal de la Sierra, siendo de importancia para comprender la dinámica de los ecosistemas y para proponer estrategias de conservación y gestión de los recursos naturales (Sundqvist, 2013; Zhang *et al.*, 2016; Sánchez, 2021).

El objetivo de este estudio es hacer un análisis de la diversidad funcional y distinción evolutiva en ecosistemas de alta montaña mediante el análisis de seis rasgos funcionales claves y la reconstrucción filogenética de las especies leñosas de la comunidad vegetal de la sierra La Marta. Este enfoque permite identificar los gradientes altitudinales en los que varía la diversidad de especies, así como destacar aquellas especies prioritarias para la conservación, con el fin de asegurar el funcionamiento óptimo del ecosistema.

## **2. ANTEDECENTES**

### **2.1 Ecosistemas de alta montaña**

Los ecosistemas de alta montaña son únicos debido a que se encuentran en altitudes elevadas, pendientes pronunciadas y expuestas a condiciones climáticas extremas, como temperaturas bajas, fuertes vientos, nieve y radiación intensa. Estos ecosistemas están altamente amenazados y se comparan como islas en medio de los bosques subalpinos. El cambio climático, reduce el área disponible para las especies, lo que pone en peligro su supervivencia. Como resultado, los ecosistemas de alta montaña experimentan el calentamiento global más rápido, lo que los hace extremadamente vulnerables. La reducción y fragmentación de su hábitat, así como la competencia de especies que se desplazan cuesta arriba, pueden llevar a la extinción de especies específicas, siendo alguna de estas especies endémicas (Walther, 2005; Körner, 2021; Steinbauer *et al.*, 2022; Seastedt y Oldfather, 2021).

Dentro de estos ecosistemas existen especies especialistas que se han adaptado a las condiciones extremas, desarrollando características particulares que les permiten sobrevivir y prosperar. Estas especies tienen rasgos funcionales que son específicos de los ecosistemas de alta montaña y juegan un papel clave en su funcionamiento. La pérdida de ellas podría resultar en una reducción de la diversidad funcional de la comunidad, alterando la funcionalidad del ecosistema y su productividad. Las especies raras y endémicas con amplitudes de nichos estrechos y rasgos funcionales especializados tienen un mayor riesgo de extinción debido a su capacidad limitada para adaptarse a las condiciones ambientales cambiantes. Estas especies pueden tener dificultades para competir con especies más generalistas que tienen nichos más amplios y rasgos funcionales más flexibles, lo que las hace más susceptibles a los impactos del cambio climático y otras perturbaciones (Thakur *et al.*, 2019; Clavel *et al.*, 2011).

#### ***2.1.1 Ecosistemas de alta montaña en la Sierra Madre Oriental.***

Los ecosistemas de alta montaña en la Sierra Madre Oriental existen en forma de parches o dispersas en los bosques templados y presentan microclimas a lo largo del gradiente altitudinal, en los cuales diversos ecosistemas conviven haciendo que existan zonas de transición con un flujo amplio de especies y energía. La Sierra Madre Oriental (22° 00'



29° 11' N y 99° 00' 103° 00' O), cubre una área promedio de 145, 500 km<sup>2</sup> (aproximadamente el 7.5% de México), albergando una de las cadenas montañosas más extensas que se localiza del lado este del país (Favela, 2004; Salinas-Rodríguez, 2018).

En la extensión norte de la Sierra Madre Oriental se encuentran la Sierra Coahuilón, Sierra de la Marta y la Sierra La Viga que brindan refugio a la vegetación alpina o subalpina a lo largo de las cimas más altas y expuestas a altitudes de 3400 a 3700 msnm, además de refugiar especies endémicas como es el caso de *Pinus culminicola*, y *Picea mexicana* entre otras (McDonald, 1990; Favela, 2004; Treviño-Cuellar, 2021).

## **2.2 Gradientes altitudinales**

Debido a la pronunciada fisiografía que presentan los ecosistemas de alta montaña es importante considerar los gradientes altitudinales ya que en estos se generan grandes cambios ambientales en un rango geográfico relativamente corto, afectando los patrones de variación de la diversidad de especies que son causados por diversos factores como, el clima, la productividad, la historia evolutiva, los impactos antropogénicos y las interacciones bióticas y abióticas. El comprender la respuesta de la comunidad vegetal a lo largo de un gradiente altitudinal nos da la oportunidad de conocer la distribución de las especies, la estructura del ecosistema y los procesos ecológicos, por lo que la variable altitud es la que moldea el paisaje y la dinámica del ecosistema. (Sundqvist *et al.*, 2013; Estrada *et al.*, 2015; Steinbauer *et al.*, 2016; Zhang *et al.*, 2016).

En gradientes altitudinales elevados, la vegetación presenta cambios notables, en donde, la vegetación está compuesta por plantas de tamaño pequeñas y grupos que exhiben tasas de crecimiento lento, adaptadas a condiciones ambientales. Se ha observado que, en general, la mayor diversidad de especies se encuentra a altitudes intermedias, formando una especie de curva en la que la cantidad de especies es menor en altitudes bajas y altas, pero mayor en las altitudes intermedias. Esto sugiere que el ambiente actúa como un filtro importante, determinando qué especies pueden prosperar en esas zonas y, por lo tanto, influye en cómo se organiza la comunidad de plantas. (Sundqvist *et al.*, 2013; Zhang *et al.*, 2016; Rahbek, 2005; Sanchez, 2021; Bhat *et al.*, 2020; Sanders and Rahbek, 2012).

También se ha descubierto que la riqueza de especies, diversidad filogenética y diversidad funcional de plantas leñosas presentan patrones no estándar a lo largo del gradiente altitudinal, sugiriendo que el estrés por sequía y congelación actúan como filtros ambientales en las comunidades de plantas leñosas de baja y alta elevación, mientras que la competencia interespecífica domina en los bosques de elevaciones medias (Zhao *et al.*, 2022).

### **2.2.1 Plantas leñosas de alta montaña**

Las plantas leñosas son un componente clave pues desempeñan un rol importante en la conservación de la biodiversidad y la salud del ecosistema. Estas plantas son esenciales para la retención de suelo, la protección contra la erosión, la provisión de alimento y refugio para la fauna, y el mantenimiento de la resiliencia del ecosistema ante factores como la variabilidad climática y la perturbación (de la Riva, 2016; Bhat *et al.*, 2020).

En ecosistemas de alta montaña, se ha observado que el aumento en la densidad y altura de los arbustos llamado “arbustificación” puede conducir a un aumento en la captación de carbono a través de la fotosíntesis que podría resultar favorable para mitigar el cambio climático al retirar el dióxido de carbono de la atmósfera. Sin embargo, el aumento de la descomposición de la materia orgánica del suelo podría liberar grandes cantidades de carbono teniendo un efecto en el equilibrio de carbono y la estabilidad de estos ecosistemas (Mekonnen *et al.*, 2021; Zhang *et al.*, 2013; Grigoriev *et al.*, 2022). También, se ha observado que los arbustos y hierbas tienden a crecer bien en regiones de altitudes media-baja, con mayor diversidad de especies de arbustos en altitudes bajas (Xu *et al.*, 2017).

### **2.3 Diversidad funcional**

La investigación sobre la diversidad funcional se ha intensificado en las últimas décadas debido a su importancia para la comprensión de la ecología de los ecosistemas y el rol que tiene las plantas en el ciclo global del carbono. Además, se ha demostrado que la diversidad funcional puede ser un predictor más preciso de la resiliencia y la capacidad de los ecosistemas para responder a los cambios ambientales que la simple diversidad de especies. Ésta se centra en la diversidad de rasgos entre las especies dentro de la comunidad. También, se ha visto que se puede examinar la diversidad funcional (DF) en

escalas distintas, dentro de las especies, entre comunidades, regional e incluso mundial. (Díaz *et al.*, 2013; Díaz & Cabido, 2001; Mason *et al.*, 2005; Córdova y Zambrano, 2015; Mason & De Bello, 2013).

A una escala regional, se observó que hay un patrón claro de diversidad funcional en la vegetación de los biomas del continente americano, donde encontraron que los bosques templados y los pastizales tenían un mayor DF, que en los bosques tropicales y la selva amazónica; esta variación se le atribuye a las diferencias históricas y climáticas. Los biomas en la parte norte del continente americano suelen estar dominados por especies con rasgos funcionales más contrastantes, que contribuye a una mayor DF, a diferencia de los biomas de la parte Sur (Echeverría-Londoño *et al.*, 2018).

Por otro lado, en un estudio de hábitats mediterráneos de alta montaña en los Apeninos encontraron que la DF de las plantas y la redundancia varían entre los diferentes hábitats, donde observaron que a menor DF y más redundancia, indica una mayor similitud en los rasgos funcionales de las plantas, por lo que, serán más sensibles a las perturbaciones, y tendrán una menor estabilidad ecológica. Por lo tanto, a mayor DF y menor redundancia, indicará una mayor especialización y complementariedad de los rasgos funcionales de las plantas (Bricca *et al.*, 2021).

También, se ha revelado que la diversidad funcional en las comunidades varía significativamente y muestra un patrón jorobado con la diversidad máxima apareciendo en elevaciones medias, estando significativamente correlacionada con la diversidad de especies y la equidad (Zhang *et al.*, 2014).

Otro estudio a mostrado que las diferencias en los rasgos de las plantas entre la vegetación alpina y subalpina en las montañas mediterráneas reflejan su adaptabilidad a condiciones adversas al mostrar que las comunidades alpinas tienen una estrategia de uso de recursos adquisitiva con una mayor diversidad funcional de rasgos foliares, optimizando la ganancia rápida de carbono para superar las limitaciones de una temporada de crecimiento corta. En contraste, las comunidades subalpinas exhiben una estrategia de uso de recursos conservadora con una menor diversidad funcional de rasgos foliares, probablemente relacionada con la resistencia a la aridez durante una temporada de crecimiento más larga (Stanisci *et al.*, 2020).

### **2.3.1 Rasgos funcionales**

Para llevar a cabo el estudio de la diversidad funcional es necesario determinar los rasgos funcionales ya que; estos describen la función del organismo en el ecosistema. Se definen como las características morfológicas, bioquímicas, fisiológicas, estructurales, fenológicas o de comportamiento que se expresan en fenotipos de organismos individuales y son importantes para la respuesta de los organismos al medio ambiente y sus efectos en los procesos del ecosistema (Violle *et al.*, 2007).

Se ha resaltado que los rasgos funcionales pueden determinar las interacciones entre diferentes especies, como la competencia por recursos y la facilitación mutua, y como estos afectan la composición y la estructura de las comunidades vegetales. Sin embargo, la importancia de estos es entender como la diversidad de especies vegetales influyen en la productividad de los ecosistemas, donde se ha observado que existe una relación positiva entre ambas dentro de un ecosistema. Además, se ha inferido que los rasgos funcionales proporcionan información valiosa sobre las estrategias de vida de las especies y su capacidad para responder a los cambios ambientales, lo que ayuda a predecir los efectos del cambio climático y la pérdida de biodiversidad (Nock *et al.*, 2016; Roscher *et al.*, 2012; Dubuis *et al.*, 2013; Kraft *et al.*, 2015; Chapin *et al.*, 2002).

Se observó que las plantas adaptadas a entornos áridos suelen desarrollar hojas más gruesas como una estrategia para conservar el agua. Este aumento en el grosor y la densidad de la hoja ayuda a reducir la pérdida de agua a través de la transpiración y facilita el mantenimiento del flujo de agua desde el suelo seco. Estas adaptaciones permiten que las plantas enfrenten mejor el estrés por sequía y maximicen la eficiencia en el uso del agua. Además, la masa foliar por área (LMA) en árboles y arbustos se ve influenciada por variables climáticas como la precipitación y la radiación solar, siendo mayor en entornos más áridos. Así mismo, el grosor y la densidad de la hoja aumentan con la exposición a diferentes niveles de luz, reflejando las adaptaciones de las plantas a su ambiente (Niinemets, 2001).

Otro aspecto que es importante considerar cuando se trata de rasgos funcionales es determinar si existen relaciones filogenéticas entre las especies a las que se les atribuyen

los rasgos. Debido a que las especies evolutivamente relacionadas tienden a ser ecológicamente similares y responden de manera similar a la selección, siendo probable que los valores de los rasgos funcionales muestren señales filogenéticas, pues tenderán a ser más similares en especies más relacionadas que en parientes distantes. Sin embargo, hay que tener en cuenta que esto no siempre sucede pues las adaptaciones muestran que el cambio puede ser rápido cuando los linajes se adaptan a nuevos nichos (Díaz *et al.*, 2013; Cornwell *et al.*, 2014; Liu *et al.*, 2015). Considerar la distinción evolutiva para analizar la relación de los rasgos funcionales podría ser una forma más directa de conocer las similitudes entre las especies vegetales.

## **2.4 Diversidad filogenética**

La investigación sobre la diversidad filogenética de plantas leñosas a lo largo de gradientes altitudinales ha revelado patrones interesantes en la estructura de las comunidades vegetales (Gómez-Hernández *et al.*, 2016; Qian *et al.*, 2014; Zhang *et al.*, 2016). La composición de especies se ve afectada por factores ambientales y evolutivos, según investigadores mostraron que las comunidades de plantas leñosas exhiben patrones de sobre dispersión filogenética en altitudes bajas y agrupamiento filogenético en altitudes más altas, indicando la influencia de factores ambientales y evolutivos en la composición de especies (Gómez-Hernández *et al.*, 2016). A pesar del reconocimiento creciente de la importancia de la diversidad filogenética, su integración efectiva en las prácticas de conservación sigue siendo limitada (Veron *et al.*, 2019; Hu *et al.*, 2021; Srivastava *et al.*, 2012; Martínez & Morillo, 2020; Webb *et al.*, 2002). Es crucial optimizar la preservación de la historia evolutiva de las plantas leñosas, especialmente en áreas montañosas donde la diversidad filogenética puede verse afectada por cambios rápidos en las condiciones ambientales a lo largo del gradiente altitudinal.

### **2.4.1 Distinción evolutiva**

La distinción evolutiva (DE) es una medición basada en árboles filogenéticos que se ha utilizado ampliamente en la biología de conservación donde cuantifica el número de parientes que tiene una especie y cuán distantes filogenéticamente están, asignando un valor individual a cada especie y se ha visto que tiene un valor significativo de diversidad funcional, pues las especies que son funcionalmente distintas pueden asegurar procesos y servicios ecosistémicos claves para el mantenimiento de la sociedad humana. Por lo tanto,

los valores altos de distinción evolutiva (DE) se relacionan con el aislamiento de todas las demás especies, representadas por ramas largas que capturan características antiguas compartidas por muy pocas especies (Kondratyeva *et al.* 2019; Véron *et al.*, 2019; Díaz *et al.*, 2013; Hernández-Ruedas *et al.*, 2019; Faith, 2018).

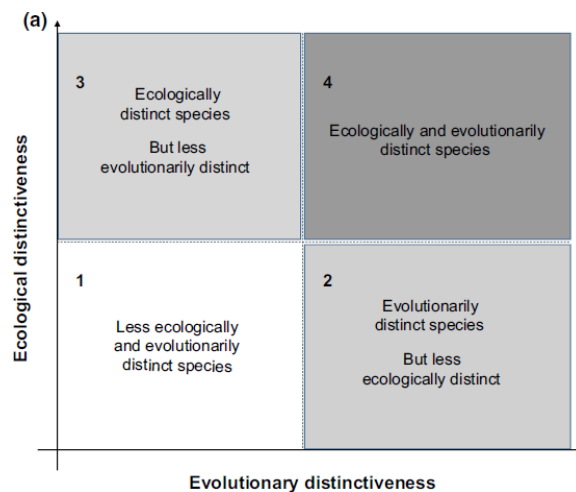
## **2.5 Aproximaciones de la diversidad funcional y la distinción evolutiva**

Se ha observado que al utilizar información basada en rasgos funcionales pueden tener sesgos, debido a la falta de datos, incertidumbre en las estimaciones y la dependencia de la calidad al momento de medir. Por lo que complementar los estudios de DF con información de especies relacionadas basadas en su proximidad filogenética (DE) se puede obtener una visión más completa y representativa de la diversidad de rasgos funcionales en las comunidades vegetales. Sin embargo, existe controversia entre si la DF es un buen predictor de la DE, pues los factores específicos del entorno, la historia evolutiva, la escala espacial y temporal pueden influir en cómo se relacionan la DF y la DE. A pesar de esta controversia, se ha propuesto considerar ambos valores ya que proporcionan información relevante sobre los patrones de la diversidad de especies que ayuda a tener una mejor comprensión de la estructura y funcionamiento de los ecosistemas (Swenson, 2014; Wang *et al.*, 2013; Steudel *et al.*, 2016; Flynn *et al.*, 2011; Swenson *et al.*, 2012; Mazel *et al.*, 2018).

### **2.5.1 Análisis del índice EcoEDGE**

La preocupación creciente en la comunidad científica sobre la necesidad de integrar componentes ecológicos y evolutivos en las estrategias de conservación de especies amenazadas llevo a realizar estudios que incluyan ambas métricas (Cavender *et al.*, 2009). Aunque la distinción evolutiva (ED) ha sido considerada en programas de conservación, la distinción ecológica (EcoD) aún no ha recibido la misma atención. EcoEDGE, es una métrica que propone integrar ambas métricas, además de la categoría de riesgo de las especies. En un estudio donde identifican especies de mamíferos terrestre que son tanto ecológica como evolutivamente distantes y globalmente amenazadas, utilizaron medidas de disimilitud filogenética y de rasgos, así como el estado de amenaza de las especies. Este enfoque representa la singularidad ecológica y evolutiva de las especies, ponderada por su riesgo de extinción, permitiendo la evaluación de ED y EcoD de las especies para ver como cambian en el espacio y evitar así la pérdida de procesos ecosistémicos únicos

(Hidasi-Neto *et al.*, 2015). En la figura 1 elaborado por Hidasi-Neto et al., en 2015 nos muestra los cuatro cuadrantes donde podrían estar distribuidas las especies estudiadas según su distinción ecológica y evolutiva. Observando que en el cuadrante 1 están las especies menos distantes evolutivamente y ecológicamente, altamente relacionadas y similares a otras. En el cuadrante 2 se distribuyen las especies solo evolutivamente distintas, en el cuadrante 3 especies solo ecológicamente distantes y el cuadrante 4 las especies muy distintas tanto evolutivamente como ecológicamente.



**Figura 1.** Relación de la distinción evolutiva y la distinción ecológica, elaborado por Hidasi-Neto et al., en 2015.

### **3.JUSTIFICACIÓN**

Los ecosistemas de alta montaña son importantes proveedores de servicios ecosistémicos y son hábitats de un extenso número de especies endémicas. A pesar de esto son ambientes amenazados por el cambio climático, la sobreexplotación y malas prácticas de manejo. Existen estudios sobre la diversidad de las especies enfocados principalmente en la diversidad taxonómica con fines de conservación, sin embargo, estos solo consideran la riqueza de especies sin tomar en cuenta las funciones de cada especie dentro de la comunidad vegetal. Para completar esto, es de vital importancia tener una visión amplia del funcionamiento de las comunidades y los ecosistemas para poder tomar decisiones concretas y efectivas e implementar el manejo de los recursos de manera sustentable, generando estrategias de conservación para comunidades claves y el mantenimiento de los ecosistemas. Este estudio pretende analizar la diversidad funcional y la distinción evolutiva de las especies y comunidades vegetales de la sierra La Marta con el fin de implementar el uso de distintos índices de diversidad que nos ayudan a priorizar en la conservación de especies o comunidades vegetales en base a sus funciones ecológicas e historia evolutiva. Este enfoque espera mejorar el entendimiento ecológico y las características que definen como los organismos interactúan con su entorno físico, químico y su ambiente biológico. Los resultados obtenidos nos ayudaran a entender el funcionamiento del ecosistema y cómo podría verse afectado por las perturbaciones humanas o el cambio climático. Lo anterior permitirá producir información que aporte a la toma de decisiones y diseño de estrategias de conservación que contribuyan al bienestar de los ecosistemas de alta montaña y los servicios ecosistémicos que proveen a la sociedad.



#### **4.HIPÓTESIS**

La diversidad funcional y distinción evolutiva de las plantas leñosas de la Sierra de la Marta presentan la misma distribución entre rangos altitudinales y especies.

## **5.OBJETIVOS**

### **Objetivo General**

Analizar la diversidad funcional y la distinción evolutiva de las plantas leñosas a lo largo del gradiente altitudinal de la sierra La Marta, Arteaga, Coahuila, México.

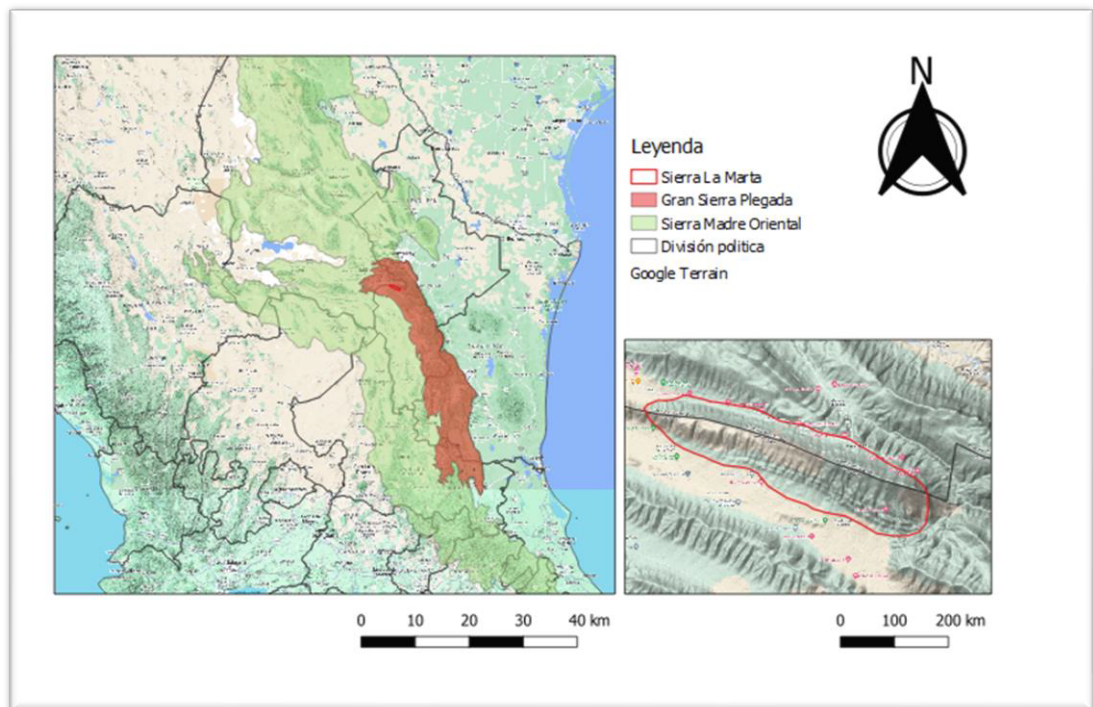
### **Objetivos específicos**

- Estimar los valores de distinción evolutiva de las plantas leñosas a lo largo del gradiente altitudinal de la sierra La Marta a través de una reconstrucción filogenética.
- Evaluar la diversidad funcional de las especies leñosas a lo largo del gradiente altitudinal en la sierra La Marta mediante rasgos funcionales.
- Explorar la relación de la distinción evolutiva como un proxy de la diversidad funcional en los ecosistemas de alta montaña del noreste de México.
- Identificar a las especies de plantas leñosas de mayor importancia ecológica para la sierra La Marta utilizando los índices de diversidad funcional y distinción evolutiva para identificar prioridades de conservación.

## 6. MATERIAL Y MÉTODOS

### 6.1 Área de estudio

El estudio se realizó en una de las regiones con características que representan a un ecosistemas de alta montaña en México, la Sierra de la Marta con una altura de entre 2,300 y 3,700 msnm. Ubicada dentro de la provincia fisiográfica de la Sierra Madre Oriental en la subprovincia de la Gran Sierra Plegada, entre los municipios de Arteaga, Coahuila y Rayones, Nuevo León (Martínez, 2021). Limitada por las coordenadas geográficas  $25^{\circ} 12' 56''$  latitud norte y  $100^{\circ} 22' 31''$  longitud oeste (Figura 2) (McDonald, 1990; Arévalo y Elizondo, 1991; Arreola-Ortiz *et al.*, 2010; Martínez, 2021).



**Figura 2.** Mapa de polígono de la Sierra La Marta, localizada en la Provincia de la Sierra Madre Oriental y la Subprovincia de la Gran Sierra Plegada.

El clima presente en la Sierra La Marta es un clima de tipo C(E)x', que representa al tipo semifrío subhúmedo con lluvias escasas todo el año y con precipitaciones invernales no mayores a 18% (Martínez, 2021, Arreola-Ortiz *et al.*, 2010, García, 1973). La vegetación de la Sierra la Marta esta principalmente delimitado por su topografía donde la vegetación dominante se encuentra en altitudes de 2560 a 2650 m aproximadamente, conformada por un matorral de encinos arbustivos (*Quercus spp.*), en altitudes de 2670 a 2700 m está dominada por bosque de pino piñonero (*Pinus cembroides*, *Quercus spp.* y *Populus tremoloides*) y en altitud de 3470 m está presente una vegetación alpina-subalpina donde se presentan *Pinus culminicola* y *Pinus hartwegii*. Es importante mencionar que la vegetación alpina en México solo está presente en el 0.2% del territorio y esta incluye especies endémicas (Martínez, 2021, Carrera-López, 2012).

## **6.2 Selección de especies**

Para la selección de especies se utilizó el listado de McDonald (1990) y la Tesis de Martínez (2021), de las cuales se eligieron únicamente las plantas leñosas, debido a que estas son esenciales para el buen funcionamiento del ecosistemas, ya que, proporcionan refugio y alimento para la fauna local, retención de suelo y protección contra la erosión. En la revisión de la literatura se reconocieron 21 especies de plantas leñosas que se distribuyen en ocho familias diferentes: Asteraceae, Celastraceae, Cupressaceae, Ericaceae, Garryaceae, Rhamnaceae, Fagaceae, Pinaceae (Tabla 1).

**Tabla 1.** Listados de las especies de plantas leñosas identificadas.

<b>Familia</b>	<b>Especies</b>
<b>Asteraceae</b>	<i>Ageratina saltillensis</i>
	<i>Ageratina campyoclada</i>
	<i>Gymnosperma Glutinosum</i>
<b>Celastraceae</b>	<i>Paxistima myrsinites</i>
<b>Cupressaceae</b>	<i>Juniperus zanonii</i>
<b>Ericaceae</b>	<i>Arctostaphylos pungens</i>
	<i>Arbustos xalapensis</i>
<b>Fagaceae</b>	<i>Quercus ariifolia</i>
	<i>Quercus hintoniorum</i>
	<i>Quercus sp</i>
	<i>Quercus alpscens</i>
	<i>Quercus greggii</i>
<b>Garryaceae</b>	<i>Garrya ovata</i>
<b>Pinaceae</b>	<i>Pinus hartwegii</i>
	<i>Pinus culminicola</i>
	<i>Pinus greggii</i>
	<i>Pinus ayacahuite</i>
	<i>Abies vejarii</i>
	<i>Picea Mexicana</i>
	<i>Pseudotsuga mezensii</i>
<b>Rhamnaceae</b>	<i>Ceanothus buxifolius</i>

### **6.3 Distinción evolutiva**

#### ***6.3.1 Colecta en campo***

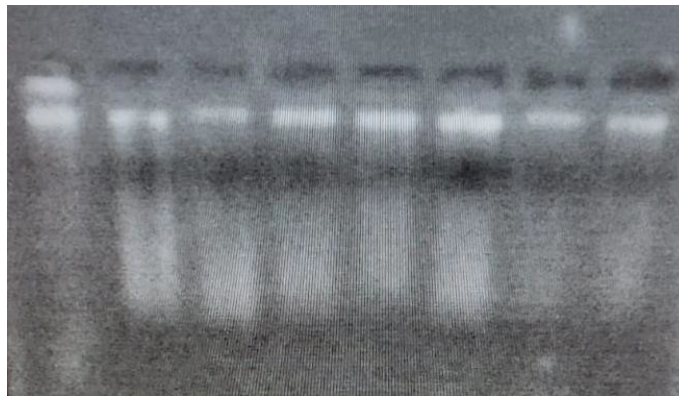
Se identificaron a las especies faltantes en la colección de DNA del laboratorio de Ecología Molecular, FBC, UANL, y de la base de datos de Gen Bank. Se colectó material vegetal de las especies faltantes tomando aproximadamente 10 gr. de muestra de cada especie y se conservaron en bolsas selladas con gel de sílice para su posterior procesamiento en el Laboratorio de Ecología Molecular de la Facultad de Ciencias Biológicas de la UANL. En la tabla 5 se muestra las especies que fueron recolectadas en campo, las obtenidas en la colección de DNA del laboratorio de Ecología Molecular y de las recopiladas de la base de datos de Gen Bank. En total, se recolectaron 10 especies en campo, se obtuvieron 8 de la colección de DNA del laboratorio de Ecología Molecular y se incluyeron 3 de la base de datos de Gen bank.

**Tabla 2.** Especies obtenidas en campo, laboratorio de Ecología molecular y base de datos Gen Bank.

<b>Especies</b>	<b>Colecta en campo</b>	<b>Laboratorio de Ecología Molecular</b>	<b>Gen Bank</b>
<i>Ageratina saltillensis</i>	X		
<i>Ageratina campyloclada</i>	X		
<i>Gymnosperma Glutinosum</i>	X		
<i>Paxistima myrsinites</i>	X		
<i>Juniperus zanonii</i>		X	
<i>Arctostaphylos pungens</i>			X
<i>Arbustos xalapensis</i>			X
<i>Quercus arifolia</i>			X
<i>Quercus hintoniorum</i>	X		
<i>Quercus sp</i>	X		
<i>Quercus alpescens</i>	X		
<i>Quercus greggii</i>	X		
<i>Garrya ovata</i>	X		
<i>Pinus hartwegii</i>		X	
<i>Pinus culminicola</i>		X	
<i>Pinus greggii</i>		X	
<i>Pinus ayacahuite</i>		X	
<i>Abies vejarii</i>		X	
<i>Picea Mexicana</i>		X	
<i>Pseudotsuga mezensii</i>		X	
<i>Ceanothus buxifolius</i>	X		

### 6.3.2 Extracción de DNA

Para la extracción de DNA se tomó 0.1 gr. de cada muestra y se utilizó el método de extracción de CTAB de Doyle y Doyle (1991) que fue modificado por Favela (2004). Para conocer la calidad de la extracción de DNA se elaboró una electroforesis en gel de agarosa al 1% con un Buffer Sodio-Borato (SB IX). La calibración utilizada para la electroforesis fue en un periodo de tiempo de 35 minutos, a 110v y 400ma, para el teñido del gel de agarosa se utilizó 1ul de GelRed Nucleic Acid Gel Stain, 100X por muestra y se observó en una foto documentador UVP MultiDoc-it (Digital Imaging System) (Figura 4).



**Figura 3.** Gel genómico de DNA, extracción de cuatro especies: *Ageratina saltillensis*, *Quercus hintoniorum*, *Quercus greggii* y *Quercus alpescens*.

### 6.3.3 PCR y secuenciación

Una vez confirmada la calidad de la extracción de DNA, amplificaron los genes de cloroplasto *rbcL* y *trnL-F* a partir de los primers presentados en la tabla 6. Para realizar el PCR se utilizaron las condiciones estandarizadas en el laboratorio para cada uno de los genes utilizados, las cuales se muestran en la tabla 7.



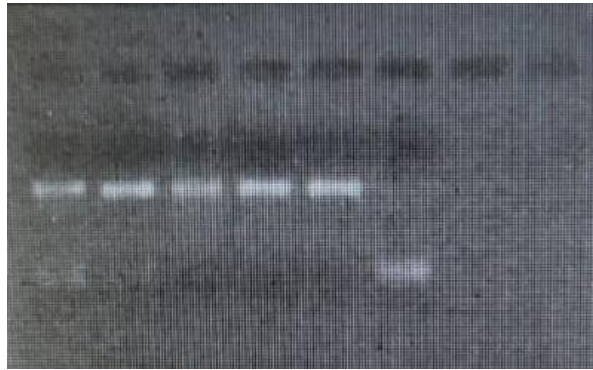
**Tabla 3.** Nombre de los primers y secuencias.

<b>Primers</b>	<b>Secuencias</b>
<b>rbcL Forward</b>	5'-ATGTCACCACAAAACAGAAAC-3'
<b>rbcL Reverse</b>	5'-TACGCATTTACCAGCTCCA-3'
<b>trnL-F Forward</b>	5'-GGTTCAAGTCCCTCTATCCC-3'
<b>TrnL-F Reverse</b>	5'-ATATTGCTCAAGTTCAGCGGGT-3'

**Tabla 4.** Condiciones de reacción de PCR para gen rbcL y trnL-F

<b>Condiciones PCR</b>	<b>Tiempo y temperatura</b>	
	<b>rbcL</b>	<b>trnL-F</b>
<b>Desnaturalización inicial</b>	4 min. a 94°C	1 min. a 95°C
<b>Desnaturalización</b>	30 s a 94°C	1 min. a 60°C
<b>Recocido (35 ciclos)</b>	30 s a 56°C	2 min. a 55°C
<b>Extensión</b>	30 s a 72°C	2 min. a 72°C
<b>Extensión final</b>	5 min. a 72°C	10 min. a 72°C

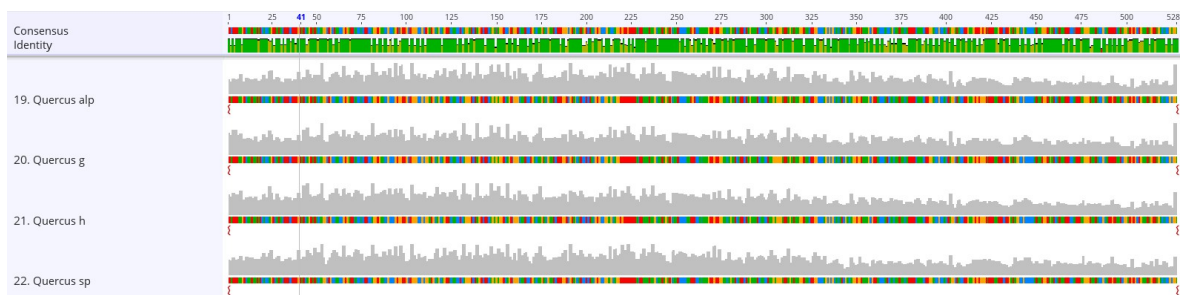
Se agregaron pruebas de control positivo y negativo para descartar contaminación en las muestras utilizadas para la amplificación. Posteriormente se prepararon las reacciones de PCR con un volumen final de 25 ul y 20 ul fueron enviados para secuenciar. La calidad de los fragmentos amplificados fue visualizada a través de un con el gel de agarosa al 1% con 4 ul de muestra y 1 ul de GelRed Nucleic Acid Gel Stain, 10X por muestra, además de un marcador de peso molecular (1000 pb), posteriormente se realizó la electroforesis durante 35 minutos a 110v y 140 mA con un Buffer Sodio-Borato (SB IX), y se observó en el foto documentador los fragmentos amplificados (Figura 5). Obtenidos los resultados esperados se enviaron los 25 ul a la empresa LANGEBIO, CINVESTAV (Irapuato, Gto, México), para su procesamiento y secuenciación con protocolos estandarizados por la empresa.



**Figura 4.** Gel de amplificación del gen *rbcL* de las especies: *Arctostaphylos pungens*, *Arbutus xalapensis*, *Gymnosperma glutinosa* y *Quercus alpestris*.

### 6.3.4 Reconstrucción filogenética

Una vez obtenidas las secuencias de ambos genes (*rbcL* y *trnL-F*) se revisaron y editaron con el software *Geneious Prime* (Geneious Prime, 2022). Donde se verificó su calidad y se procedió a construir una alineación de secuencias (Figura 6). La alineación se llevó a cabo para cada gen por separado, lo cual es esencial en la construcción de árboles filogenéticos, donde se comparan las secuencias de diferentes especies para reconstruir su relación evolutiva.



**Figura 5.** Alineación del gen *rbcL* de las 21 especies y el grupo externo (*Ginkgo biloba*) en el software *Geneious Prime*.

Para la construcción del árbol filogenético es necesario realizar una prueba del modelo evolutivo que se adecue mejor a cada región genética a incluir en el análisis, para ello se utilizó el programa *jModelTest* (Posada, 2008) con cada una de las alineaciones. Una vez

seleccionado el modelo adecuado para cada una de ellas fue necesario realizar la concatenación de los genes, para finalmente obtener una sola alineación para la reconstrucción filogenética. Se utilizó el software de *MEGA11* (Koichiro *et al.*, 2021), para genera un archivo nexus (Figura 7) (Ronquist, 2012).

```

Ageratina_c
ATAAATIGACTTATTACTCTGAATAGAAACCAAGGACTGATATCTTGGCAGCATTTCGAGTAACTCCTCAACCCTGGAGTTCGCGCTGAAGAAGCAGGGGCCGAGTAGCTGCCGAATCTTCTACTGGTACATGGCAACTGTATGGACCGATGGACTTACGAGCCTTGATGTTACAAGGC
CGATGCTATGGAAATCGAGCCTGTTCTGGGAAACCAATCAATATATGCTTATGTAGCTTACCCATTAAACCTTTTGAAGAGGTTCTGTTACTAACTGTTTACTTCCATTGAGGTAATGATTTGGGTCAAGCCCTGGCTGCTACGCTGGGAAGATTTCGCAATCCCTACTGCGTATGT
TAAATCTTGAATGCTCCCTCAGGATATCTAATGAAAGAGATAAATGAAACAGTATGGTCTGCCCTGTTGGGATGTACTTAACTCAATTTGGGGTATCCCTGTAABACTACGGTAGAGCTTGTATGATGCTTCTGGTGAACCTACTAAGTATCTTTCAATTCAGAAAC
CCTGGAAATAA-AAAATGGGCAATCTGGCAATCAGCTTTT---CCGAAA-ACAAACA-AAGG-----TTCAGAA---AGCGAAATCAAAAAGAGGATAGGTGCAGAGACTCGATGGAAAGCTGTCTAACGAATGGAGTGTATGTCTTAC-----ATTG-----GTAGAGGAA---
TCCTTCTATCGAACTTCAGAAAGATGA-----AGGATAAACCTGTA-----
ACATAGAAATTTGGTGAATCGATCCATATTGAA-----GAAAGAAATCAATATTCATTGATCAAGCATTCCAC-----G-CA-----TAATCTGATAGATC-----
TTTTGAAGAACTGATTAATCGGACGGAGATAAAGATAGAGTCCCGTCTACATGCTCAATACCGGCAACAAAGAAATTTATAGTAAGAGGA---AAATCCGTCGATTTCAAAAATCATGAGGGTCAAGTCCCTCTATCCCAATT-----TG-----ACTC-----
CCTAATATTATTA--TC-GT-ATCCTTTGATTTATCCTTTTTCGTTAGCGGTTCAAAG-----TA-CTTATCT-TTCTCATTCACTACTC-----T-----T-----TTA-TACAAAT-
GGATCTGAGCGGAAATGTAT-----CACATGTCAC-----ATGTGACATATATGATACATGTACAATG-----AACATCT-TT--GAGCAAGGAATCCC--CATT-----TGAATGATTCAGGATCGATATTTGATTCAT-----ATTGAA-----ACTTA-CAAG-TTG--TTCT
Ageratina_s
ATAAATIGACTTATTACTCTGAATAGAAACCAAGGACTGATATCTTGGCAGCATTTCGAGTAACTCCTCAACCCTGGAGTTCGCGCTGAAGAAGCAGGGGCCGAGTAGCTGCCGAATCTTCTACTGGTACATGGCAACTGTATGGACCGATGGACTTACGAGCCTTGATGTTACAAGGC
CGATGCTATGGAAATCGAGCCTGTTCTGGGAAACCAATCAATATATGCTTATGTAGCTTACCCATTAAACCTTTTGAAGAGGTTCTGTTACTAACTGTTTACTTCCATTGAGGTAATGATTTGGGTCAAGCCCTGGCTGCTACGCTGGGAAGATTTCGCAATCCCTACTGCGTATGT
TAAACTTTTCGATGGTCCCGCTCAGGATCCAAATGAGAGAGATAAATGAAACAGTATGGTCTGCCCTGTTGGGATGTACTTAACTCAATTTGGGTCAAGCCCTGGCTGCTACGCTGGGAAGATTTCGCAATCCCTACTGCGTATGT
CCTGGAAATAA-AAAATGGGCAATCTGGCAATCAGCTTTT---CCGAAA-ACAAACA-AAGG-----TTCAGAA---AGCGAAATCAAAAAGAGGATAGGTGCAGAGACTCGATGGAAAGCTGTCTAACGAATGGAGTGTATGTCTTAC-----ATTG-----GTAGAGGAA---
TCCTTCTATCGAACTTCAGAAAGATGA-----AGGATAAACCTGTA-----
ACATAGAAATTTGGTGAATCGATCCATATTGAA-----GAAAGAAATCAATATTCATTGATCAAGCATTCCAC-----G-CA-----TAATCTGATAGATC-----
TTTTGAAGAACTGATTAATCGGACGGAGATAAAGATAGAGTCCCGTCTACATGCTCAATACCGGCAACAAAGAAATTTATAGTAAGAGGA---AAATCCGTCGATTTCAAAAATCATGAGGGTCAAGTCCCTCTATCCCAATT-----TG-----ACTC-----
CCTAATATTATTA--TC-GT-ATCCTTTGATTTATCCTTTTTCGTTAGCGGTTCAAAG-----TA-CTTATCT-TTCTCATTCACTACTC-----T-----T-----TTA-TACAAAT-
GGATCTGAGCGGAAATGTAT-----CACATGTCAC-----ATGTGACATATATGATACATGTACAATG-----AACATCT-TT--GAGCAAGGAATCCC--CATT-----TGAATGATTCAGGATCGATATTTGATTCAT-----ATTGAA-----ACTTA-CAAG-TTG--TTCT

```

**Figura 6.** Concatenación de los genes *rbcL* y *trnL-F* en el software *MEGA11*, exportado como archivo nexus (*Abies vejarii*, *Ageratina campyloclada* y *Ageratina saltillensis*).

Después de la alineación concatenada, se procedió a utilizar el software *MrBayes* (Ronquist, 2012) para construir el árbol filogenético a partir del archivo nexus. El análisis bayesiano realizado por el software estima la probabilidad de diversas estructuras de árbol filogenético a partir de los datos observados, y también evalúa la incertidumbre relacionada con las estimaciones de los parámetros del modelo y la topología del árbol. Para este análisis, se llevaron a cabo 1 millón de iteraciones, logrando alcanzar un valor de desviación estándar de 0.01. Este valor es empleado como un criterio para evaluar la precisión de la estimación de los parámetros del modelo, donde valores más bajos indican un análisis más robusto y resultados más confiables (Ronquist *et al.*, 2011). Una vez concluido el análisis en el software de *MrBayes* (Ronquist, 2012), este guarda el árbol filogenético en un archivo de Newick (Figura 8), que luego se procesa en el programa *FigTree* para obtener y editar el árbol con el fin de mejorar su visualización.

```
((((((Ageratina_c:0.0014534309999999495,Ageratina_s:0.002367930999999999):0.035485659999999974,Gymnosperma_g:0.053603969999999945):0.051191339
999999974,(Arbutus_x:0.003778587,Arctostaphylos_p:0.15451130000000002):0.10502569999999994):0.005878115999999989,Garrya_o:0.044330949999999925
):0.025603670000000023,(Ceanothus_b:0.07626723000000002,(Paxistima_m:0.10709829999999998,(Quercus_a:0.011173909999999988,((Quercus_alp:0.00132
5275000000146,Quercus_g:0.021893119999999988):0.001378729000000023,Quercus_sp:0.001423583000000006):0.0014624520000000585,Quercus_h:6.10798
2999999928E-
4):0.004471129000000018):0.08089752000000006):0.009573920000000014):0.017536600000000013):0.3865105,((Abies_v:0.039081619999999993,((Picea_m:0.0
22854089999999938,Pseudotsuga_m:0.030956429999999924):0.00355685999999995,((Pinus_a:0.01094561999999999,((Pinus_g:0.01952301000000012,Pinus_h:
0.00137005900000009):0.014531379999999983):0.006035122999999976,Pinus_c:0.01531817000000002):0.024063909999999966):0.011744619999999983):0.04
684121000000008,Juniperus_z:0.2812711):0.05243494999999998):0.03033967500000002,Ginkgo_b:0.030339675);
```

**Figura 7.** Archivo en formato Newick del análisis filogenético en el software de MrBayes.

### ***6.3.5 Análisis de diversidad filogenética e índices de distinción evolutiva***

Para obtener la diversidad filogenética y los índices de distinción evolutiva (ED), fue necesario realizar un matriz en Excel donde se indicó la presencia o ausencia de cada especie seleccionada en los diferentes rangos altitudinales, además del árbol filogenético en formato Newick. Con la ayuda del programa *RStudio* (RStudio Team, 2020), donde se instalaron diversos paquetes: *ape* (Paradis y Schliep, 2019), *picante* (Kembel *et al.*, 2010), *phangorn* (Schliep, 2011), y *vegan* (Oksanen *et al.*, 2024), se llevaron a cabo los cálculos para obtener el índice de diversidad filogenética en función de su gradiente altitudinal y los índices de distinción evolutiva (ED) de cada una de las especies.

## **6.4 Diversidad Funcional**

### ***6.4.1 Selección de rasgos funcionales***

Para obtener la diversidad funcional utilizamos los rasgos funcionales que tiene una representación importante para el funcionamiento del ecosistema en el sitio de estudio estos tienen un enfoque en su crecimiento, reproducción y supervivencia. Para llevar a cabo este estudio utilizamos seis rasgos funcionales. *Crecimiento*: Área foliar (LA), Masa foliar por área (LMA), Grosor de la hoja (LTH), Densidad específica del tallo (SSD). *Preservación de la supervivencia y de los recursos*: Altura de la planta (H). *Reproducción*: Tipo de dispersión (TD) (Díaz *et al.*, 2016; Barbosa, 2021).

#### 6.4.2 Colecta en campo

La colecta de especies se realizó de forma dirigida en cuatro gradientes altitudinales que abarcan desde los 2800 hasta los 3600 msnm, con intervalos de 200 metros cada uno (Tabla 2). Se realizó un transecto en cada uno de los rangos altitudinales y se colectaron las especies seleccionadas donde estuvieran presentes.

La selección de individuos se realizó de manera selectiva, tomando en cuenta la exposición solar, la edad (jóvenes) y que estuvieran libres de patógenos o signos de herbivorismo para evitar sesgos en la colecta de caracteres que se pudieran ver afectados por características del individuo y que no fueran representativas de las especies estudiadas. En la tabla 1, se detallan las especies leñosas que fueron seleccionadas en este proceso.

**Tabla 5.** Rangos altitudinales utilizados para la colecta en campo.

ID	Rango altitudinal
1	2800-3000 msnm
2	3000-3200 msnm
3	3200-3400 msnm
4	3400-3600 msnm

La colecta de campo se realizó de forma diferente dependiendo del rasgo funcional evaluado y se realizó siguiendo el protocolo estandarizado de Pérez-Harguindeguy *et al.*, (2016). Para la recolección de la mayoría de los rasgos funcionales (hojas y tallos) se seleccionó un individuo por especie en cada rango altitudinal, lo que permitió representar la variabilidad morfológica y fisiológica inducida por los cambios ambientales. Esta estrategia optimizó la captura de respuestas adaptativas y fenotípicas, garantizando la comparación entre los diferentes gradientes altitudinales y minimizando la redundancia en la recolección de datos.

Las muestras obtenidas fueron procesadas en el laboratorio de ecología molecular de la Facultad de Ciencias Biológicas de la UANL. Y la metodología para la colecta de cada rasgo funcional se describe a continuación:

### *Hojas*

Se recolectaron las hojas tomando la rama en su totalidad, sin retirar ninguna de ella, hasta justo antes de la medición asegurando que estuvieran completamente expuesta a la luz, considerando hojas enteras a plena luz. Tomando 10 hojas de cada individuo encontrado en cada uno de los cuatro rangos altitudinales, totalizando así 40 hojas por especies. Las muestra de hojas se colectaron al menos 2-3 horas después del amanecer para garantizar la consistencia en las condiciones de luz y temperatura.

Se colocaron en bolsas de plástico selladas para evitar pérdida de agua y se almacenaron en un refrigerador 2°C hasta su posterior procesamiento en el laboratorio. En el caso de las especies que presentan hojas blandas, estas se envolvieron en papel húmedo para conservar la humedad. La medición se realizó antes de las 48 horas que se recomienda para no perder la fiabilidad del área foliar.

### *Tallos*

La recolección de tallos en plantas leñosas con diámetros de tallos >6 cm, se cortó con una sierra una rama que estuviera aproximadamente 1.3 m de altura, o a un tercio del tronco si éste es inferior a 4 m. El corte mide entre 2 y 10 cm de altura, esto dependerá del diámetro del tallo y de la estructura de la planta. En el caso de los tallos principales delgados (diámetro <6 cm), se cortó con tijeras al menos una sección de 10 cm de largo, aproximadamente a un tercio de la altura del tallo. Para tallos, más cortos, se tomó el tallo entero, pero cortando la parte apical más joven. Además, se retiraron los trozos de corteza sueltos que parecían desprendidos del tallo. Las muestras de madera dura se guardaron en una bolsa de plástico sellada en el refrigerador hasta el momento de la medición. Para las muestras más vulnerables a la contracción, como *Gymnosperma glutinosa*, *Ageratina saltillensis* y *Ageratina campyloclada* se envolvieron en papel húmedo dentro de bolsas de plástico y se guardaron en el refrigerador hasta el momento de la medición.

### *Altura de la planta*

Debido a que la altura de la planta presenta una notable variabilidad se tomaron medidas de al menos 10 individuos de cada especie en cada rango altitudinal en el estuvieran presente. Es decir, se midieron 10 individuos por especie en cada uno de los cuatro rangos

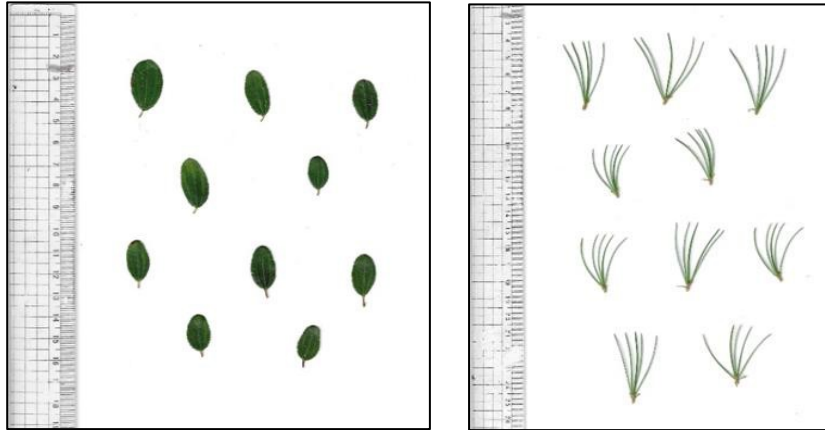
altitudinales, totalizando así 30 individuos por especie. Se calculó el promedio de la altura por especie en cada rango altitudinal. Para esta medición se utilizó la aplicación Measure height para árboles con alturas  $>$  a 1.5 metro y para arbustos  $<$  1.5 metro de utilizó un flexómetro.

#### **6.4.3 Mediciones de rasgos funcionales**

Para la medición de los rasgos funcionales se tomó el protocolo estandarizado por Pérez-Harguindeguy *et al.* (2016).

Para el *Área foliar específica (SLA)* es necesario calcularla la masa seca de la hoja entre el área foliar, expresada en kg y m<sup>2</sup>. La *masa foliar por área (LMA)*, que se utiliza a menudo en la literatura, es simplemente 1/SLA.

Para obtener el área foliar de cada especie, se escanearon las hojas con el peciolo colocándolas lo más planas posible sin dañar el tejido antes de las 48 horas de colecta, en el caso de las hojas más enrolladas se cortaron en trozos más pequeños. Se almacenaron como imágenes JPG (Figura 3) posteriormente se midió el área foliar con el programa ImageJ (Martin *et al.*, 2020).



**Figura 8.** Imágenes del escaneo de las especies *Ceanothus buxifolius* y *Pinus culminicola*.

Después de la medición del área foliar, las hojas se colocaron en bolsas con gel sílice durante 15 días. Se tomó el peso inicial de las hojas y posteriormente se colocaron deshidratadora (Hamilton Beach) durante 72 horas a 70 °C. para finalmente pesar las hojas con una balanza analítica justo después del secado para que las muestras no absorbieran la humedad del aire.

El *Área foliar (LA)* se expresa en  $\text{cm}^2$  y está representada por la lámina foliar proyectada. Para este rasgo se utilizaron las misma mediciones obtenidas del *SLA*

El *Grosor de la hoja (LTH)* se obtiene dividiendo la masa fresca (peso inicial) de la hoja por su LA. Esto asume una relación estrecha entre la masa fresca y el volumen de la hoja. Sin embargo, esta aproximación no tiene en cuenta la densidad variable del material seco en la hoja, pero puede proporcionar una estimación aceptable y se expresa por mm.

La *Densidad específica de la madera (SSD)* es representada por la masa secada al horno del tallo principal entre el volumen de esta cuando aún está fresca. Se expresa en  $\text{g}/\text{cm}^3$ .

Calcular el volumen (V) del cilindro como:  $V = \pi * D^2 * L$

Se mide el diámetro medio (D) de la muestra cilíndrica con un calibrador Vernier (si es necesario la media de varias mediciones) y la longitud (L) de la muestra con un calibre o una regla. Si el tallo es muy fino, se determinará el diámetro a partir de una sección transversal al microscopio.



Tras la medición del volumen, a la muestra se le retiró la corteza y se secó en la deshidratadora (Hamilton Beach) a 70°C durante 72 hrs (muestras pequeñas) y 96 hrs (muestras grandes), posteriormente se midió el peso de la masa seca.

La *Altura máxima de la planta (Hmax)* está representada por la distancia más corta entre la parte superior de los principales tejidos fotosintéticos sin considerar la inflorescencia de la planta, pero si el nivel del suelo, medida en metros.

La altura se define como la distancia más corta entre el límite superior del follaje y el centro de su punto de fijación basal. Para esto se utilizó un flexómetro en plantas con tamaño < a 2 metro y para el caso de plantas leñosas > a 2 metros se utilizó la aplicación Measure height.

El *tipo de dispersión (TD)* es la manera en que la semilla o el organismo se distribuye en el espacio, proporcionando información importante sobre la ecología y la biología de las especies, además de conocer las interacciones entre individuos y su entorno (Rogers *et al.*, 2021).

Para categorizar este rasgo funcional, se realizó una búsqueda en la literatura de una medida de dispersión estandarizada. Se utilizó la clasificación elaborada en la base de datos BROT 2.0, versión actualizada por Tavşanoğlu & Pausas (2018) (Tabla 3). Para conocer cuál es el tipo de dispersión de cada especie, se utilizó la base de datos de TRY (Plant trait Database) en RStudio (RStudio Teams, 2020) con el paquete de GIFT (Weigelt *et al.*, 2020).

**Tabla 6.** Tipos de dispersión estandarizado de la base de datos BROT 2.0.

<b>Símbolo</b>	<b>Tipo de dispersión</b>
<b>G</b>	Autocoría, por gravedad
<b>W</b>	Anemocoría, por viento
<b>H</b>	Hidrocoría, por agua
<b>B</b>	Balistocoría, por lanzamiento
<b>M</b>	Mirmecocoría, por hormigas
<b>N</b>	Endozoocoría, transporte animal interno
<b>P</b>	Epizoocoria, transporte animal externo
<b>O</b>	Hoarding, dispersión y almacenamiento de diásporas por animales
<b>Z</b>	Zoocoría, dispersión mediada por animales

#### ***6.4.4 Construcción de matrices***

Una vez que se obtuvieron los datos de los rasgos funcionales de todas las mediciones correspondientes, se procedió a registrar la información en una hoja de Excel, como se detalla en el Anexo 1. Donde se obtuvo un número de muestra total de 50 individuos (n=50) de las 21 especies estudiadas.

Para realizar el análisis estadístico y la obtención de los índices de diversidad funcional, es fundamental tener un conocimiento completo de los datos que se han obtenido. En la tabla 4, se presenta el tipo de datos de cada rasgo funcional.

**Tabla 7.** Tipo de datos de cada rasgo funcional.

<b>Rasgos funcionales</b>	<b>Tipo de datos</b>
<b>Altura máxima (Hmax)</b>	Cuantitativo
<b>Área foliar (LA)</b>	Cuantitativo
<b>Masa foliar por área (LMA)</b>	Cuantitativo
<b>Densidad específica del tallo (SSD)</b>	Cuantitativo
<b>Grosor de la hoja (LTH)</b>	Cuantitativo
<b>Tipo de dispersión (TD)</b>	Categorico

Para la aplicación de los índices de Diversidad funcional, se construyó una matriz de presencia/ausencia o también llamada matriz de comunidad para cada rango altitudinal de todas las especies (21 especies). Además, se construyó la matriz Especies/Rasgos funcionales con el promedio por especies con el objetivo de analizar la diversidad funcional en función del gradiente altitudinal.

#### **6.4.5 Análisis de datos diversidad funcional**

Para observar y determinar la variación presente en los rasgos, se realizaron estadísticas descriptivas como la media, mediana, varianza, desviación estándar y coeficiente de variación. Se realizó adicionalmente un análisis univariado con la finalidad de comprender la distribución, tendencia central y dispersión de cada rasgo funcional entre las especies. Estos se llevaron a cabo con el software *RStudio* (RStudio Teams, 2020), utilizando los paquetes *stats* (R Core Team, 2012), *psych* (Revelle, 2014), *dplyr* (Wickham, 2023) y *ggplot2* (Wickham, 2016). Para la variable categórica (tipo de dispersión), se realizó una gráfica de frecuencia con la finalidad de tener una visualización de éste rasgo funcional, para lo cual se utilizó el paquete de *ggplot2* (Wickham, 2016).

Las relaciones entre los diferentes rasgos se exploraron por medio de un análisis de correlación de Spearman representados en un mapa de calor y los valores de  $p$  ( $<0.05$ ) para conocer la significancia de las correlaciones. Estos análisis fueron realizados en el software *RStudio* (RStudio Team, 2020) con los paquetes *corr* y *ggplot2* (Wickham, 2016).

Los índices de diversidad funcional que se analizan son independientes de su abundancia por lo que, se tomó en cuenta la diversidad funcional de atributos (FAD), FAD1, cuenta cuántas combinaciones únicas de los rasgos estudiados hay en una comunidad de plantas. Este valor puede ser igual o menor que el número total de especies presentes en el área que estamos estudiando, y es similar a lo que normalmente pensamos como la cantidad de especies en un lugar (Walker *et al.*, 1999). Por otro lado, el índice FAD2, es un poco diferente. Se calcula sumando todas las distancias entre pares de especies en un espacio donde cada especie está representada por sus rasgos. Esto nos da una idea de cuán diferentes son las especies entre sí en términos de sus características. Para calcular esta distancia, generalmente usamos una medida llamada distancia euclidiana, que básicamente nos dice cuantos se separan dos especies en función de sus rasgos (Walker *et al.*, 1999) y se define como:

$$DE_{ij} = \sqrt{\sum_{t=1}^T (x_{ij} - x_{jt})^2}$$

Donde  $DE_{ij}$  representa la distancia ecológica entre las especies  $i$  y  $j$ ,  $T$  es el total de rasgos o atributos, y  $X_{ti}$  y  $X_{tj}$  son los valores del  $t$ -ésimo rasgos en las  $i$ -ésima especies. A partir de esta distancia ecológica, FAD2 se formula de las siguiente manera:

$$FAD2 = \sum_{i=1}^S \sum_{j>1}^S DE_{ij}$$

Siendo  $S$  el número de especies en consideración. En situaciones donde se disponga tanto de rasgos cuantitativos como cualitativos, la distancia de Gower pueden utilizarse como alternativa (Casanoves *et al.*, 2008).

La diversidad funcional de atributos modificada (MFAD) es utilizada para solucionar la monotonicidad (valores que aumentan o disminuyen al agregar o quitar especies de una comunidad) del índice FAD2 y fue propuesta por Schmera *et al.* en 2009. Este índice tiene como idea principal agrupar especies que tiene rasgos similares en una sola categoría

llamara “especie funcional”. Utilizando una medida de disimilaridad, que es un número que varía entre 0 y 1. Está es una forma mejorada de medir la diversidad funcional al agrupar especies con rasgos similares en una sola categoría y usar medidas de disimilaridad para evaluar cuán diferentes son estas “Especies funcionales”, haciendo que este índice se más robusto y útil (Schmera *et al.*, en 2009). Este análisis se llevó acabo con el software *RStudio* (RStudio Team, 2020) con los paquetes *ade4* (Dray y Dufour, 2007), *cluster* (Maechler *et al.*, 2019) y *ape* (Paradis y Schliep, 2019).

Petchey y Gaston en 2002, proponen el índice de Diversidad funcional basada en Dendrogramas (FD, FDc, GFD), es una medida que se deriva de un dendrograma funcional generando mediante un análisis de conglomerados. Sin embrago, un método iterativo para seleccionar la mejor combinación de medida de distancia y estrategia de formación del dendrograma, considerando diferentes algoritmos aglomerativos. El índice resultante, llamado GDF (FD generalizado), es la suma de las longitudes de las ramas del dendrograma que mejor se ajusta a los datos. Por lo que, la combinación optima se realiza comparando la matriz de disimilaridad con la matriz cofenética (análisis de conglomerados), que cuantifica la distancia entre especies en el dendrograma. Cuando menor sea la distancia entre estas matrices, mejor será el ajuste del dendrograma en comparación con la representación original de las especies en el espacio de rasgos funcionales (Mouchet *et al.*, 2008).

Para la construcción del dendrograma se elaboraron matrices de disimilaridad de los rasgos funcionales. Para este análisis fue necesario estandarizar los datos cuantitativos y los cualitativos, esto se obtuvo a través del uso de algoritmos en el programa *RStudio* (RStudio Team, 2020) con los paquetes *ade4* (Dray y Dufour, 2007), *cluster* (Maechler *et al.*, 2019) y *ape* (Paradis y Schliep, 2019).

Los Análisis de Componentes Principales (PCA) se aplicaron para explorar la variabilidad de los rasgos funcionales dentro de la comunidad vegetal. Este método es especialmente útil para manejar matrices con múltiples variables cuantitativas, especialmente aquellas que están correlacionadas y que pueden describir la estructura de los datos de manera efectiva. Antes de iniciar el análisis, es crucial estandarizar las variables para asegurar que tengan una escala comparable, dado que pueden tener unidades de medición diferente.

Además, el PCA utiliza los valores propios (eigenvalores) para indicar la proporción de variabilidad explicada por cada componente principal. Proporciona información detallada sobre las variables originales y, en este contexto, de las especies individuales en relación con los componentes principales. Esta información incluye las coordenadas de las variables y las especies en el espacio de los componentes principales, las correlaciones entre las variables y los componentes, los cuadrados cosenos de las observaciones (que indican la calidad de la representación de las observaciones en el espacio de los componentes principales) y las contribuciones de las variables a la variabilidad de los componentes principales. Todo el proceso de análisis y estandarización de los datos se llevó a cabo utilizando el software *RStudio* (RStudio Team, 2020) con la ayuda de los paquetes *FactorMineR* y *factoextra* (Rueda *et al.*, 2022), que ofrecen herramientas robustas para realizar análisis multivariado en R.

## **6.5 EcoEDGE**

### **6.5.1 Análisis de EcoEDGE**

Para este análisis fue necesario recopilar la base de datos de los rasgos funcionales de las especies a analizar añadiendo una columna representando la categoría de riesgo de la IUCN y el archivo en formato nexus del árbol filogenético realizado en software *MrBayes* (Ronquist, 2012). La métrica EcoEDGE tiene en cuenta la contribución relativa de las especies de ambos componentes (ecológico y evolutivo). Este análisis se llevó a cabo en el software *RStudio* (RStudio Teams, 2020), utilizando los paquetes *clue* (Hornik, 2020), *picante* (Kembel *et al.*, 2010), *ade4* (Dray y Dufour, 2007) y *caper* (Orme *et al.*, 2013).

## 7. RESULTADOS

### 7.1 Distinción evolutiva

#### 7.1.1 Diversidad filogenética

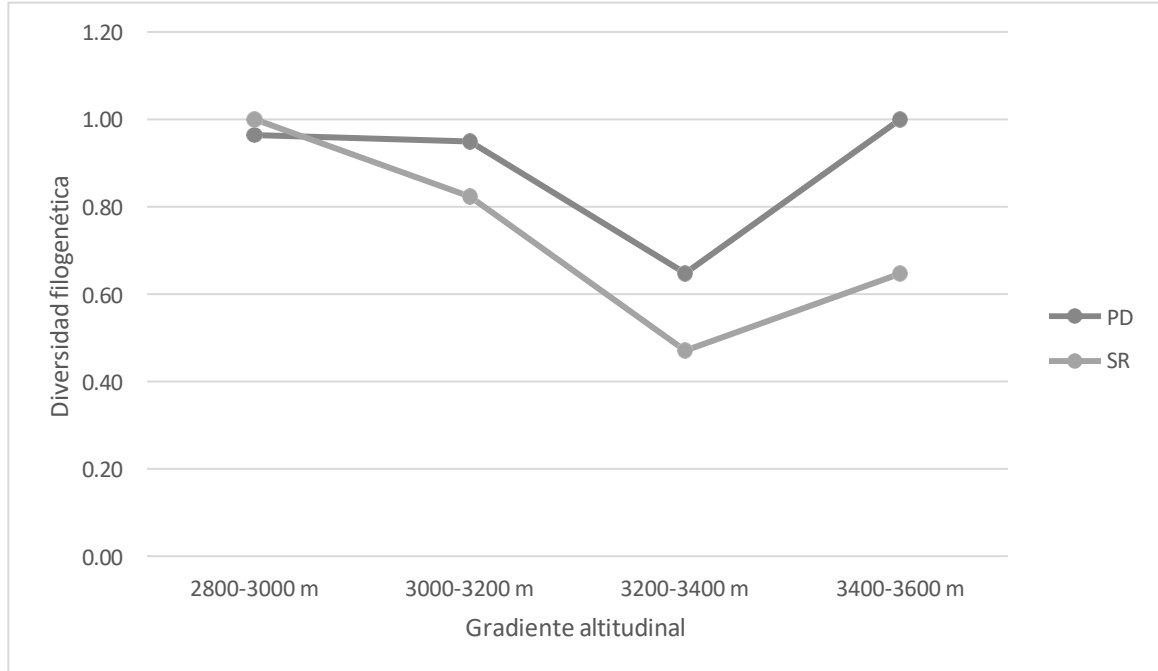
La diversidad filogenética en este estudio nos ayudó a observar la representatividad de especies filogenéticamente cercanas en relación con la altitud. La métrica de diversidad filogenética se presenta en dos aspectos, PD (diversidad filogenética) y SR (riqueza de especies). Los valores se muestran en la tabla 12, donde se calculan para diferentes rangos de altitud.

**Tabla 8.** Diversidad filogenética y riqueza de especies leñosas en los cuatro gradientes altitudinales.

<b>Gradientes</b>	<b>PD</b>	<b>SR</b>
<b>2800-3000 msnm</b>	1.4851043	17
<b>3000-3200 msnm</b>	1.4629325	14
<b>3200-3400 msnm</b>	0.9981221	8
<b>3400-3600 msnm</b>	1.5409457	11

En general, observamos una tendencia interesante en los datos. A medida que aumenta la altitud, la diversidad filogenética (PD) tiende a fluctuar, con un valor máximo en el rango de 3400-3600 msnm (Figura 20). Esto podría sugerir que, en altitudes más altas, existe una mayor diversidad filogenética entre las especies presentes, lo que indica una historia evolutiva más rica y compleja.

Por otro lado, la riqueza de especies (SR) muestra una tendencia diferente. En lugar de aumentar constantemente con la altitud, observamos que la SR alcanza su punto máximo en el rango de 2800-3000 msnm y luego disminuye en los rangos de altitud más altos.



**Figura 9.** Distribución de la diversidad filogenética y riqueza de especies en porcentajes a lo largo del gradiente altitudinal.

### 7.1.2 Índices de distinción evolutiva

Al analizar la tabla 13, observamos valores bajos de ED (distinción evolutiva) en especies como *Quercus alpezens* y *Pinus hartwegii*, indicando que están menos relacionadas filogenéticamente con otras especies.

Por otro lado, especies con valores altos de ED como *Juniperus zanonii* y *Arctostaphylos pungens*, muestran una mayor distinción evolutiva, lo que refleja que están más estrechamente relacionadas filogenéticamente con otras especies en el conjunto de datos.

También podemos observar que algunas especies, como *Ageratina campyloclada* y *Ageratina saltillensis*, tiene valores de ED muy similares, como es de esperarse ya que son especies del mismo género. Y sugieren que estas especies tienen una estrecha relación entre sí desde un perspectiva filogenética.

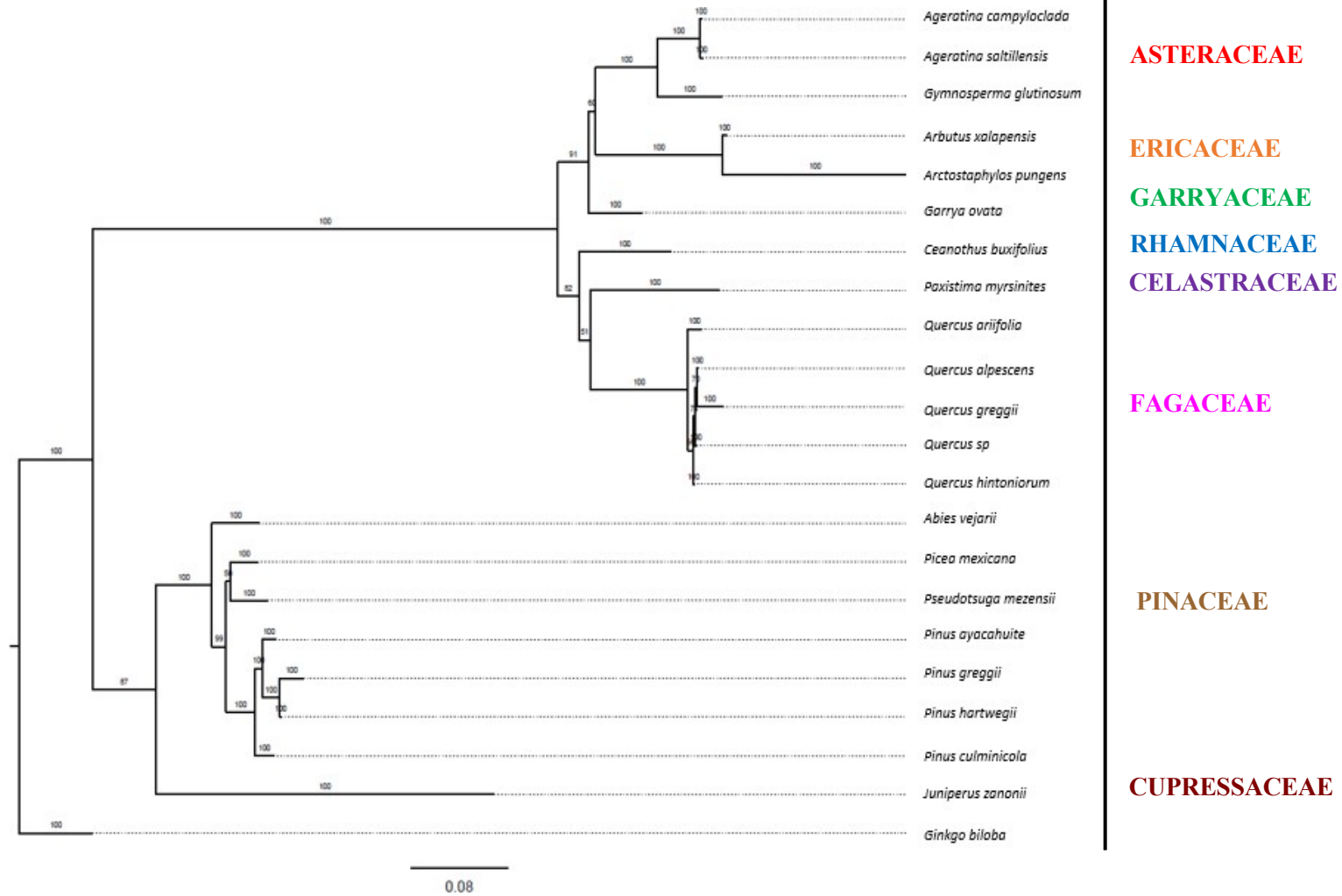


**Tabla 9.** Índices de distinción evolutiva de las especies leñosas de mayor a menor valor.

Especies	ED
<i>Juniperus zanonii</i>	0.32265841
<i>Arctostaphylos pungens</i>	0.23774727
<i>Ceanothus buxifolius</i>	0.18924807
<i>Paxistima myrsinites</i>	0.16837568
<i>Garrya ovata</i>	0.16134533
<i>Gymnosperma glutinosum</i>	0.10992276
<i>Arbutus xalapensis</i>	0.08701456
<i>Abies vejarii</i>	0.08319588
<i>Quercus ariifolia</i>	0.08226136
<i>Ageratina saltillensis</i>	0.04827016
<i>Ageratina campyoclada</i>	0.04735566
<i>Pseudotsuga mezensii</i>	0.04669958
<i>Pinus culminicola</i>	0.04131485
<i>Picea mexicana</i>	0.03859724
<i>Quercus hintoniorum</i>	0.03839009
<i>Pinus greggii</i>	0.03479665
<i>Quercus greggii</i>	0.03239292
<i>Pinus ayacahuite</i>	0.02696152
<i>Quercus sp</i>	0.02104445
<i>Pinus hartwegii</i>	0.0166437
<i>Quercus alpescens</i>	0.01182507

### 7.1.3 Reconstrucción filogenética

La figura 21 presenta la reconstrucción filogenética, destacando varias divergencias de especies. Una de las divergencias más notables es la separación entre Angiospermas y las Gimnospermas. En seguida, se observan los clados de las familia como las Pinaceae, Fagaceae, Asteraceae y Ericaceae. Las especies aisladas como *Ceanothus buxifolius*, *Garrya ovata*, *Paxistima myrsinites* y *Juniperus zanonii*, se deben a que pertenecen a diferentes familias y carecen de otras especies con las que comparten ancestros recientes o linajes. Además, especies como *Juniperus zanonii* y *Arctostaphylos pungens* mostraron valores altos de distinción evolutiva, lo que sugiere una falta de linajes recientes compartidos en la región de estudio.



ANGIOSPERMAS



GIMNOSPERMAS



Figura 10. Reconstrucción filogenética de las especies leñosas.

## 7.2 Diversidad funcional

### 7.2.1 Análisis de rasgos funcionales estadística descriptiva

Los análisis de estadística descriptiva nos dan un acercamiento de cómo se comportan nuestros datos para obtener una visión general de su estructura y variabilidad. Esto nos ayuda a identificar patrones, tendencias y posibles anomalías en los datos. En la tabla 8, observamos los rasgos funcionales donde obtuvimos la media, desviación estándar, varianza, coeficiente de variación, mediana, asimetría y curtosis. Así como los análisis univariados donde se muestra la distribución, tendencia central y dispersión de las especies en función de los rasgos (Figura 9. (a-e)).

**Tabla 10.** Estadística descriptiva de los rasgos funcionales de las 21 especies de plantas leñosas. Hmax (Altura máxima), LA (Área foliar), LMA (Masa foliar por área), SSD (Densidad específica del tallo), LTH (Grosor de la hoja).

Rasgos	Media	Desviación Estándar	Varianza	Coeficiente de variación	Mediana	Asimetría	Curtosis
Hmax (m)	3.670	4.2227	17.8310	115.0594	1.6000	1.2704	3.1386
LA (cm <sup>2</sup> )	4.141	6.1068	37.2929	131.7141	1.805	1.7084	5.1510
LMA (cm <sup>2</sup> /g)	0.256	0.2457	0.0604	95.9036	0.1650	2.0706	6.5922
SSD (cm <sup>3</sup> /g)	0.455	0.3002	0.0901	66.0075	0.3855	0.3412	1.5944
LTH (mm)	0.251	0.3766	0.1418	149.9061	0.0805	2.0823	6.8373

La Hmax (Altura máxima) de las plantas leñosas tienden a variar en promedio alrededor de 4.22 m con respecto a la media. La variabilidad alta en la altura máxima (Hmax) de las plantas leñosas se debe a que se consideraron árboles y arbustos de diversas tallas. Esto se refleja en la dispersión de los datos, sin embargo, en promedio la Hmax de las plantas tienden a ser bajas con excepción de algunos árboles y arbustos altos que aumenta la media. En la figura 9-a, podemos observar la densidad del rasgo Hmax con una distribución sesgada a la derecha.

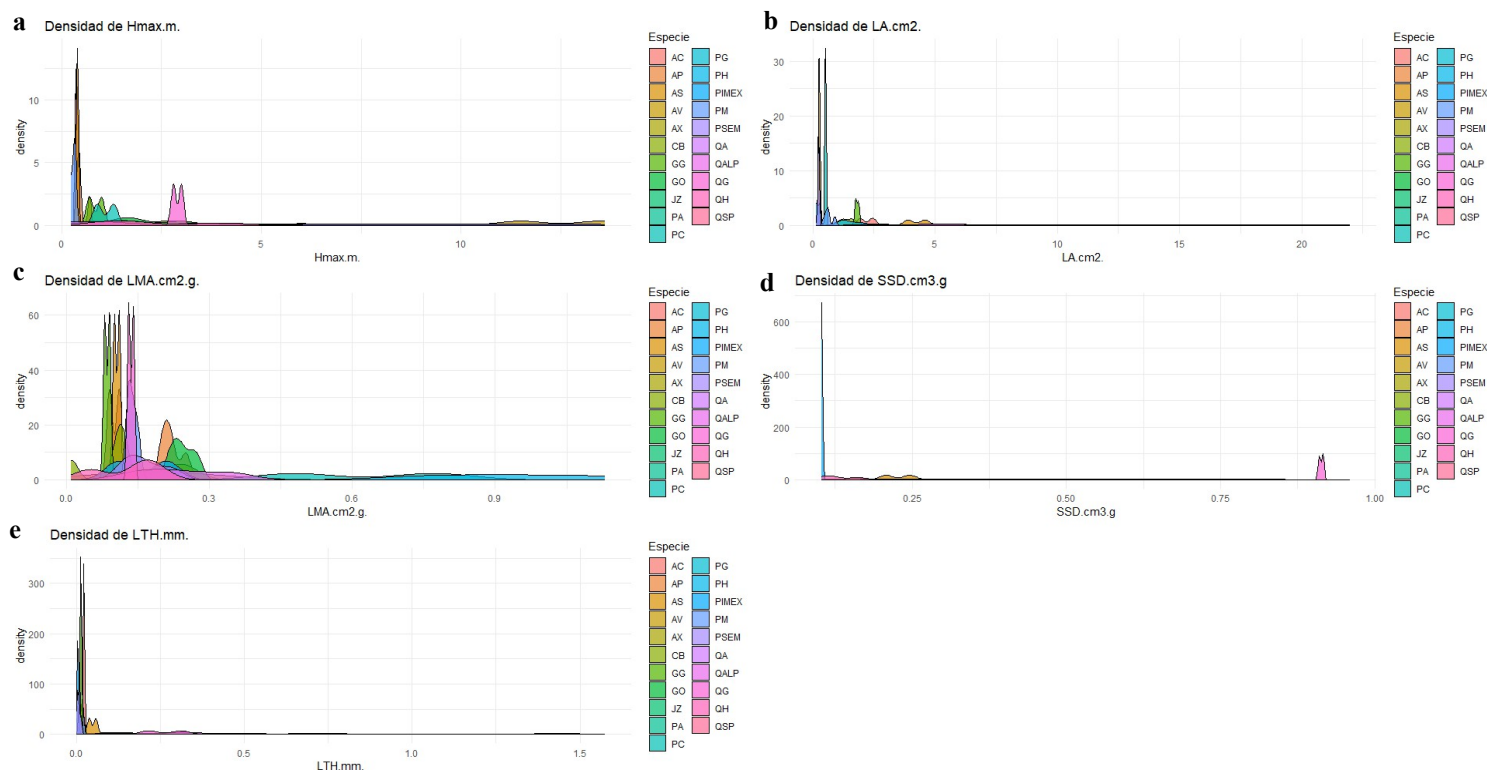
Para el área foliar (LA), muestra un amplia gama de tamaños de hojas en las plantas leñosas con dispersión alta y una variabilidad significativa con respecto a la media (4.141 cm<sup>2</sup>), esto puede deberse a la diversidad de plantas leñosas presentes en los ecosistemas de alta montaña, como la presencia de la familia Pinaceae con hojas aciculares, en

comparación con la familia Garryaceae con hojas ovadas. Esto se refleja en la figura 9-b, donde la distribución esta sesgada a la derecha, lo que sugiere que tienen un promedio mayor, con la excepción de algunas hojas con tamaños más grandes que elevan la media, además de la presencia de valores atípicos.

La masa foliar por área (LMA), presenta una variabilidad moderada significativa con respecto a la media (0.256 cm<sup>2</sup>/g) y una baja dispersión. Su distribución tiene una aproximación simétrica con un leve sesgo a la derecha. Esto nos indica que tiende a ser uniforme, y tiene una adaptación a las condiciones específicas, sin embargo, se presentan valores altos.

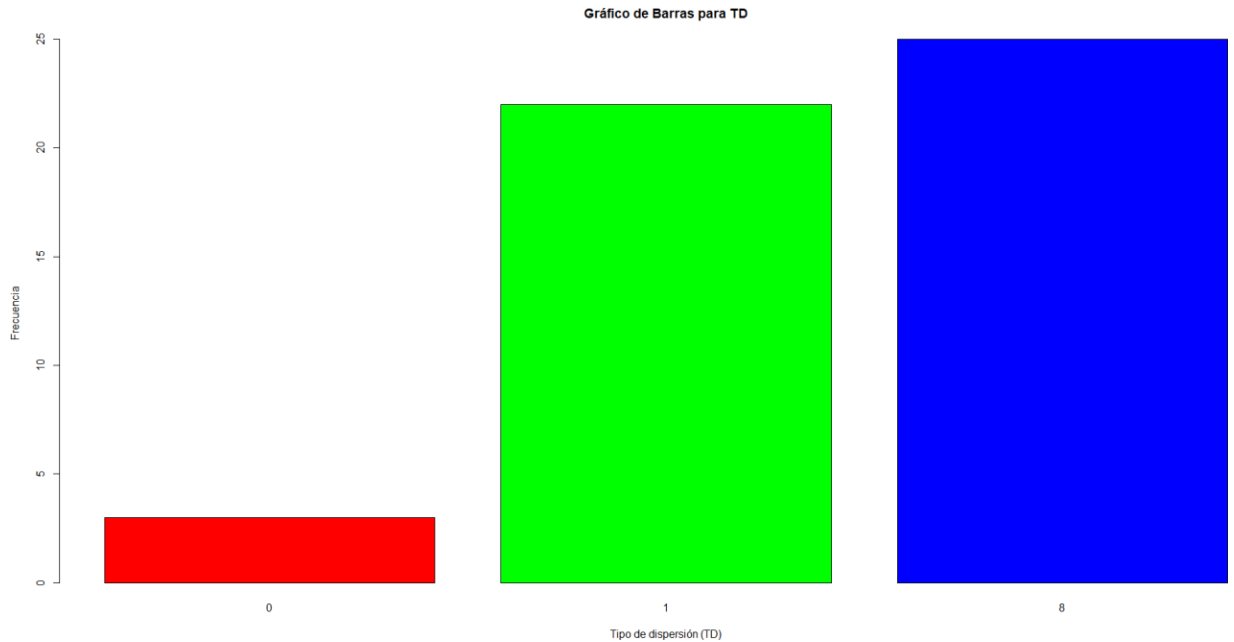
Para la densidad específica del tallo (SSD), muestra una variabilidad y dispersión moderado con una distribución sesgada a la derecha y presentan valores atípicos. En promedio la SSD es alta con excepción de algunas más altas.

El grosor de la hoja (LTH), tiene una variabilidad significativa con respecto a la media (0.251 mm) y dispersión moderada, con una distribución sesgada hacia la derecha. Este rasgo tiende a ser uniforme con la excepción de algunas con LTH más bajas.



**Figura 11. a)** Densidad de Hmax, **b)** Densidad LA, **c)** Densidad LMA, **d)** Densidad SSD, y **e)** Densidad LTH.

Para la variable categórica “Tipo de dispersión” se realizó un análisis de frecuencia (Figura 10). Se evidenció que la estrategia predominante en plantas leñosas de ecosistemas de alta montaña es la dispersión por medio de animales (Zoocoría), seguida por la dispersión por viento (Anemocoría).

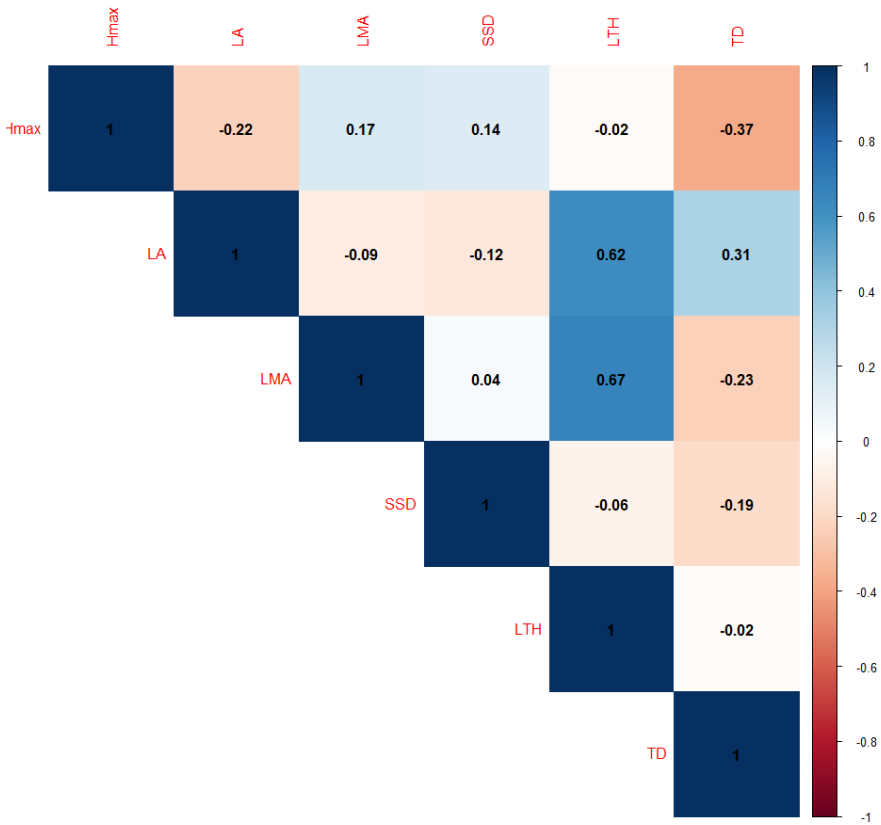


**Figura 12.** Frecuencia del tipo de dispersión: 0) Autocoría (G): dispersión por gravedad 1) Anemocoría (W): dispersión por viento y 8) Zoócora (Z): dispersión por medio de animales.

También se logró identificar a las especies que comparten estrategias de dispersión similares, agrupándose en familias específicas. Por ejemplo, el tipo de dispersión por viento (anemocoría) está representado por las familias Pinaceae y Asteraceae. Asimismo, las familias Fagaceae, Ericaceae, Rhamnaceae, Celastraceae y Cupressaceae muestran adaptaciones similares en este aspecto (zoocoría). La diversidad de estrategias de dispersión entre diferentes familias sugiere una variedad de formas en que estas especies interactúan con la fauna en su entorno.

Cabe destacar que la especie *Garrya ovata* exhibe un tipo de dispersión por gravedad (Autocoría). Este mecanismo implica que las semillas se dispersan en las proximidades de la planta madre sin necesidad de agentes externos, garantizando la germinación en condiciones cercanas y menos expuestas a los desafíos ambientales.

Los resultados de la correlación de Spearman son útiles cuando la relación entre las variables no es lineal y puede describir patrones más generales en los datos. Además, es posible combinar las variables cualitativas con categóricas. En la Figura 11 se observa las correlaciones más marcadas entre las variables. Los valores que se observan en cada cuadro son los valores de  $p$ . El valor de  $p < 0.05$  significa que la correlación es estadísticamente significativa.



**Figura 13.** Matriz de correlación de Spearman de los rasgos funcionales.

**Tabla 11.** Correlaciones significativas con valores de  $p$  ( $<0.05$ ).

	<i>Hmax</i>	<i>LA</i>	<i>LMA</i>	<i>SSD</i>	<i>LTH</i>	<i>TD</i>
<i>Hmax</i>	NA	0.05144163	0.2025889	0.1494992	0.6817095	0.00057963
<i>LA</i>	0.051441626	NA	0.1486563	0.6192259	0.04928608	0.01673641
<i>LMA</i>	0.202588881	0.14865635	NA	0.9788136	1.25497E-11	0.01066839
<i>SSD</i>	0.149499156	0.61922593	0.9788136	NA	0.6526595	0.15428423
<i>LTH</i>	0.681709507	0.04928608	1.25497E-11	0.6526595	NA	0.16178897
<i>TD</i>	0.000579633	0.01673641	0.01066839	0.1542842	0.161789	NA

La relación negativa entre la Altura máxima (*Hmax*) y el tipo de dispersión (*TD*) es significativa ( $p=0.00057$ ) (Ver. Tabla 9), esta relación nos indica que a medida que la altura máxima aumenta, por ejemplo, árboles más altos como son los pinos, la dispersión por animal (*Zoócora*=8) es menos efectiva, sugiriendo una mayor dependencia de la dispersión por viento (*Anemócora*=1). Esta adaptación puede ser una estrategia para colonizar áreas más extensas en el entorno de alta montaña.

El área foliar (*LA*) tiene una relación positiva significativa con el tipo de dispersión (*TD*) ( $p=0.016$ ) (Tabla 9). Esta relación sugiere que plantas con mayor área foliar tienen una dispersión más efectiva por animales.

La masa foliar por área (*LMA*), tiene una relación positiva significativa con el tipo de dispersión (*TD*) ( $p=0.0106$ ) (Tabla 9). Por lo que, una mayor masa foliar por área está asociada con una dispersión más efectiva por animales.

La altura de la planta (*Hmax*) y el área foliar (*LA*) presentan una relación positiva ( $p=0.0514$ ), por lo que, las plantas más altas tienden a presentar una mayor área foliar.

Otra relación positiva significativa es entre el área foliar (*LA*) y el grosor de la hoja (*LTH*) ( $p=0.0492$ ). Lo que señala, que plantas con mayor área folia tienen hojas más gruesas

Por último, observamos una relación positiva significativa de la masa foliar por área (*LMA*) Y el grosor de la hoja (*LTH*) ( $p=1.25497E-11$ ) (Tabla 9). Por lo que, plantas con mayor *LMA* tienen hojas menos delgadas.



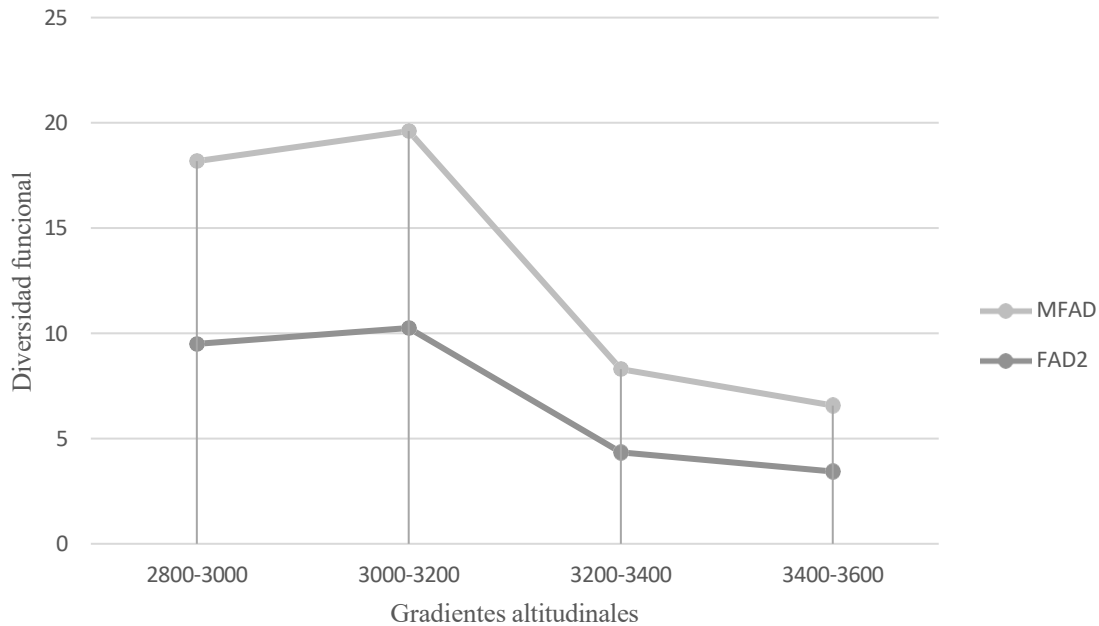
### 7.2.2 Índices de diversidad funcional

Los índices de diversidad funcional obtenidos proporcionan información sobre la distribución de esta diversidad a lo largo del gradiente altitudinales. Para este fin, calculamos dos índices diferentes: diversidad funcional de atributos (FAD2) y diversidad funcional de atributos modificados (MFAD) (Tabla 10), que nos ofrecen una visión detallada de esta distribución.

**Tabla 12.** Índices de diversidad funcional FAD2 Y MFAD a lo largo de los cuatro gradientes altitudinales.

<b>Gradientes</b>	<b>FAD2</b>	<b>MFAD</b>
<b>2800-3000 m</b>	9.501227	8.673394
<b>3000-3200 m</b>	10.25243	9.359144
<b>3200-3400 m</b>	4.339392	3.961305
<b>3400-3600 m</b>	3.43592	3.136556

Los resultados obtenidos en el índice FAD2 muestran una tendencia a disminuir a medida que aumenta en altitud. Sin embargo, se destaca un aumento del gradiente altitudinal de los 2800-3000 msnm a 3000-3200 msnm, seguido nuevamente por una disminución hasta el gradiente altitudinal de los 3200 a los 3600 msnm. Este patrón sugiere que, en altitudes intermedias, las especies tienden a compartir rasgos funcionales similares entre sí.



**Figura 14.** Distribución altitudinal de los índices FAD2 Y MFAD a lo largo del gradiente altitudinal.

Al igual que lo observado en el índice de diversidad funcional de atributos (FAD2), el índice de diversidad de atributos modificados (MFAD) también exhibe una disminución desde el rango altitudinal de los 3200 hasta 3600 msnm (Ver. Figura 12). Esta tendencia indica que, a mayores altitudes, las especies tienden a agruparse en categorías funcionales más homogéneas.

### **7.2.3 Construcción del dendrograma**

La matriz de distancia y la matriz cofenética (Anexo 4 y 5), nos permitieron explorar las relaciones entre las especies y la construcción del dendrograma de manera funcional, donde los valores más altos denotan una mayor divergencia funcional. El índice de diversidad funcional generalizada (GFD) obtenido fue de 2894.103. Este valor nos indica una diversidad funcional relativamente alta, sugiriendo que hay una amplia variedad de estrategias funcionales. GFD superiores a ciertos umbrales pueden indicar una diversidad funcional significativa en un ecosistema. Por ejemplo, Villeger *et al* (2008) encontraron que valores de GFD por encima de 1000 reflejaban una alta diversidad funcional en comunidades acuáticas.

En la construcción de dendrograma el valor de correlación cofenética fue de 0.8262, este valor se considera alto según la literatura, ya que una alta correlación cofenética indica una estructura de similitud bien definida en los datos (Silva y Días, 2013). En su estudio, Silva y Días proponen un coeficiente de correlación cofenética para el método de Tocher, que puede ser utilizado para evaluar la coherencia de la agrupación de datos en análisis de agrupamiento. Esto respalda la idea de que el dendrograma generado en mi estudio captura de manera efectiva las relaciones de similitud entre las especies en función de sus rasgos funcionales, ya que el alto valor de correlación cofenética sugiere una fuerte correspondencia entre la distancia original utilizada para construir el dendrograma y la distancia entre las especies representadas en él.

La figura 13 revela que algunas especies se agrupan más estrechamente que otras, lo que sugiere una mayor similitud funcional entre ellas. Por ejemplo, *Ageratina campyloclada* y *Gymnosperma glutinosum* se encuentran en una rama cercana, indicando una posible convergencia en sus roles ecológicos. En contraste, *Arbutus xalapensis* se sitúa en una rama distinta, denotando diferencias significativas en sus rasgos funcionales.

Al analizar el dendrograma (Figura 13), identificamos tres ramas principales delineadas por diferentes colores. En el marco de color rojo se encuentran especies como *Quercus greggii*, *Quercus hintoniorum* y *Arbutus xalapensis*. A pesar de que esta última no pertenece al género *Quercus*, su agrupación aquí sugiere similitudes en su nicho ecológico o en los factores ambientales que influyen en su distribución.

En el marco de color azul, se agrupan la mayoría de las especies de coníferas, debido a su proximidad filogenética y la similitud en sus nichos ecológicos, aunque *Pinus culminicola* se encuentra en el marco amarillo junto con el resto de las especies.

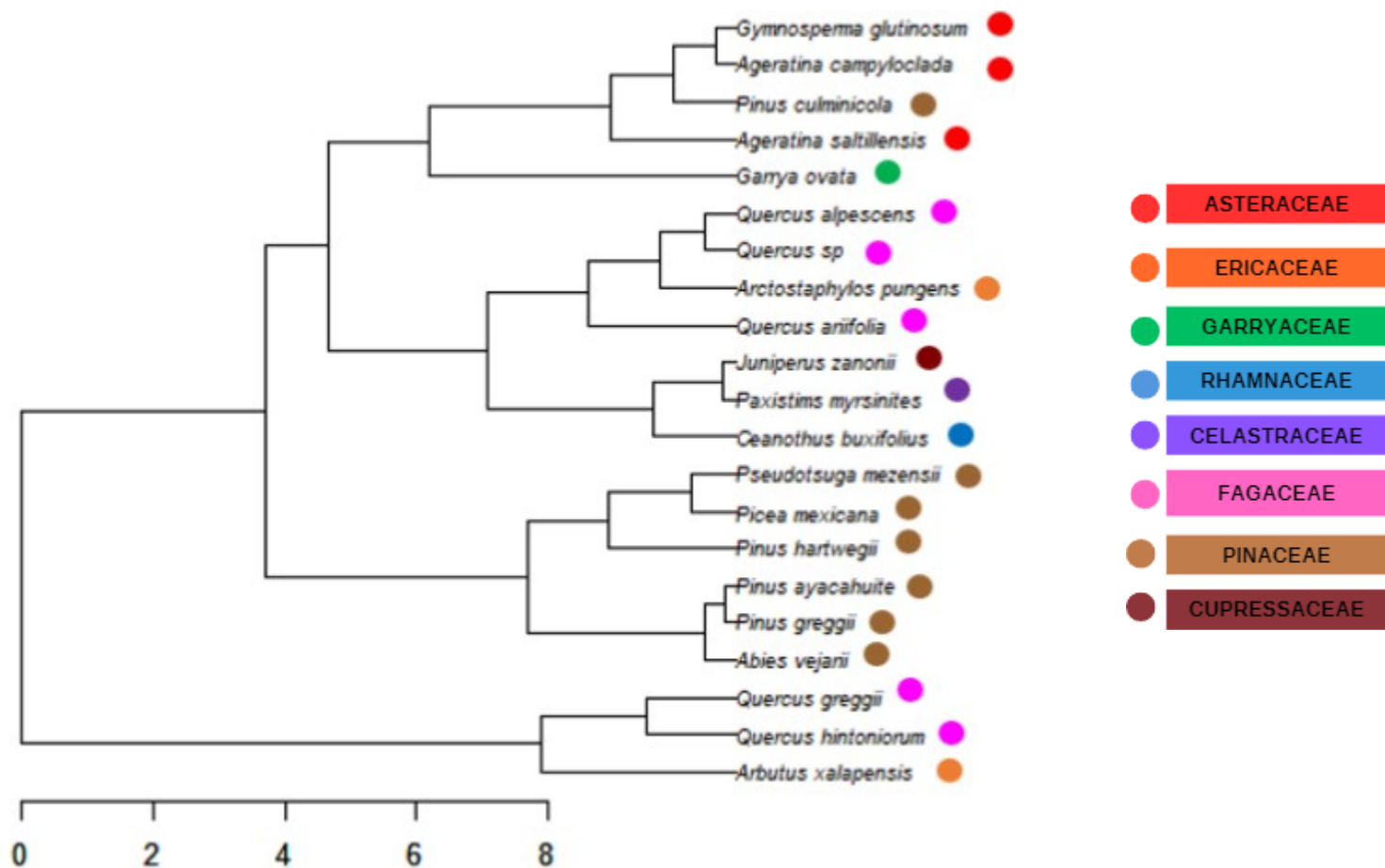


Figura 15. Dendrograma de las especies de plantas leñosas en función de sus rasgos funcionales.

#### 7.2.4 Análisis de Componentes Principales (PCA)

En la tabla 11 están representados los valores de Eigenvalues y la varianza explicada por cada una de las dimensiones (componentes principales), que se obtuvieron del análisis de componentes principales (PCA).

**Tabla 13.** Valores de Eigenvalues y la varianza de cada una de las dimensiones o componentes principales.

Dimensiones	Eigenvalues	Porcentaje varianza	Porcentaje acumulada varianza
<b>Dim.1</b>	1.8413408	36.826816 %	36.82682%
<b>Dim.2</b>	1.4522576	29.045151%	65.87197%
<b>Dim.3</b>	1.0320595	20.64119%	86.51316%
<b>Dim.4</b>	0.5729643	11.459286%	97.97244%
<b>Dim.5</b>	0.1013778	2.027557%	100%

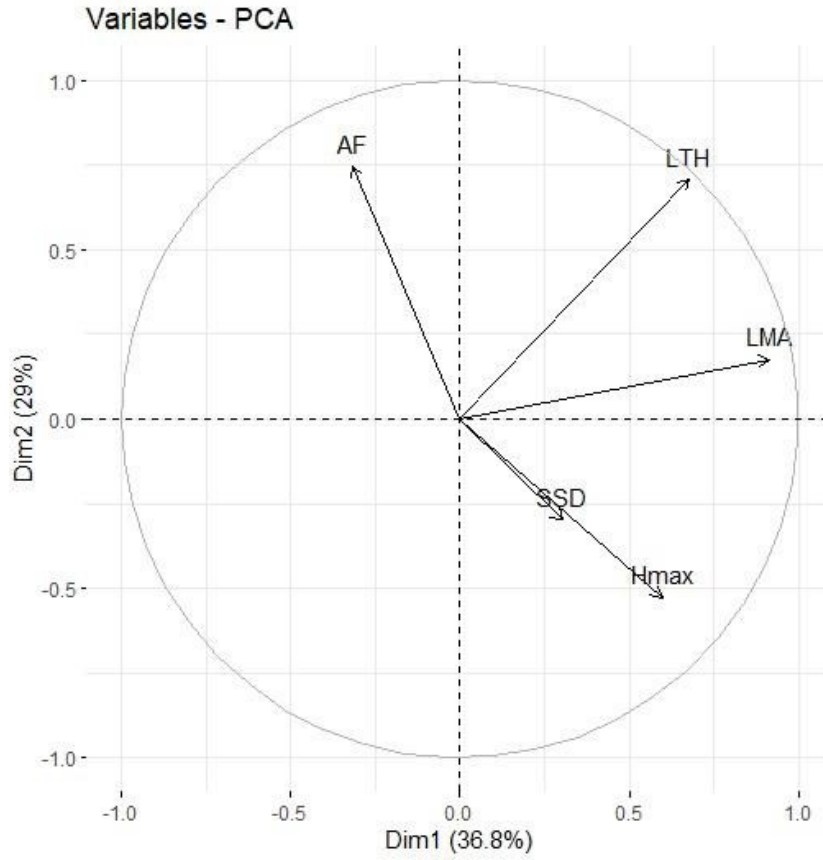
El análisis de componentes principales reveló cinco dimensiones principales que explican la variación funcional dentro de la comunidad vegetal (Anexo 2). La dimensión 1, con el valor mayor Eigenvalues y una varianza explicada del 36.83%, captura el eje principal de variación funcional entre las especies. La dimensión 2 explica el 29.05% de la varianza, que sugiere otro eje significativo de diferenciación funcional. La dimensión 3, con una varianza explicada del 20.64%, representa una dimensión adicional de variación funcional. La dimensión 4 y 5 explican el 11.46% y el 2.03% de la varianza, respectivamente, revelando aspectos más específicos de la funcionalidad de las especies y variaciones residuales en los datos.

Además, el análisis de componentes principales nos muestra la relación entre las variables originales y las dimensiones principales del espacio funcional de la comunidad vegetal. En el Anexo 3, 4, 5 y 6 se proporciona información detallada sobre las coordenadas de las variables en cada dimensión, las correlaciones entre las variables y las dimensiones, la calidad de representación de las variables en las dimensiones ( $\cos^2$ ) y las contribuciones de las variables en cada dimensión. Por ejemplo, las coordenadas de las variables (Anexo

3) muestran cómo cada variable contribuye a la variación capturada por las dimensiones del PCA. Los valores de cosenos al cuadrado (Anexo 5) indican la proporción de la varianza de cada variable explicada por las dimensiones del PCA, mientras que las contribuciones de las variables (Anexo 6) reflejan su importancia en la formación de las dimensiones del PCA.

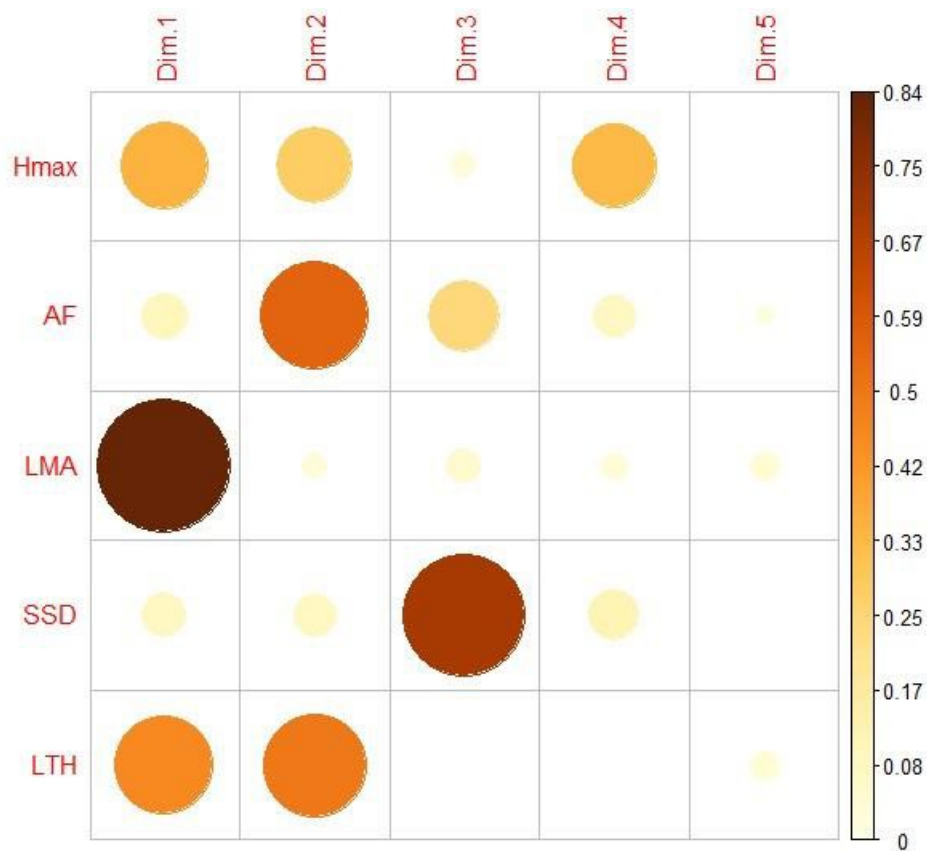
Por lo tanto, La dimensión 1 y 2 son las que explican la mayor proporción de la varianza en el conjunto de datos, siendo las dimensiones más útiles para realizar el análisis, ya que capturan la mayor cantidad de información sobre la variabilidad entre las variables originales y proporcionan una representación más completa del espacio funcional de mis datos.

En la figura 14 observamos la disposición relativa de cada variable en el espacio funcional definido por las dimensiones 1 y 2 del PCA. Las variables que se encuentran más cercanas en este espacio funcional tienen perfiles funcionales más similares. Por ejemplo, la altura máxima (Hmax) y la densidad específica del tallo (SSD) muestran una relación cercana, al igual que el grosor de la hoja (LTH) y la masa foliar del área (LMA). Esta cercanía sugiere una asociación entre variables en términos de su contribución a la estructura del conjunto de datos.



**Figura 16.** Coordenadas de las variables definidas por las dimensiones 1 y 2 en el análisis de componentes principales.

En relación con la figura 15, se muestra la relación lineal entre las variables y las dimensiones del análisis de componentes principales (PCA). Las correlaciones más altas reflejan una contribución significativa de las variables a las dimensiones correspondientes. Por ejemplo, se destaca una correlación notable entre la masa foliar por área (LMA) y la dimensión 1. Estas correlaciones también resaltan que las dimensiones 1 y 2 son las principales contribuyentes en el PCA.

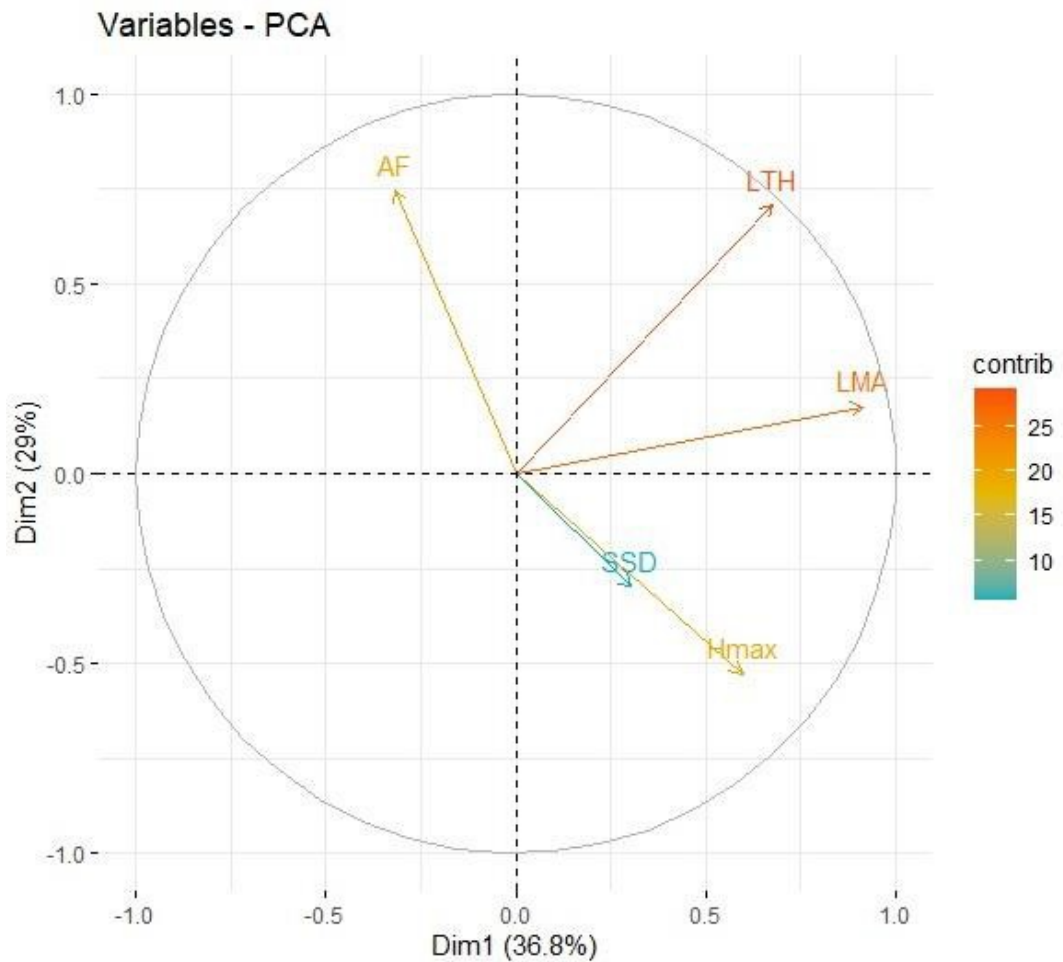


**Figura 17.** Correlaciones entre variables y dimensiones del PCA.

De acuerdo con el Anexo 7, donde se exhibe los cuadrados cosenos de las variables, indicando la calidad de representación de cada variable en las dimensiones del PCA. Estos valores expresan la proporción de la varianza de cada variables que se explica mediante las dimensiones del PCA. Los valores más altos de  $\cos^2$  (cuadrados cosenos) señalan una buena representación de la variable en las dimensiones del PCA. Por lo que, el grosor de la hoja (LTH) es de las variables que mejor están representadas por la dimensión 1 y 2. Posteriormente la variable masa foliar por área (LMA), seguida de el área foliar (AF) y la altura máxima (Hmax) y por último con valores muy bajos la densidad específica del tallo (SSD).



La figura 16 presenta las contribuciones de cada variable en el espacio funcional definido por las dimensiones 1 y 2 del PCA. Las contribuciones más altas denotan el impacto significativo que una variable tiene en definición de la variación capturada por una dimensión específica del PCA. Una vez más, se observa que el grosor de la hoja (LTH) es la variable con mayor contribución, seguida de la variable masa foliar por área (LMA), las cuales subrayan su importancia en las dimensiones 1 y 2 del PCA.



**Figura 18.** Contribuciones de las variables de las dimensiones 1 y 2 del PCA.

Además de examinar a las variables individualmente en el Análisis de Componentes Principales (PCA), también es crucial analizar las especies en el espacio funcional, separándolas de las variables. Para este propósito, es esencial comprender sus

coordenadas, los cuadrados cosenos y las contribuciones. En el Anexo 8, 9 y 10 se incluyen las tablas que contiene los valores correspondientes a cada una de estas métricas, así como a las 5 dimensiones analizadas en el PCA.

En la figura 17, observamos las coordenadas de las especies en el espacio funcional. Destacando que especies como *Pinus culminicola* y *Pinus hartwegii* muestran coordenadas notablemente altas en la dimensión 1, lo que sugiere su asociación con valores elevados de las variables LTH (grosor de la hoja), LMA (masa foliar por área) y Hmax (altura máxima). Esto indica que estas variables están bien representadas en la dimensión 1 del PCA.

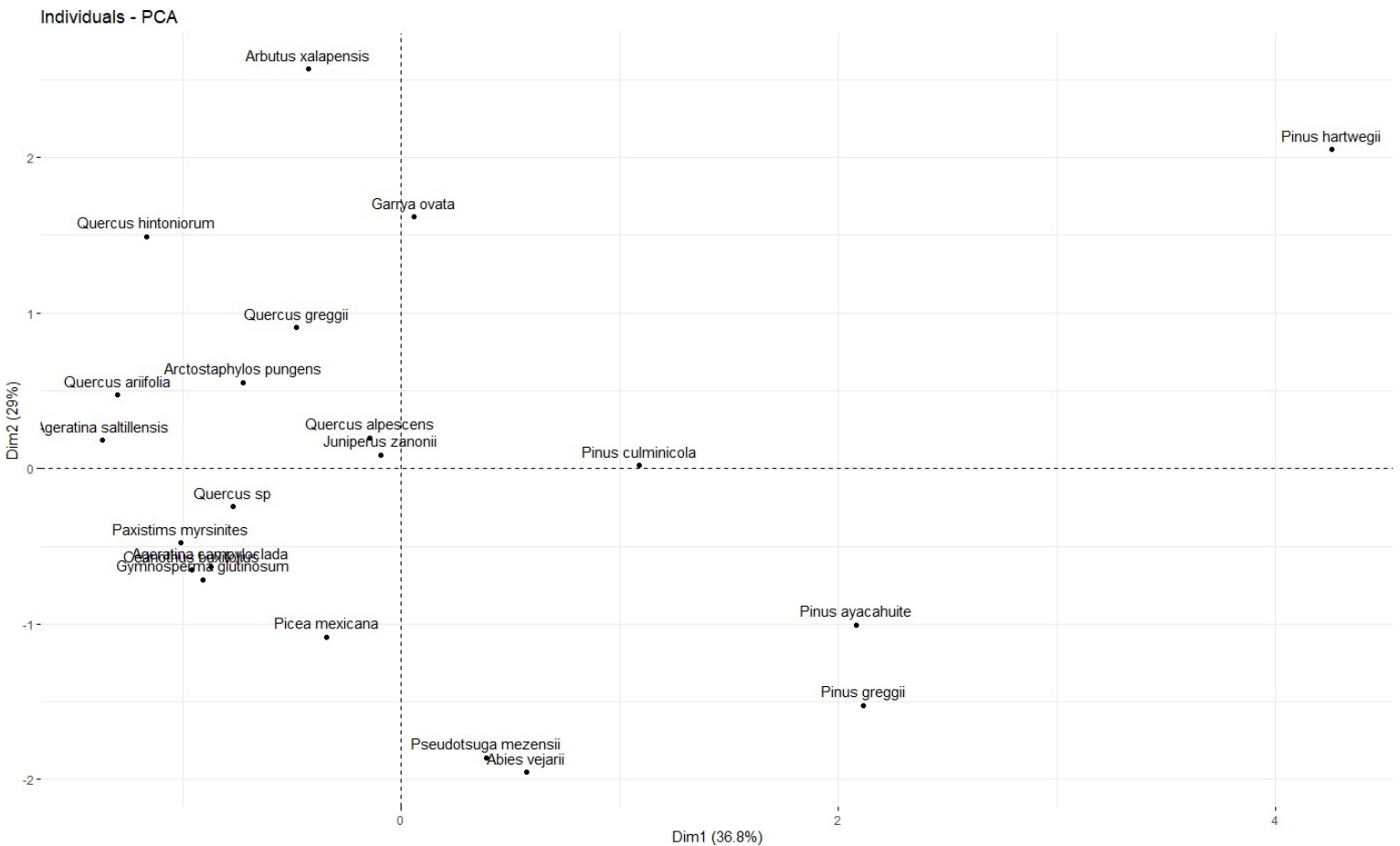
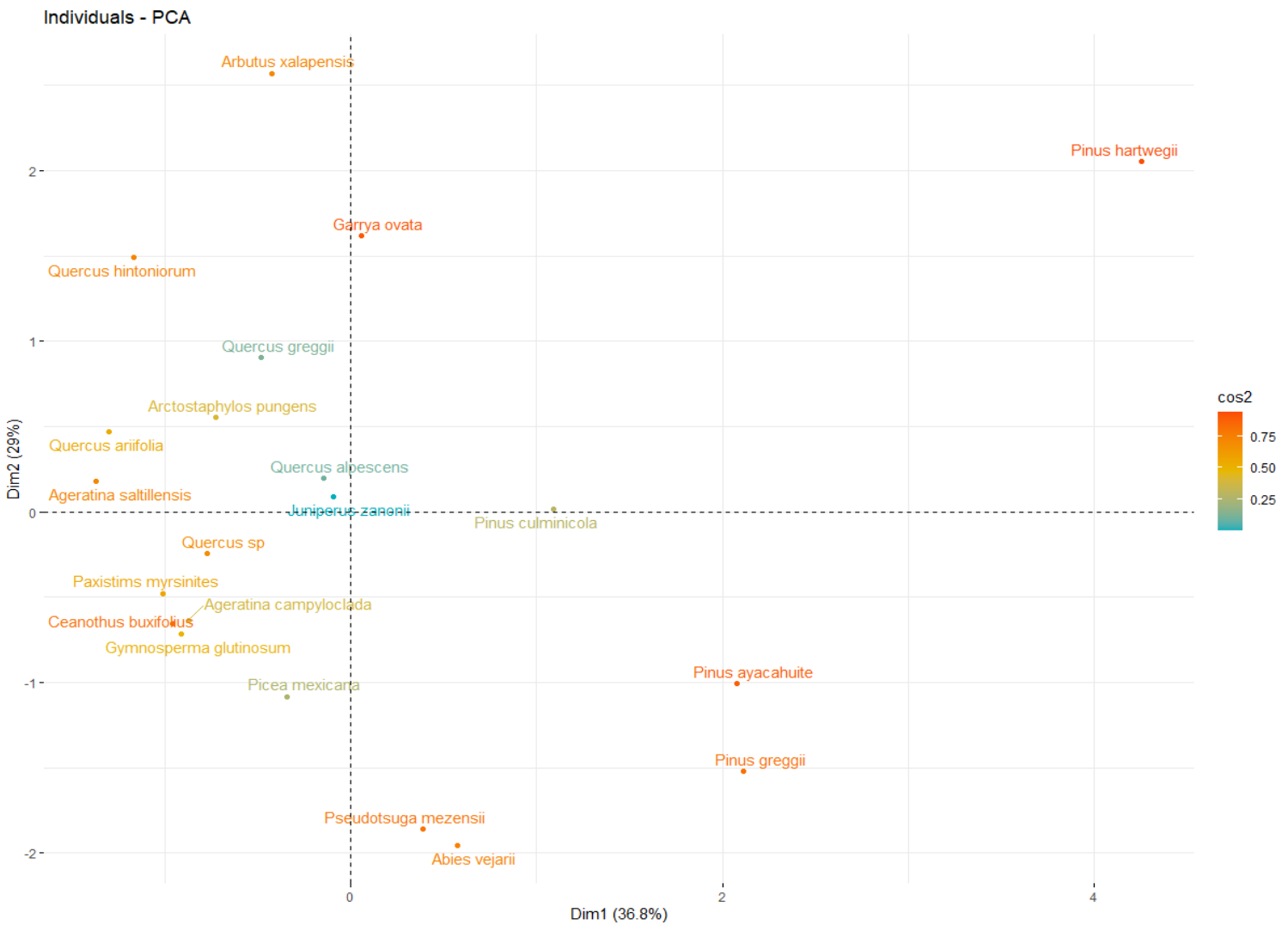


Figura 19. Coordenadas de las especies en el espacio funcional del PCA.

La figura 18 representa las especies en el espacio funcional, utilizando una gama de colores que van desde el amarillo hasta el rojo para denotar valores altos, y tonos azules para indicar valores más bajos. Estos colores reflejan los cuadrados cosenos, los cuales señalan la calidad de la representación de cada especie en las dimensiones 1 y 2 del PCA. Por ejemplo, *Pinus hartwegii* exhibe un alto valor de  $\cos^2$  en la dimensión 1, lo que sugiere una representación sólida en esta dimensión, mientras que *Juniperus zanonii* muestra un  $\cos^2$  más bajo.



**Figura 20.** Cuadrados cosenos de las especies en el espacio funcional del PCA.

La contribución de las especies destaca la influencia en la definición de la variación capturada en las dimensiones 1 y 2 (Anexo 11). Por ejemplo, especies como *Pinus hartwegii* exhiben una contribución significativa en ambas dimensiones, lo que sugiere su relevancia en la estructura de este espacio funcional. Además, al examinar las especies cercanas en este espacio, notamos que *Arbutus xalapensis* y *Pinus greggii* tiene coordenadas relativamente altas en las dimensiones 1 y 2, lo que indica una proximidad funcional entre ellas en términos de las variables representadas por estas dimensiones.

En el análisis de componentes principales (PCA), se exploraron las relaciones entre las variables y las especies en un espacio funcional, particularmente en las dimensiones 1 y 2. Estas dimensiones fueron seleccionadas debido a su mayor varianza y mejor adecuación a los datos.

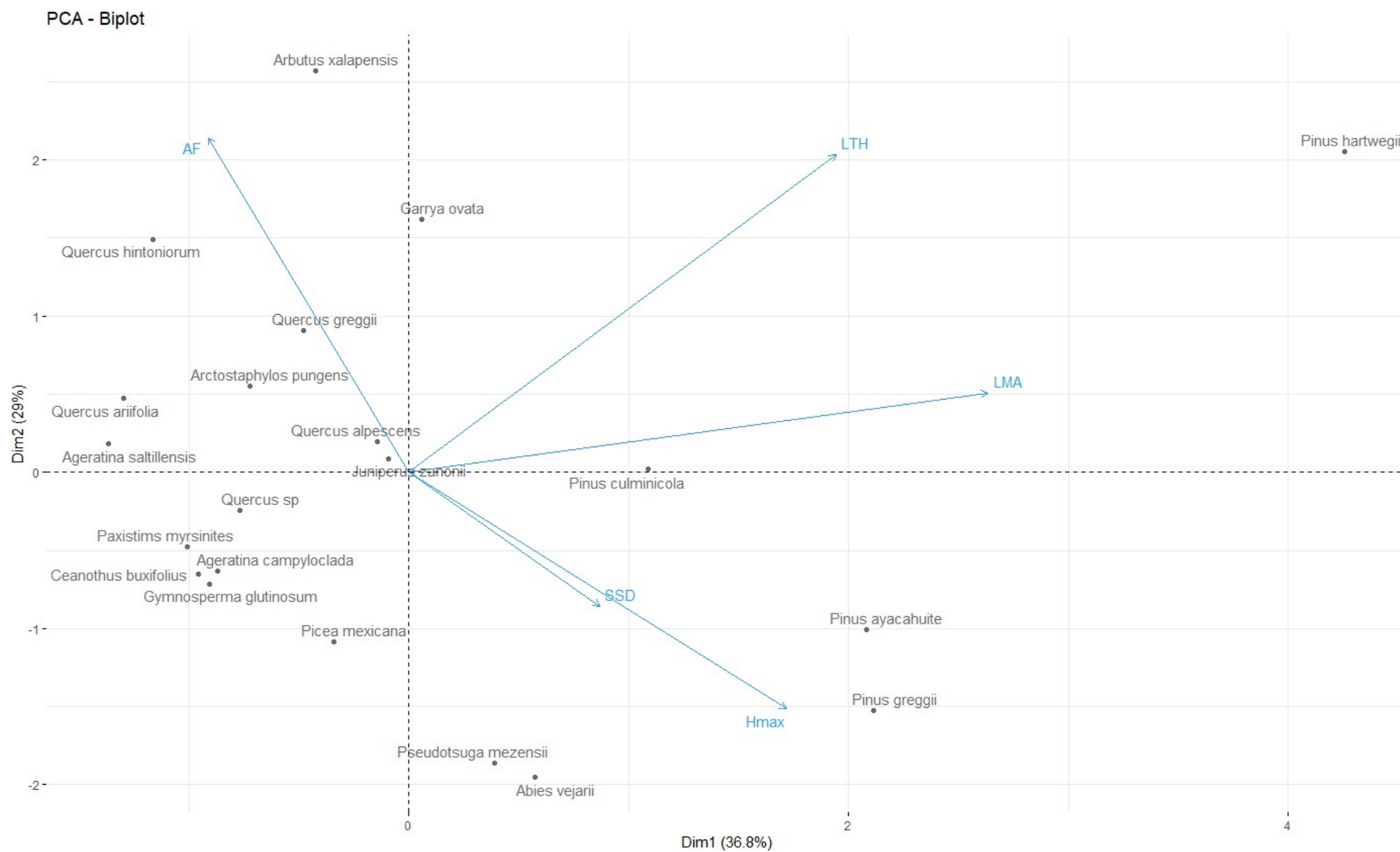
Como se ilustra en la figura 19, las especies *Pinus hartwegii*, y *Arbutus xalapensis* muestran una fuerte asociación con todas las variables considerables, LMA (masa foliar del área), LTH (grosor de la hoja), Hmax (altura máxima), AF (área foliar) y SSD (densidad específica del tallo) en ambas dimensiones. Esta relación sugiere que estas especies exhiben mayores asociaciones con las variables mencionadas en comparación con otras especies en el conjunto de datos. Aunque Hmax, AF y SSD pueden no ser significativamente altas, pero si superiores en comparación con otras especies en el conjunto de datos.

En contrastes, especies como *Ageratina saltillensis*, *Ceanothus buxifolius*, *Gymnosperma glutinosum* y *Quercus ariifolia* muestran asociaciones bajas en ambas dimensiones, indicando que tiene valores más bajos en LMA, LTH, Hmax, AF y SSD. Y, por ende, menor grosor de la hoja, menor altura máxima, menor área foliar y menor densidad específica del tallo.

Las especies altamente asociadas en la dimensión 1 del PCA, incluyen a *Paxistima myrsinites*, *Quercus hintoniorum*, *Quercus greggii*, *Pinus culminicola*, *Pinus greggii*, *Pinus ayacahuite* y *Pseudotsuga mezensii*. Estas especies están más relacionadas con las variables LMA, LTH y Hmax. Por otro lado, especies como *Garrya ovata*, *Arctostaphylos pungens*, *Quercus sp.*, *Quercus alpescens* y *Juniperus zanonii* muestran bajas asociaciones

en la dimensión 1, sugiriendo valores más bajos en LTH, LMA y Hmax. Esto implica posibles diferencias morfológicas y fisiológicas entre estas especies.

En cuanto a la dimensión 2, las especies mejor representadas son *Garrya ovata*, *Arctostaphylos pungens* y *Abies vejarii*, que muestran una relación más fuerte con las variables Hmax, AF y SSD. Sugiere que estas especies tienen valores más altos en Hmax, AF y SSD en comparación con el resto de las especies en esta dimensión. Por el contrario, otras especies como *Ageratina saltillensis*, *Ageratina campyloclada*, *Ceanothus buxifolius*, *Gymnosperma glutinosum*, *Paxistima myrsinites*, *Quercus ariifolia*, *Quercus sp*, *Pinus culminicola*, *Pinus greggii*, *Pinus ayacahuite*, *Picea mexicana*, *Pseudotsuga mezensii* y *Juniperus zanonii* tienen una asociación débil con las variables representadas en esta dimensión, lo que sugiere que tienen hojas menos gruesas (menor LTH) y tallos menos densos en comparación con otras especies.



**Figura 21.** Análisis de componentes principales (PCA) de las variables y especies en el mismo espacio funcional en las dimensiones 1 y 2.

## 7.3 Relación de la diversidad funcional y la distinción evolutiva

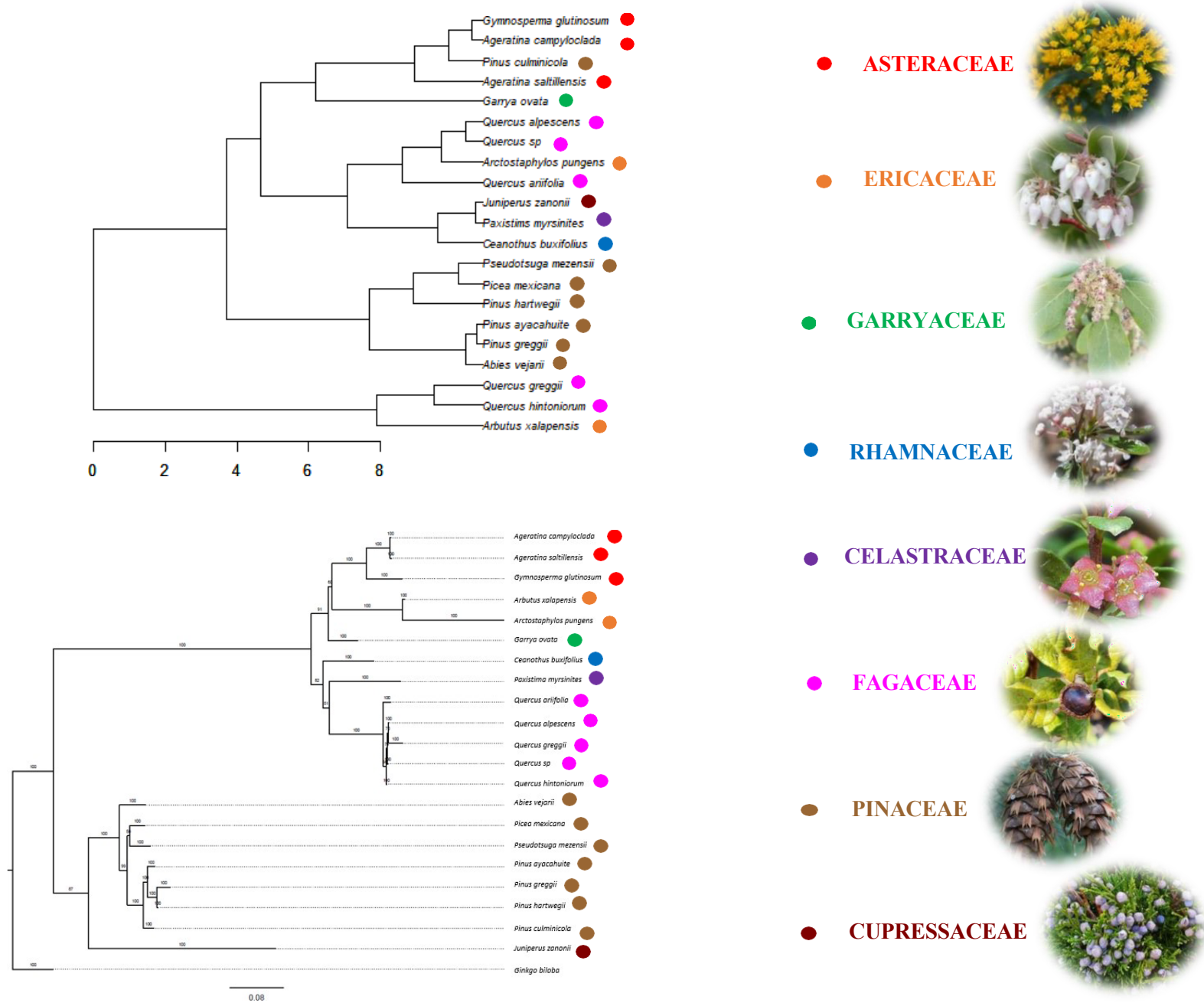
### 7.3.1 Dendrograma y árbol filogenético

Al comparar el dendrograma funcional con el árbol filogenético (Figura 22), se observa que especies como *Quercus greggii* y *Quercus hintoniorum*, pertenecen a la familia Fagaceae, muestran agrupaciones tanto funcionales como filogenéticas. Su proximidad en el dendrograma sugiere similitudes en sus rasgos relacionados con la estructura foliar y la fisiología de las hojas, lo cual coincide con su relación filogenética cercana esperada en la reconstrucción filogenética.

En constarse, *Juniperus zanonii* y *Paxistima myrsinites*, de las familias Cupressaceae y Celastraceae respectivamente, podrían no estar estrechamente relacionadas filogenéticamente. Sin embargo, en el dendrograma funcional se agrupan juntas debido a similitudes en características morfológicas y ecológicas, como la forma de las hojas y la tolerancia a la sombra.

Por otro lado, especies como *Pinus ayacahuite* y *Pinus greggii* pertenecientes a la familia Pinaceae, se agrupan tanto en la reconstrucción filogenética como en el dendrograma funcional. Este resultado respalda su estrecha relación filogenética y funcional, evidenciada por similitudes en rasgos relacionados con la morfología de las hojas aciculadas y la adaptación al clima de alta montaña.

Sin embargo, algunas especies como *Arbutus xalapensis*, *Arctostaphylos pungens* y *Pinus culminicola*, se agrupan en el dendrograma con familias diferentes, lo que sugiere similitudes en sus rasgos funcionales con familias como Fagaceae y Asteraceae respectivamente. Esto podría indicar adaptaciones convergentes o cierta plasticidad funcional en respuesta a factores ambientales compartidos. El análisis funcional y filogenético revela tanto patrones de relación evolutiva como similitudes funcionales entre la especies estudiadas.

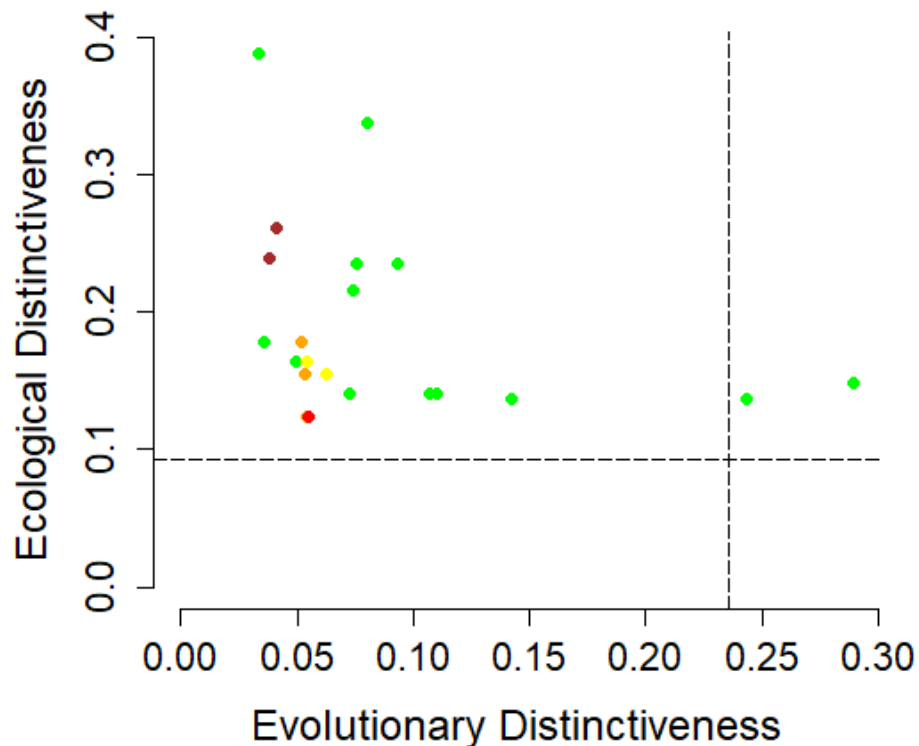


**Figura 22.** Dendrograma de las especies de plantas leñosas en función de sus rasgos funcionales y reconstrucción filogenética de las especies leñosas.



### 7.3.2 Relación distinción evolutiva y ecológica

La relación de la distinción evolutiva y ecológica se muestra en la figura 23, donde observamos una distribución dispersa de las especies, sin una relación clara entre sus valores de ED y EcoD. Esto confirma que estas dos dimensiones de la biodiversidad son complementarias. Las especies se distribuyen en los cuatro cuadrantes, lo que indica que algunas son distantes tanto evolutiva como ecológicamente (Cuadrante superior derecho), mientras que otras son distintivas solo en uno de estos aspectos (cuadrante superior izquierdo). Se esperaría que nuestra comunidad de plantas leñosas se distribuyera en el cuadrante superior izquierdo, es decir, especies ecológicamente como evolutivamente distantes. Sin embargo, los resultados obtenidos nos muestran que la comunidad vegetal estudiada es ecológicamente distante pero evolutivamente cercana.



**Figura 23.** Relación entre la distintividad evolutiva (ED) y ecológica (EcoD) de las especies. Los colores representan las diferentes categorías de estados de amenaza de la Unión Internacional para la conservación de la Naturaleza (UICN): preocupación menor (LC) = verde, NT = amarillo, VU = naranja, en peligro (EN) = marrón y en peligro crítico (CR) = rojo. Las líneas discontinuas indican los cuartiles superiores.

### **7.3.3 Análisis del índice de EcoEDGE**

La correlación entre las medidas de EcoEDGE y las métricas de Functree y Distracts es alta, con un valor de 0.8899791. Lo que nos indica una consistencia entre la singularidad evolutiva y ecológica de las especies y su nivel de amenaza. Este alto nivel de correlación indica que las especies que son únicas desde un perspectiva evolutiva y ecológica tienden estar en mayor riesgo de extinción.

Al observar los resultados (Anexo 12) de los índices de EcoEDGE para cada especie, encontramos que algunas especies como *Abies vejarii* y *Quercus ariifolia*, clasificadas como casi amenazadas (NT), tienen valores altos de EcoEDGE.

Por otro lado, especies como *Picea mexicana* y *Pinus culminicola*, clasificadas como en peligro (EN), así como *Quercus alpeescens*, clasificada como en peligro crítico (CR), muestran valores muy altos de EcoEDGE (Figura 24).

Ahora, las especies con valores más altos en los índices EcoD, EcoDGE y EcoEDGE (Figura 25), como *Pinus culminicola* y *Picea mexicana*, tiene una mayor diversidad funcional y una contribución significativa a la diversidad ecológica y evolutiva del ecosistema. En cuanto a la distinción evolutiva (ED), especies como *Arctostaphylos pungens* y *Juniperus zanonii* muestran valores más altos.

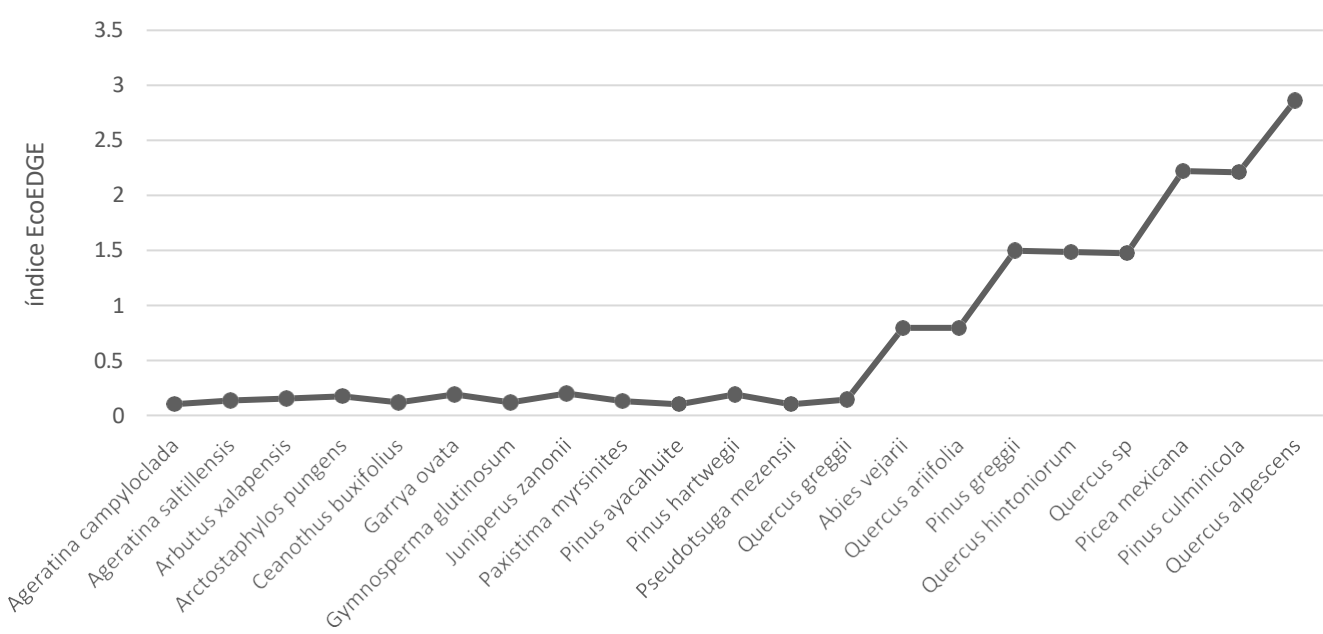


Figura 24. Representación grafica del índice EcoEDGE de las especies.

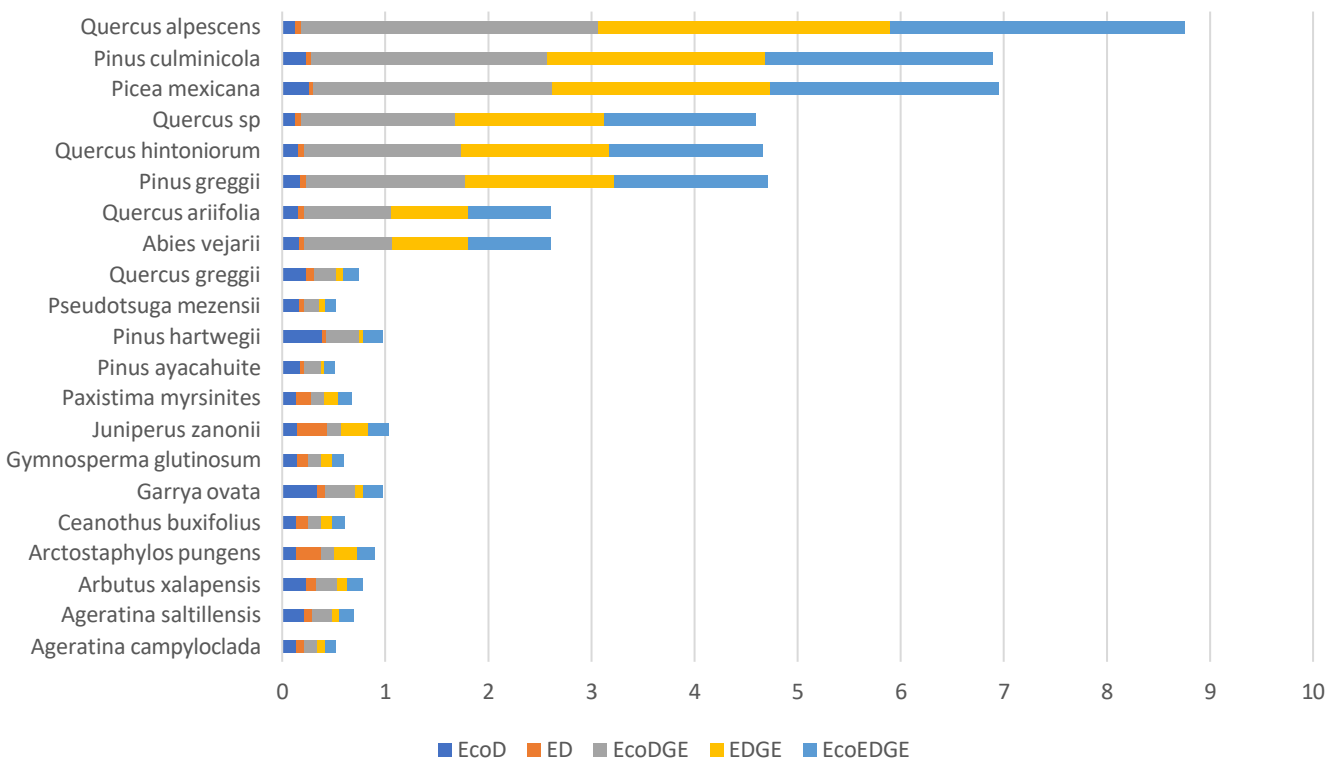


Figura 25. Representación gráfica del los Índices de EcoDGE (EcoD, ED, EcoDGE y EcoEDGE)

## 8. DISCUSIONES

### 8.1 Distinción evolutiva

Los resultados indican que la diversidad filogenética muestra una relación significativa con la altitud, lo que sugiere que factores ambientales y evolutivos desempeñan un papel importante en la composición de especies a diferentes altitudes. Esta relación se refleja en la fluctuación de la diversidad filogenética a lo largo del gradiente altitudinal, mostrando una mayor diversidad en altitudes elevadas. Esto resalta que la comunidad de plantas leñosas en la Sierra La Marta es excepcional, ya que, a diferencia de lo que sugieren varios estudios, presenta especies de distintos clados y trayectorias evolutivas. A pesar de las condiciones extremas en altitudes elevadas, la comunidad exhibe una notable amplitud de nichos, lo que sugiere una historia evolutiva más rica y compleja en estas alturas. Este patrón contrasta con investigaciones previas que han encontrado sobre dispersión filogenética en altitudes bajas y agrupamiento filogenético en altitudes más altas. Por ejemplo, Gómez-Hernández *et al* (2016) encontraron que la sobre dispersión filogenética en altitudes bajas indica una amplia variación evolutiva y menor competencia entre especies, favoreciendo una coexistencia más diversa. Por otro lado, Qian *et al* (2014) demostraron que en altitudes más altas hay agrupamiento filogenético, sugiriendo que las condiciones ambientales extremas seleccionan especies filogenéticamente similares debido a adaptaciones convergentes. Zhang *et al* (2016) corroboran que la diversidad filogenética alcanza su punto máximo en altitudes elevadas, indicando que estas áreas pueden actuar como refugios evolutivos con una historia evolutiva más compleja.

En cuanto a la distinción evolutiva de las especies, se encontró que *Juniperus zanonii* y *Arctostaphylos pungens* exhiben valores elevados de ED, sugiriendo que estas especies poseen linajes evolutivos únicos dentro de la comunidad vegetal estudiada. Esto indica que estas especies no están estrechamente relacionadas filogenéticamente con muchas otras especies presentes en el estudio, lo que podría implicar una historia evolutiva más aislada o diferenciada. Especies con linajes evolutivos únicos pueden ser más susceptibles a presiones ambientales, lo que podría afectar su diversidad genética y su capacidad de adaptación. Díaz *et al* (2013) señalaron que las especies con alta distinción evolutiva pueden tener linajes únicos que requieren estrategias de conservación específicas para preservar su diversidad genética. Hernández- Rueda *et al* (2019) destacaron que esta característica filogenética puede hacer que estas especies sean más vulnerables a cambios ambientales y a la pérdida de hábitats, subrayando la importancia de medidas de conservación que tomen en cuenta la importancia de la capacidad de adaptación de las especies. adaptativas.

La reconstrucción filogenética presenta divergencias notables entre especies, destacando la separación entre angiospermas y gimnospermas, así como clados por familias. La presencia de especies aisladas, como *Ceanothus buxifolius*, *Garrya ovata*, *Paxistima myrsinites* y *Juniperus zanonii*, se atribuye a que pertenecen a diferentes familias y la falta de linajes recientes compartidos. Sin embargo, se señala que este aislamiento también podría deberse a limitaciones en el enfoque del estudio, como la recolección limitada de especies y el estrato seleccionado (cita).

## 8.2 Diversidad funcional

Los rasgos funcionales son fundamentales para el análisis de la diversidad funcional. Los análisis revelaron resultados significativos en el estudio de la comunidad de plantas leñosas que explica una variabilidad notable en rasgos claves como la altura máxima (Hmax), el área foliar (LA) y el grosor de la hoja (LTH) (Steinbauer *et al.*, 2022). Estas características reflejan estrategias específicas adoptadas por las plantas leñosas para sobrevivir y prosperar en los ecosistemas de alta montaña (Clavel *et al.*, 2011; Thakur *et al.*, 2019; Seastedt y Oldfather, 2021).

Las correlaciones entre los rasgos funcionales de las plantas leñosas en los entornos de alta montaña revelaron asociaciones significativas. Por ejemplo, la relación negativa entre la altura máxima (Hmax) y el tipo de dispersión (TD) ( $p=0.00057$ ) indica que las especies más altas, como *Pinus hartwegii*, *Picea mexicana*, entre otras, dependen más del viento para dispersar sus semillas. Esta dependencia del viento se alinea con lo que se ha discutido en estudios previos, como los de Nock *et al* (2016) y Körner (2021), sobre la importancia de la dispersión por viento en entornos alpinos.

Por otro lado, encontremos una relación positiva entre el área foliar (LA) y el tipo de dispersión (TD) ( $p=0.016$ ) sugiere una dispersión más efectiva por animales en plantas con mayor área foliar como es el caso del género *Quercus*. Esto podría deberse a la producción de semillas más grandes o adaptaciones específicas para atraer a dispersores animales. Este hallazgo respalda la idea de que la dispersión por animal es una estrategia crucial en ecosistemas de alta montaña, donde las interacciones con la fauna local, como mamíferos y aves, son fundamentales para la dispersión eficiente de las semillas, como señalan estudios anteriores (Walther, 2005; Roscher *et al.*, 2012).

Otras correlaciones interesantes de mencionar es la altura de la planta (Hmax) y el área foliar (LA), presentan una relación positiva ( $p = 0.0514$ ). Las plantas más altas tienden a presentar mayor área foliar, lo que sugiere una estrategia adaptativa para captar más luz solar en entornos de alta montaña, donde la competencia por luz puede ser un factor limitante. Sin embargo, en la comunidad vegetal

estudiada, los árboles más altos son pinos, cuyas hojas son aciculares y, por lo tanto, no se espera que tengan un área foliar significativamente grande. Aunque las acículas son angostas, su abundancia puede explicar la relación positiva observada entre la altura de la planta y el área foliar. Esta adaptación morfológica podría permitir a los pinos maximizar la captura de luz solar en un entorno alpino, donde la radiación solar a diferentes altitudes puede ser un recurso limitado (Körner, 2021).

La relación positiva entre el área foliar (LA) y el grosor de la hoja (LTH) ( $p=0.0492$ ), muestra que las plantas con mayor área foliar tienen hojas más gruesas. Esta asociación podría estar relacionada con la necesidad de soportar condiciones ambientales adversas en la alta montaña, como la radiación solar intensa o la variabilidad climática. Por otro lado, La relación positiva significativa entre la masa foliar por área (LMA) y el grosor de la hoja (LTH) ( $p=1.25497E-11$ ). Sugiere que las plantas con mayor LMA tienen hojas más gruesas. Esta asociación podría reflejar una estrategia de inversión de recursos para maximizar la eficiencia fotosintética (Niinemets, 2001).

La diversidad funcional es un aspecto crucial en la comprensión del funcionamiento de un ecosistema, ya que refleja las adaptaciones de las especies a condiciones extremas y proporciona información sobre su capacidad para enfrentar cambios ambientales (Violle *et al.*, 2007; Díaz *et al.*, 2013).

El análisis de los índices FAD2 y MFAD, a lo largo de gradientes altitudinales, revelan una perspectiva sobre la distribución de la diversidad funcional de la especies de plantas leñosas. La disminución del índices FAD2 con la altitud sugiere una tendencia hacia una mayor similitud funcional entre las especies en altitudes más elevadas. Esta tendencia puede ser una respuesta a las adaptaciones de las especies a las condiciones ambientales más extremas y selectivas presentes en estos ecosistemas de alta montaña, donde factores como la radiación solar intensa, la variabilidad climática y la escasez de nutrientes ejercen una mayor presión selectiva. Estos resultados son consistentes con estudios previos que examinaron la respuesta de la diversidad de especies a gradientes altitudinales. Sundqvist *et al* (2013) y Estrada *et al* (2015) observaron patrones similares de cambios en la comunidad vegetal a lo largo de gradientes altitudinales en diferentes regiones del mundo. Además, Steinbauer *et al* (2016) sugirieron que las áreas de mayor elevación tienden a estar más aisladas geográficamente, lo que podría promover tasas más altas de especiación y, por lo tanto, una mayor endemismo.

Al igual que el índice de FAD2, la disminución del índice MFAD en altitudes superiores señala una mayor agrupación de especies en categorías funcionales más homogéneas, lo que refleja una mayor convergencia funcional en comunidades de alta montaña (Steinbauer et al., 2022). Observando una mayor diversidad funcional de ambos índices en altitudes intermedias-bajas (3000-3200 msnm), donde los rasgos funcionales son heterogéneos y hay una menor similitud funcional, esto sugiere que hay una amplia variedad de especies que realizan diferentes funciones vitales dentro del ecosistema. Bhat *et al* (2020) observaron que la riqueza de especies y la diversidad funcional en los bosques del Himalaya occidental también disminuyen con la altitud, mientras que las zonas de baja a media altitud presentan mayor diversidad debido a una mayor heterogeneidad de microhábitats y menor presión ambiental. Otros estudios también resaltan una clara tendencia a una mayor diversidad en altitudes intermedias debido a la combinación de condiciones climáticas favorables y menor competencia interespecífica (Rahbek, 2005; Sanders and Rahbek, 2012).

En el dendrograma construido a partir de la matriz de distancia funcional, se observa (Figura 13) una agrupación de especies que comparten rasgos funcionales similares, lo que sugiere posibles convergencias en sus roles ecológicos (Díaz *et al.*, 2013). Esta agrupación también puede estar influenciada por factores filogenéticos, aunque la rápida adaptación a nuevos nichos también puede generar diferencias significativas entre especies evolutivamente cercanas (Cornwell *et al.*, 2014). En el estudio de Swenson (2013) sobre la convergencia funcional sugiere que diferentes linajes pueden desarrollar adaptaciones similares para sobrevivir en ambientes similares. Esto puede explicar por qué *Pinus culminicola* se agrupa con especies de otras familias que ocupan nichos ecológicos similares. Es interesante destacar que algunas de las especies no tienen representantes del mismo género o familia en su grupo, como *Garrya ovata*, *Paxistima myrsinites*, *Ceanothus buxifolius* y *Juniperus zanonii*. Indicando adaptaciones únicas o una especialización en su función ecológica dentro del ecosistema de alta montaña.

El análisis de componentes principales (PCA) proporciona una visión más detallada de la variación funcional dentro de la comunidad vegetal. Las dimensiones principales identificadas explican la variabilidad en los rasgos funcionales y revelan asociaciones entre variables como la altura máxima, el área foliar y el grosor de la hoja (Hmax, AF, LMA), que son cruciales para entender las estrategias de supervivencia de las especies en los ecosistemas (Díaz & Cabido, 2001). La relación entre las especies y las variables en el espacio funcional revela asociaciones significativas entre ciertas especies y rasgos funcionales específicos. Por ejemplo, especies como *Pinus hartwegii* y *Arbutus*

*xalapensis* muestran una fuerte asociación con variables como el grosor de la hoja (LTH) y la altura máxima (Hmax), en ambas dimensiones del análisis. Esto sugiere que estas especies exhiben un conjunto completo de características morfológicas y fisiológicas que las distingue de otras especies en el conjunto de datos, indicando adaptaciones particulares a las condiciones de alta montaña (Nock *et al.*, 2016). Esto es coherente con lo mencionado por Díaz *et al.* (2016) que han demostrado cómo los rasgos funcionales reflejan las adaptaciones de las plantas a sus ambientes, lo que sugiere que la selección natural ha favorecido cierto conjunto de características en estas especies.

En cuanto a la dimensión 1 del análisis de componentes principales (PCA), se observa una clara distinción entre las especies altamente asociadas, como *Paxistima myrsinites*, *Quercus hintoniorum*, *Quercus greggii*, *Pinus culminicola*, *Pinus greggii*, *Pinus ayacahuite* y *Pseudotsuga mezensii*, que están predominantemente relacionadas con las variables LMA, LTH y Hmax. Esta agrupación sugiere la presencia de características morfológicas específicas en estas especies, como hojas gruesas y una mayor altura máxima. Lo que muestran adaptaciones a la sequedad o condiciones de estrés hídrico, protección contra herbívoros o condiciones adversas, así como estrategias de competencia por la luz o de dispersión de semillas. Por el contrario, especies como *Garrya ovata*, *Arctostaphylos pungens*, *Quercus sp.*, *Quercus alpescens* y *Juniperus zanonii* muestran asociaciones más bajas en esta dimensión, indicando diferencias morfológicas y fisiológicas distintivas, como hojas más delgadas y menor altura máxima. Esto podría deberse a respuestas a condiciones de vientos fuertes o exposición solar, estrategias de reproducción y dispersión de semillas por animales (zoocoría), así como la tolerancia a condiciones de suelos pobres o compactos (Chapin *et al.*, 2002; Roscher *et al.*, 2012; Stanisci *et al.*, 2020).

En la dimensión 2, especies como *Garrya ovata*, *Arctostaphylos pungens* y *Abies vejarii* muestran una asociación más fuerte con variables como Hmax, AF y SSD. Esto sugiere que estas especies exhiben características como una mayor altura máxima, área foliar y densidad específica del tallo en comparación con otras especies en esta dimensión. Sugiriendo adaptaciones para conservar agua y nutrientes, resiliencia ante el estrés ambiental, mayor capacidad de adquirir nutrientes, así como estrategias de reproducción. Por otro lado, especies como *Ageratina saltillensis*, *Ageratina campyloclada*, *Ceanothus buxifolius*, *Gymnosperma glutinosum*, *Paxistima myrsinites*, *Quercus ariifolia*, *Quercus sp.*, *Pinus culminicola*, *Pinus greggii*, *Pinus ayacahuite*, *Picea mexicana*, *Pseudotsuga mezensii* y *Juniperus zanonii* muestran una asociación débil con estas variables, lo que



indica características morfológicas y fisiológicas distintivas, como hojas menos gruesas y tallos menos densos. Por lo que, estas especies podrían ser más sensibles al estrés ambiental ya que las hojas menos gruesas y los tallos menos densos hacen que las plantas sean más susceptibles a la sequedad del ambiente, vientos fuertes y la radiación solar. Además, de menor capacidad de retención de agua, mayor exposición a herbívoros y patógenos, y menor capacidad de almacenamiento de nutrientes (Chapin *et al.*, 2002; Stanisci *et al.*, 2020).

### **8.3 Relación de la diversidad funcional y la distinción evolutiva**

Se observó que en las especies como *Quercus greggii* y *Quercus hintoniorum*, pertenecientes a la familia Fagaceae, muestran agrupaciones tanto funcionales como filogenéticas. Su proximidad en el dendrograma funcional sugiere similitudes en sus rasgos relacionados con su estructura foliar y la fisiología de las hojas, lo cual coincide con su relación filogenética cercana esperada en la reconstrucción filogenética. Esto es consistente con lo encontrado por Swenson (2014), quien destacó la importancia de la filogenia en la organización de rasgos funcionales en las plantas. Al igual que especies como *Pinus ayacahuite* y *Pinus greggii*, pertenecientes a la familia Pinaceae, donde su relación funcional y filogenética muestra similitudes. Patrón similar a los hallazgos de Wang *et al* (2013), quienes observaron que las especies dentro de la misma familia tienden a compartir características funcionales y adaptativas debido a su historia evolutiva común.

Por otro lado, especies como *Juniperus zanonii* y *Paxistima myrsinites*, de las familias Cupressaceae y Celastraceae respectivamente, muestran agrupaciones funcionales en el dendrograma, a pesar de no estar estrechamente relacionadas filogenéticamente. Esto sugiere similitudes en características morfológicas y ecológicas, como la forma de las hojas, el tamaño y hábito de crecimiento. Estos resultados apoyan las observaciones de Flynn *et al* (2011) y Steudel *et al* (2016), quienes encontraron que especies de diferentes linajes pueden converger funcionalmente debido a presiones ambientales similares. Además, Swenson *et al* (2012) y Mazel *et al* (2018) también destacaron que la convergencia funcional puede ser común en comunidades ecológicamente donde las especies enfrentan condiciones ambientales compartidas, llevando a adaptaciones morfológicas y fisiológicas similares.

La integración de componentes ecológicos y evolutivos en la conservación de especies amenazadas es fundamental para comprender la singularidad y la importancia de la biodiversidad en los ecosistemas de alta montaña. El análisis del índice EcoEDGE proporciona una perspectiva integral sobre la singularidad evolutiva, la ecológica, así como sobre la categoría de amenaza en la

comunidad vegetal estudiada (Cavender *et al.*, 2009).

Los resultados muestran una correlación significativa entre las medidas de EcoEDGE y las métricas de diversidad funcional y filogenética, lo que indica que las especies que son únicas desde un punto de vista evolutivo y ecológico tienden a estar en mayor riesgo de extinción. Especies como *Abies vejarii* y *Quercus ariifolia*, clasificadas como casi amenazadas, muestran valores altos de EcoEDGE, lo que sugiere una singularidad evolutiva y ecológica considerable y justifica una mayor atención en términos de conservación. Por otro lado, especies como *Picea mexicana* y *Pinus culminicola*, categorizada como en peligro, así como *Quercus alpescens*, clasificada como en peligro crítico, muestran valores muy altos de EcoEDGE. Esto resalta la urgencia de acciones de conservación para evitar su extinción, ya que enfrentan una combinación de amenazas significativas y también tienen una singularidad evolutiva y ecológica considerable (Hidasi-Neto *et al.*, 2015).

Es importante destacar que las especies con valores más altos en los índices EcoD, EcoDGE y EcoEDGE, como *Pinus culminicola* y *Picea mexicana*, contribuyen significativamente a la diversidad funcional, ecológica y evolutiva del ecosistema. Además, especies como *Arctostaphylos pungens* y *Juniperus zanonii* muestran una mayor singularidad evolutiva en comparación con el resto de las especies, lo que resalta su importancia en términos de conservación. La relación entre la singularidad evolutiva (ED) y ecológica (EcoD) muestra una distribución dispersa de las especies en los cuatro cuadrantes, lo que indica que algunas son distantes tanto evolutiva como ecológicamente, mientras que otras son distintivas solo en uno de estos aspectos. Las especies ubicadas en el cuadrante superior derecho, como *Juniperus zanonii* y *Arctostaphylos pungens*, son consideradas ecológica y evolutivamente distintas, esto significa que son especies que tienen una singularidad tanto evolutiva como ecológica (Flynn *et al.*, 2011; Swenson, 2014; Hidasi-Neto *et al.*, 2015). Todas las especies mencionadas anteriormente son prioritarias en términos de conservación. Aunque no aparecen en el cuadrante de importancia para la conservación debido a sus altos valores de EcoEDGE, es fundamental evaluar las diferentes dimensiones de la distinción evolutiva. Este análisis ecológico permite identificar especies prioritarias desde diversas perspectivas, lo que es crucial para la conservación de las comunidades. Por otro lado, Faith (2018) argumentó que la conservación de la diversidad genética es crucial para mantener la resiliencia de los ecosistemas, ya que los linajes estrechamente relacionados pueden compartir vulnerabilidades que podrían comprometer su supervivencia a largo plazo.

## 9.CONCLUSIONES

- Los análisis de diversidad funcional revelan adaptaciones significativas en rasgos claves como la altura máxima (Hmax), área foliar (AF) y el grosor de la hoja (LTH) en las plantas leñosas de los ecosistemas de alta montaña.
- El análisis de componentes principales (PCA) revela asociaciones entre especies y rasgos funcionales específicos, destacando adaptaciones particulares a las condiciones de alta montaña.
- En altitudes elevadas hay una alta diversidad filogenética (especies evolutivamente menos emparentadas). Estas especies tienden a realizar funciones ecológicas similares (baja diversidad funcional). Resaltando la vulnerabilidad del ecosistemas de alta montaña de la Sierra La Marta y la importancia de generar estrategias de conservación para estos ecosistemas.
- Especies como *Juniperus zanonii* y *Arctostaphylos pungens* exhiben valores elevados de ED (Distinción Evolutiva), indicando linajes evolutivos únicos dentro de la comunidad estudiada. La alta ED en estas especies puede hacerlas mas susceptibles a presiones evolutiva y ambientales, destacando la importancia de estrategias de conservación.
- La agrupación funcional de especies como *Juniperus zanonii* y *Paxistima myrsinites*, a pesa de no estar estrechamente relacionadas filogenéticamente, sugieren adaptaciones convergentes en respuesta a factores ambientales compartidos, lo que resalta la complejidad de la biodiversidad en los ecosistemas de alta montaña.
- La comunidad vegetal de plantas leñosas de la Sierra la Marta a pesar de tener una baja distinción evolutiva presenta una alta diversidad funcional. Lo que resalta la importancia y complementariedad de ambas medidas. La diversidad filogenética puede ayudar a identificar áreas o especies únicas desde una perspectiva evolutiva, mientras que la diversidad funcional puede proporcionar información crucial sobre la funcionalidad y equilibrio del ecosistema.
- El uso de métricas que integren parámetros evolutivos, ecológicos y categoría de riesgo (EcoEDGE) proporciona información valiosa para la gestión y conservación de la biodiversidad e identificación de especies prioritarias (*Picea mexicana*, *Pinus culminicola* y *Quercus alpezens*).
- La identificación de especies como *Juniperus zanonii*, *Picea mexicana* y *Pinus culminicola*

con valores altos de EcoEDGE proporciona información valiosa para la gestión y conservación de la biodiversidad y otros ecosistemas similares.

- La relación entre la singularidad evolutiva y ecológica es fundamental para identificar especies clave para la resiliencia de un ecosistema, como es el caso de *Juniperus zanonii* y *Arctostaphylos pungens*.
- Los patrones de distribución observados en la diversidad funcional y la distinción evolutiva no siempre coinciden. Esto demuestra que ambos índices no son intercambiables, sino complementarios, y su análisis conjunto ofrece una perspectiva más integral para identificar sitios y especies prioritarias para la conservación y asegurar la sostenibilidad de los ecosistemas de alta montaña.

## 10. PERSPECTIVAS

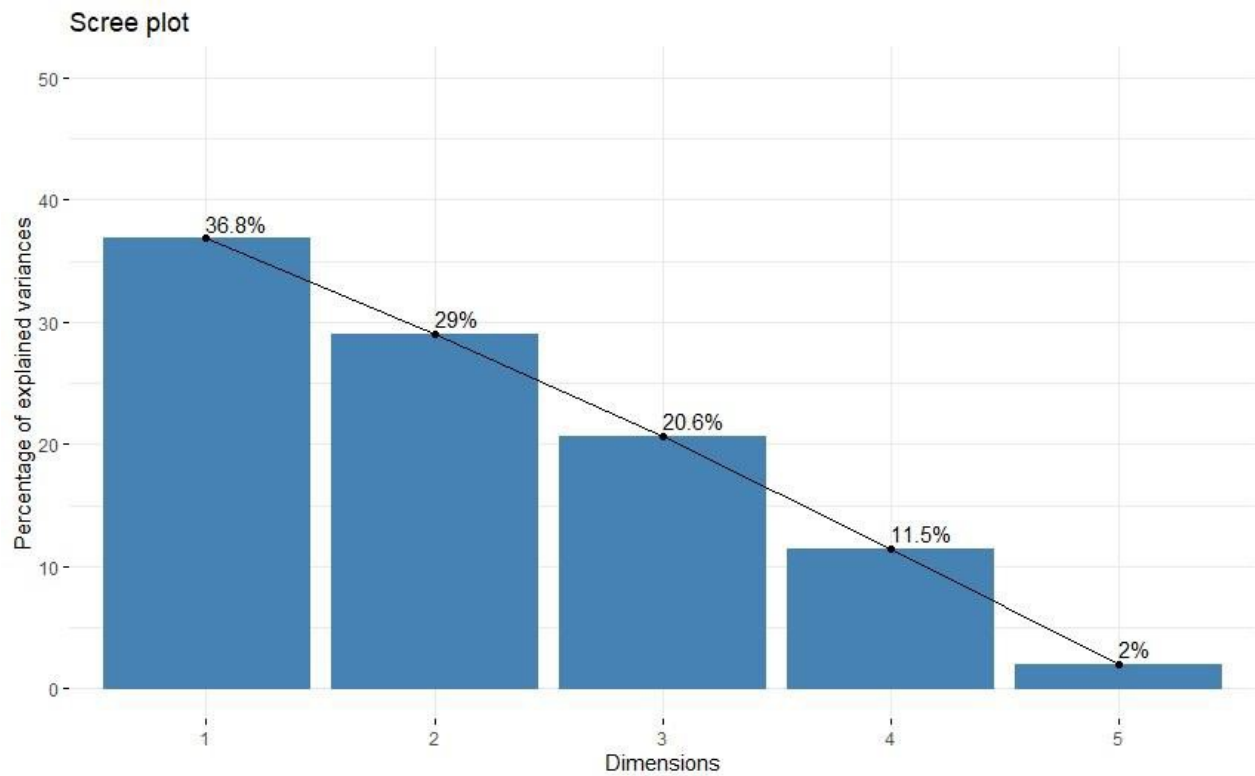
Los resultados obtenidos subrayan la necesidad de continuar con investigaciones de este tipo para entender e indagar como estas adaptaciones funcionales de las plantas moldean la dinámica de los ecosistemas alpinos y como podrían evolucionar y adaptarse frente a desafíos ambientales como el cambio climático. La relación entre la diversidad funcional y la altitud abre un camino hacia futuras investigaciones sobre la distribución de los rasgos funcionales de las plantas leñosas en gradientes ecológicos y su posible evolución en respuesta a cambios ambientales a largo plazo. La identificación de especies con similitudes funcionales, pero diferencias genéticas resalta la necesidad de ahondar en los mecanismos que impulsan la convergencia funcional en comunidades vegetales. Esto podría implicar investigaciones genómicas enfocadas en comprender los fundamentos moleculares de estas adaptaciones convergentes. La relación entre la diversidad funcional, la distinción evolutiva y el riesgo de extinción enfatiza la importancia de fusionar enfoques ecológicos y evolutivos en estrategias de conservación. Esto podría incluir la identificación de especies prioritarias para la conservación basadas en su singularidad evolutiva y ecológica. Además, es esencial explorar más a fondo las interacciones entre las plantas leñosas y la fauna local en entornos de alta montaña, como lo sugiere la relación entre el área foliar y el tipo de dispersión. Esto podría incluir investigaciones sobre la eficacia de la dispersión de semillas por animales y su impacto en la estructura y diversidad de la comunidad vegetal.

## ANEXOS.

**Anexo 1.** Matriz de rasgos funcionales. Hmax (Altura máxima), LA (Área foliar), LMA (Masa foliar por área), SSD (Densidad específica del tallo), LTH (Grosor de la hoja), TD (Tipo de dispersión). Para el TD se utilizó la categorización estandarizada por Tavşanoğlu y Pausas (2018). W (anemochory, by Wind), B (Ballistichory, by launching=ballochory) y Z (Zoochory, dispersal mediated by animals, unknown transport system).

	Especie	Altitud	Hmax	LA	LMA	SSD	LTH	TD
1	<i>Ageratina saltillensis</i>	2959	0.38	4.59	0.11	0.246	0.0587	W
2	<i>Ageratina saltillensis</i>	3027	0.42	3.91	0.1	0.208	0.0389	W
3	<i>Ageratina campyloclada</i>	2877	0.35	2.45	0.09	0.636	0.0216	W
4	<i>Ageratina campyloclada</i>	3399	0.4	1.94	0.11	0.795	0.0239	W
5	<i>Ceanothus buxifolius</i>	2964	6	1.14	0.12	0.565	0.0178	B
6	<i>Ceanothus buxifolius</i>	3144	1.5	26.32	0.01	0.1527	0.0012	B
7	<i>Ceanothus buxifolius</i>	3374	1.7	1.27	0.11	0.72	0.0162	B
8	<i>Ceanothus buxifolius</i>	3470	1.1	1.69	0.11	0.159	0.021	B
9	<i>Garrya ovata</i>	2992	1.5	9.06	0.22	0.881	0.4379	W
10	<i>Garrya ovata</i>	3157	3	5.25	0.27	0.275	0.4055	W
11	<i>Garrya ovata</i>	3286	1.8	14.95	0.24	0.111	0.873	W
12	<i>Garrya ovata</i>	3476	0.7	7.79	0.25	0.1964	0.4962	W
13	<i>Arcostaphylos pungens</i>	2894	0.45	3.53	0.21	0.1047	0.1692	Z
14	<i>Arcostaphylos pungens</i>	3103	0.4	2.12	0.22	0.341	0.1009	Z
15	<i>Arcostaphylos pungens</i>	3485	0.45	1.91	0.2	0.1605	0.0815	Z
16	<i>Arbutus xalapensis</i>	2873	1	21.97	0.18	0.1371	0.7249	Z
17	<i>Arbutus xalapensis</i>	3039	2.8	13.84	0.18	0.856	0.4718	Z
18	<i>Gymnosperma glutinosum</i>	2888	1	1.86	0.09	0.575	0.0149	W
19	<i>Gymnosperma glutinosum</i>	3151	0.7	1.75	0.08	0.765	0.0127	W
20	<i>Paxistima myrsinites</i>	2888	0.35	0.47	0.14	0.795	0.009	Z
21	<i>Paxistima myrsinites</i>	3117	0.35	0.9	0.15	0.195	0.0219	Z
22	<i>Paxistima myrsinites</i>	3360	0.25	0.61	0.13	0.306	0.0108	Z
23	<i>Paxistima myrsinites</i>	3470	0.3	0.61	0.13	0.289	0.0106	Z
24	<i>Quercus ariifolia</i>	3078	3.2	7.48	0.1	0.106	0.0794	Z
25	<i>Quercus hintoniorum</i>	2888	4	11.49	0.05	0.1627	0.0278	Z
26	<i>Quercus hintoniorum</i>	3117	1.4	16.13	0.18	0.1209	0.5679	Z
27	<i>Quercus hintoniorum</i>	3473	1.5	8.3	0.16	0.1061	0.2206	Z
28	<i>Quercus sp. (s/id)</i>	2888	2.5	4.9	0.12	0.56	0.075	Z
29	<i>Quercus alpeescens</i>	2894	1	5.9	0.23	0.96	0.3239	Z
30	<i>Quercus alpeescens</i>	3078	3.5	4.86	0.15	0.589	0.1109	Z
31	<i>Quercus alpeescens</i>	3486	0.5	2.66	0.34	0.2001	0.321	Z
32	<i>Quercus greggii</i>	2992	3	11.26	0.14	0.91	0.2171	Z
33	<i>Quercus greggii</i>	3078	2.8	17.75	0.13	0.916	0.3119	Z
34	<i>Pinus hartwegii</i>	2884	11	2.02	0.86	0.542	1.5748	W
35	<i>Pinus hartwegii</i>	3038	8	1.55	0.73	0.175	0.8611	W

36	<i>Pinus hartwegii</i>	3364	4	1.27	0.99	0.504	1.2904	W
37	<i>Pinus hartwegii</i>	3482	2.7	1.08	1.13	0.465	1.431	W
38	<i>Pinus culminicola</i>	3367	0.9	0.53	0.48	0.874	0.1305	W
39	<i>Pinus culminicola</i>	3472	1.3	0.51	0.77	0.205	0.3133	W
40	<i>Pinus greggii</i>	2890	12	0.87	0.49	0.874	0.2188	W
41	<i>Pinus ayacahuite</i>	2880	12	0.96	0.54	0.554	0.2869	W
42	<i>Abies vejarii</i>	2875	11.5	0.25	0.12	0.43	0.0034	W
43	<i>Abies vejarii</i>	3065	13.5	0.27	0.24	0.691	0.0148	W
44	<i>Picea mexicana</i>	3382	13.6	0.28	0.11	0.1042	0.0032	W
45	<i>Picea mexicana</i>	3403	3.4	0.15	0.21	0.1031	0.0067	W
46	<i>Pseudotsuga mezesii</i>	2876	12	0.24	0.14	0.951	0.0052	W
47	<i>Pseudotsuga mezesii</i>	3038	12	0.21	0.12	0.296	0.0033	W
48	<i>Pseudotsuga mezesii</i>	3375	7	0.27	0.22	0.73	0.0138	W
49	<i>Pseudotsuga mezesii</i>	3481	8	0.23	0.17	0.943	0.0071	W
50	<i>Juniperus zanonii</i>	3611	0.3	0.47	0.44	0.1989	0.1014	Z



Anexo 2. Gráfica de las cinco dimensiones principales que explican la variación en porcentajes.

**Anexo 3.** Coordenadas de las variables en cada dimensión

Rasgos	Dim.1	Dim.2	Dim.3	Dim.4	Dim.5
<b>Hmax</b>	0.5968674	-0.5266536	0.17578884	0.57920159	-0.00301646
<b>AF</b>	-0.3169341	0.7441473	0.49354903	0.28941968	0.13580556
<b>LMA</b>	0.9148592	0.1768957	-0.23732439	-0.18390619	0.20395135
<b>SSD</b>	0.3020779	-0.2977282	0.83707849	-0.34518318	-0.01596913
<b>LTH</b>	0.6755919	0.7079577	0.02332086	0.02744399	-0.20266823

**Anexo 4.** Correlaciones entre las variables y las dimensiones.

Rasgos	Dim.1	Dim.2	Dim.3	Dim.4	Dim.5
<b>Hmax</b>	0.5968674	-0.5266536	0.17578884	0.57920159	-0.00301646
<b>AF</b>	-0.3169341	0.7441473	0.49354903	0.28941968	0.13580556
<b>LMA</b>	0.9148592	0.1768957	-0.23732439	-0.18390619	0.20395135
<b>SSD</b>	0.3020779	-0.2977282	0.83707849	-0.34518318	-0.01596913
<b>LTH</b>	0.6755919	0.7079577	0.02332086	0.02744399	-0.20266823

**Anexo 5.** Cosenos al cuadrado de las variables en cada dimensión.

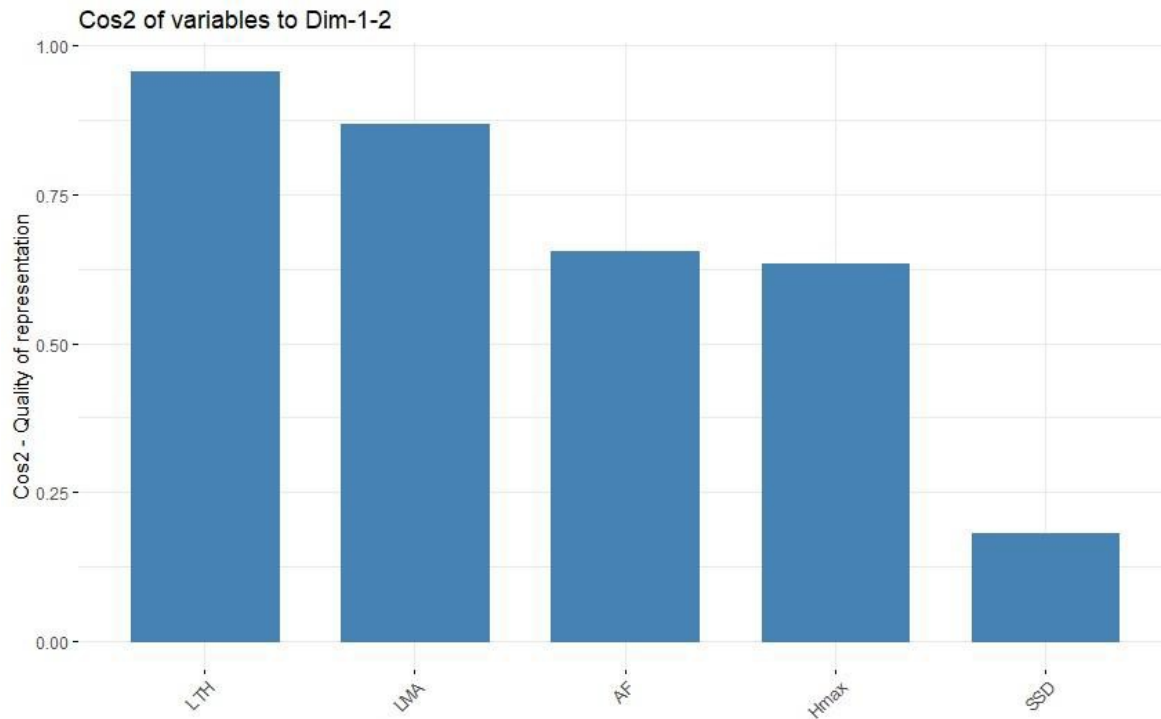
Rasgos	Dim.1	Dim.2	Dim.3	Dim.4	Dim.5
<b>Hmax</b>	0.35625068	0.27736402	0.03090172	0.33547448	9.10E-06
<b>AF</b>	0.10044725	0.55375521	0.24359064	0.08376375	1.84E-02
<b>LMA</b>	0.8369674	0.03129209	0.05632287	0.03382149	4.16E-02
<b>SSD</b>	0.09125108	0.08864207	0.7007004	0.11915143	2.55E-04
<b>LTH</b>	0.45642438	0.50120417	0.00054386	0.00075317	4.11E-02

**Anexo 6.** Contribuciones de las variables en cada dimensión.

Rasgos	Dim.1	Dim.2	Dim.3	Dim.4	Dim.5
<b>Hmax</b>	19.347352	19.098818	2.9941798	58.5506753	0.00897534
<b>AF</b>	5.455115	38.130647	23.6023839	14.6193659	18.1924887
<b>LMA</b>	45.454237	2.15472	5.4573277	5.9028958	41.0308195
<b>SSD</b>	4.955687	6.103743	67.8934118	20.7956111	0.25154721
<b>LTH</b>	24.78761	34.512072	0.0526968	0.1314519	40.5161693



**Anexo 7.** Cuadrados cosenos de las variables de cada variable en las dimensiones 1 y 2 del PCA.



**Anexo 8.** Coordenadas de las especies en las 5 dimensiones del PCA.

Especies	Dim.1	Dim.2	Dim.3	Dim.4	Dim.5
<i>Ageratina saltillensis</i>	-1.36643717	0.18214989	-0.83851194	-0.0504483	-0.03142514
<i>Ageratina campyloclada</i>	-0.87280541	-0.63434604	0.6711549	-1.1542488	-0.2681017
<i>Ceanothus buxifolius</i>	-0.95643339	-0.65468863	-0.40661831	-0.1855743	-0.28779093
<i>Garrya ovata</i>	0.05885091	1.61750355	0.3361946	0.2128254	-0.33492626
<i>Arctostaphylos pungens</i>	-0.72575184	0.55275671	-1.07653876	-0.1224628	-0.07372782
<i>Arbutus xalapensis</i>	-0.42277261	2.57057982	1.44758733	0.7254341	0.09805022
<i>Gymnosperma glutinosum</i>	-0.90931628	-0.71323387	0.50786474	-0.9917367	-0.31790935
<i>Paxistima myrsinites</i>	-1.00724437	-0.47762073	-0.63937469	-0.7090001	-0.19696563
<i>Quercus ariifolia</i>	-1.29863611	0.47128723	-0.82447468	0.951734	0.1800619
<i>Quercus hintoniorum</i>	-1.16354224	1.49308403	-0.36142722	1.0718693	0.23496134
<i>Quercus sp</i>	-0.77052939	-0.24394237	0.45913462	-0.2727668	-0.06365997
<i>Quercus alpescens</i>	-0.14483959	0.19797316	0.34732413	-0.615386	-0.12699458
<i>Quercus greggii</i>	-0.48140152	0.90603966	2.63449781	-0.1441437	0.31903717
<i>Pinus hartwegii</i>	4.2554096	2.05097588	-0.96913098	-0.3057154	-0.57359228
<i>Pinus culminicola</i>	1.08886669	0.01868008	-0.62700386	-1.3741628	0.75477975
<i>Pinus greggii</i>	2.11294012	-1.52258341	1.16999204	0.1571692	0.29068274
<i>Pinus ayacahuite</i>	2.07852895	-1.00660342	0.01337485	0.7341433	0.3670266

<i>Abies vejarii</i>	0.5741257	-1.95251783	0.35490469	1.1314708	-0.15918535
<i>Picea mexicana</i>	-0.34433295	-1.08381883	-1.38504811	1.2974313	-0.10770533
<i>Pseudotsuga mezensii</i>	0.38919533	-1.86073957	0.85019183	0.3163032	-0.23698817
<i>Juniperus zanonii</i>	-0.09387442	0.0890647	-1.66409298	-0.6727347	0.53437278

Anexo 9. Cuadrados cosenos de las especies en las 5 dimensiones del PCA.

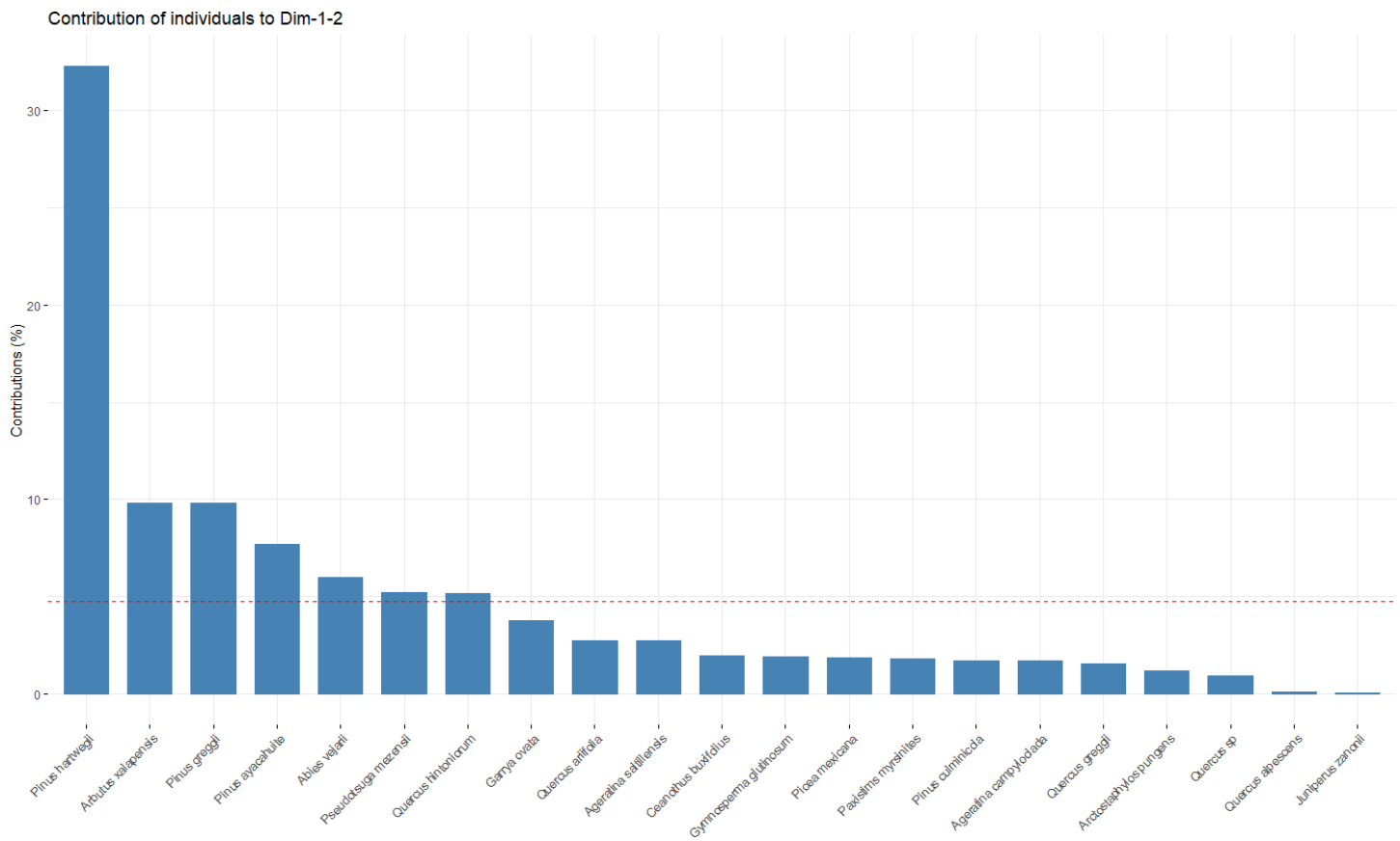
Especies	Dim.1	Dim.2	Dim.3	Dim.4	Dim.5
<i>Ageratina saltillensis</i>	0.71621647	0.01272691	2.70E-01	0.00097624	0.00037881
<i>Ageratina campyloclada</i>	0.25234822	0.13329623	1.49E-01	0.4413308	0.02381028
<i>Ceanothus buxifolius</i>	0.56259226	0.26360515	1.02E-01	0.0211797	0.0509376
<i>Garrya ovata</i>	0.0011983	0.90521311	3.91E-02	0.01567137	0.03881135
<i>Arctostaphylos pungens</i>	0.26183603	0.1518872	5.76E-01	0.00745524	0.00270219
<i>Arbutus xalapensis</i>	0.01897821	0.70162288	2.23E-01	0.05587756	0.0010208
<i>Gymnosperma glutinosum</i>	0.30874806	0.18994953	9.63E-02	0.36725446	0.03773818
<i>Paxistima myrsinites</i>	0.46263987	0.10402547	1.86E-01	0.22922713	0.01769108
<i>Quercus ariifolia</i>	0.47821746	0.06298278	1.93E-01	0.25685122	0.00919378
<i>Quercus hintoniorum</i>	0.27528795	0.45330592	2.66E-02	0.23361814	0.01122576
<i>Quercus sp</i>	0.6299487	0.06313952	2.24E-01	0.07894233	0.00429991
<i>Quercus alpscens</i>	0.03644421	0.06808737	2.10E-01	0.6578838	0.02801717
<i>Quercus greggii</i>	0.02855511	0.10114939	8.55E-01	0.00256012	0.01254156
<i>Pinus hartwegii</i>	0.76482418	0.17766422	3.97E-02	0.00394742	0.01389586
<i>Pinus culminicola</i>	0.29368162	8.6434E-05	9.74E-02	0.46773913	0.14111326
<i>Pinus greggii</i>	0.54044228	0.28063196	1.66E-01	0.00299027	0.01022854
<i>Pinus ayacahuite</i>	0.71916172	0.16866742	2.98E-05	0.08971727	0.02242381
<i>Abies vejarii</i>	0.05914095	0.68401302	2.26E-02	0.22970004	0.00454653
<i>Picea mexicana</i>	0.02416485	0.23940887	3.91E-01	0.34308017	0.00236429
<i>Pseudotsuga mezensii</i>	0.03371415	0.7706339	1.61E-01	0.02226815	0.01250058
<i>Juniperus zanonii</i>	0.00250063	0.00225095	7.86E-01	0.12842287	0.08102953

Anexo 10. Contribuciones de las especies en las 5 dimensiones del PCA.

Especies	Dim.1	Dim.2	Dim.3	Dim.4	Dim.5
<i>Ageratina saltillensis</i>	4.82865151	0.10879148	3.24E+00	0.02115174	0.04638657
<i>Ageratina campyloclada</i>	1.97006878	1.31943965	2.08E+00	11.0726602	3.37626767
<i>Ceanothus buxifolius</i>	2.36567997	1.40542171	7.63E-01	0.28621255	3.89037897
<i>Garrya ovata</i>	0.0089568	8.57881969	5.22E-01	0.37644355	5.26909595
<i>Arctostaphylos pungens</i>	1.36214339	1.00185555	5.35E+00	0.12464117	0.25532924
<i>Arbutus xalapensis</i>	0.46223221	21.6670231	9.67E+00	4.37370047	0.45158018
<i>Gymnosperma glutinosum</i>	2.13833854	1.66801894	1.19E+00	8.17421216	4.74727426
<i>Paxistima myrsinites</i>	2.62371242	0.74800308	1.89E+00	4.17778206	1.82229481

<i>Quercus ariifolia</i>	4.36135543	0.72829679	3.14E+00	7.52808098	1.52293508
<i>Quercus hintoniorum</i>	3.50115097	7.30980105	6.03E-01	9.54853608	2.5931673
<i>Quercus sp</i>	1.53541208	0.19512438	9.73E-01	0.61835276	0.19035773
<i>Quercus alpescons</i>	0.05425267	0.12851378	5.57E-01	3.14737427	0.75754435
<i>Quercus greggii</i>	0.5993237	2.69172985	3.20E+01	0.172681	4.78101703
<i>Pinus hartwegii</i>	46.8305512	13.7929818	4.33E+00	0.77676187	15.4541213
<i>Pinus culminicola</i>	3.06616805	0.00114418	1.81E+00	15.6938497	26.7595123
<i>Pinus greggii</i>	11.5457171	7.60149904	6.32E+00	0.20529962	3.9689554
<i>Pinus ayacahuite</i>	11.1727141	3.32241483	8.25E-04	4.47934747	6.32750937
<i>Abies vejarii</i>	0.8524335	12.5004911	5.81E-01	10.6399567	1.19026562
<i>Picea mexicana</i>	0.30662227	3.85168217	8.85E+00	13.9901346	0.54489406
<i>Pseudotsuga mezensii</i>	0.39172543	11.3529374	3.34E+00	0.83149624	2.63809878
<i>Juniperus zanonii</i>	0.02278983	0.02601048	1.28E+01	3.76132484	13.413014

### Anexo 11. Contribuciones de las especies en el espacio funcional del PCA



Anexo 12. Índices del análisis de EcoEDGE y la categoría de las especies.

<b>Especies</b>	<b>Categoría de riesgo</b>	<b>EcoD</b>	<b>ED</b>	<b>EcoDGE</b>	<b>EDGE</b>	<b>EcoEDGE</b>
<i>Ageratina campyloclada</i>	LC	0.141021	0.07287927	0.1319235	0.07034594	0.1016086
<i>Ageratina saltillensis</i>	LC	0.2154478	0.07379377	0.1951126	0.07119795	0.1350734
<i>Arbutus xalapensis</i>	LC	0.2355312	0.09291066	0.211501	0.08884447	0.1520521
<i>Arctostaphylos pungens</i>	LC	0.1369285	0.24364337	0.1283303	0.21804528	0.1741936
<i>Ceanothus buxifolius</i>	LC	0.1405277	0.10994878	0.1314911	0.10431387	0.1179948
<i>Garrya ovata</i>	LC	0.338267	0.07977455	0.2913755	0.07675227	0.1898107
<i>Gymnosperma glutinosum</i>	LC	0.141021	0.10728697	0.1319235	0.10191286	0.1170308
<i>Juniperus zanonii</i>	LC	0.1484952	0.28927022	0.1384526	0.25407633	0.1979346
<i>Paxistima myrsinites</i>	LC	0.1369285	0.14237551	0.1283303	0.13310987	0.1307229
<i>Pinus ayacahuite</i>	LC	0.1782865	0.03562146	0.1640612	0.03500169	0.1016121
<i>Pinus hartwegii</i>	LC	0.3879133	0.03331159	0.3278014	0.03276878	0.1911264
<i>Pseudotsuga mezensii</i>	LC	0.1645289	0.04938301	0.1523167	0.04820239	0.1016139
<i>Quercus greggii</i>	LC	0.2355312	0.07564446	0.211501	0.07291998	0.1446092
<i>Abies vejarii</i>	NT	0.1645289	0.05377234	0.8454638	0.74552361	0.7967417
<i>Quercus ariifolia</i>	NT	0.1554422	0.06263062	0.8376303	0.75389473	0.7966387
<i>Pinus greggii</i>	VU	0.1782865	0.05146454	1.5503556	1.43647835	1.4950371
<i>Quercus hintoniorum</i>	VU	0.1554422	0.05318529	1.5307775	1.43811354	1.4855184
<i>Quercus sp</i>	VU	0.1241878	0.05448556	1.5033552	1.43934739	1.4718633
<i>Picea mexicana</i>	EN	0.2614202	0.04128067	2.3116798	2.11989291	2.2203771
<i>Pinus culminicola</i>	EN	0.2390438	0.0379823	2.2937815	2.11672028	2.2091646
<i>Quercus alpescens</i>	CR	0.1241878	0.05507662	2.8896496	2.82620211	2.8584289

## 11. BIBLIOGRAFÍA

Arévalo, A. G., & Elizondo, S. G. (1991). FLORA Y VEGETACIÓN DE LA CIMA DEL CERRO POTOSÍ, NUEVO LEÓN, MEXICO. *Acta Botánica Mexicana*, 13, 53-74.

Arreola-Ortiz, M. R., González-Elizondo, M., & Návar-Cháidez, J. D. J. (2010). Dendrocronología de *Pseudotsuga menziesii* (Mirb.) Franco de la Sierra Madre Oriental en Nuevo León, México. *Madera y bosques*, 16(1), 71-84.

Barbosa, M. P. B. (2021). Diversity of Oceanic Island Floras: A Functional and Taxonomic Approach Along Gradients of Environmental Heterogeneity and Across Spatial Scales (Doctoral dissertation, Georg-August-Universität Göttingen).

Bhat, J. A., Kumar, M., Negi, A. K., Todaria, N. P., Malik, Z. A., Pala, N. A., ... & Shukla, G. (2020). Species diversity of woody vegetation along altitudinal gradient of the Western Himalayas. *Global Ecology and Conservation*, 24, e01302.

Bricca, A., Carranza, M. L., Varricchione, M., Cutini, M., & Stanisci, A. (2021). Exploring plant functional diversity and redundancy of mediterranean high-mountain habitats in the Apennines. *Diversity*, 13(10), 466.

Cadotte, M. W., Carscadden, K., & Mirotnick, N. (2011). Beyond species: functional diversity and the maintenance of ecological processes and services. *Journal of applied ecology*, 48(5), 1079-1087.

Carrera-López, J. A. (2012). Atención de un incendio forestal en los parajes La Sierra de la Martha entre La Ciruela y Santa Clara, dentro del polígono de la RPC Arteaga, en el Estado de Coahuila.

Casanoves, Fernando; Julio A. Di Rienzo and Laura Pla. (2008). User Manual FDiversity: Statistical software for the analysis of functional diversity. First Edition, Argentina. [www.fdiversity.nucleodiversus.org](http://www.fdiversity.nucleodiversus.org).

Cavender-Bares, J., Kozak, K. H., Fine, P. V., & Kembel, S. W. (2009). The merging of community ecology and phylogenetic biology. *Ecology letters*, 12(7), 693-715.

Chapin, F. S., Matson, P. A., Mooney, H. A., & Vitousek, P. M. (2002). Principles of terrestrial ecosystem ecology.

Clavel, J., Julliard, R., & Devictor, V. (2011). Worldwide decline of specialist species: toward a global functional homogenization? *Frontiers in Ecology and the Environment*, 9(4), 222-228.

Córdova Tapia F, Zambrano L. (2015). La diversidad funcional en la ecología de comunidades. *Ecosistemas* 24(3):78-87.

Cornwell, W. K., Westoby, M., Falster, D. S., FitzJohn, R. G., O'Meara, B. C., Pennell, M. W., ... & Zanne, A. E. (2014). Functional distinctiveness of major plant lineages. *Journal of Ecology*, 102(2), 345-356.

de la Riva, E. G. (2016). Composición y diversidad funcional de plantas leñosas mediterráneas: desde la hoja a la comunidad. *Ecosistemas*, 25(2), 101-105.

Díaz, S., & Cabido, M. (2001). Vive la différence: plant functional diversity matters to ecosystem processes. *Trends in ecology & evolution*, 16(11), 646-655.

Díaz, S., Kattge, J., Cornelissen, J. H., Wright, I. J., Lavorel, S., Dray, S., ... & Gorné, L. D. (2016). The global spectrum of plant form and function. *Nature*, 529(7585), 167-171.

Díaz, S., Purvis, A., Cornelissen, J. H., Mace, G. M., Donoghue, M. J., Ewers, R. M., & Pearse, W. D. (2013). Functional traits, the phylogeny of function, and ecosystem service vulnerability. *Ecology and evolution*, 3(9), 2958-2975.

Doyle, J. (1991). DNA protocols for plants. *Molecular techniques in taxonomy*, 283-293.

Dray, S., & Dufour, A.-B. (2007). Theade4Package: Implementing the duality diagram for ecologists. *Journal of Statistical Software*, 22(4). <https://doi.org/10.18637/jss.v022.i04>.

Dubuis, A., Rossier, L., Pottier, J., Pellissier, L., Vittoz, P., & Guisan, A. (2013). Predicting current and future spatial community patterns of plant functional traits. *Ecography*, 36(11), 1158-1168.

Echeverría-Londoño, S., Enquist, B. J., Neves, D. M., Violle, C., Boyle, B., Kraft, N. J., ... & Kerkhoff, A. J. (2018). Plant functional diversity and the biogeography of biomes in North and South America. *Frontiers in Ecology and Evolution*, 6, 219.

Estrada, A.E., Arévalo, J.R., Villarreal, J.A., et al. (2015). Classification and ordination of main plant communities along an altitudinal gradient in the arid and temperate climates of northeastern Mexico. *The Science of Nature*. 102: 59.

Faith, D. P. (2018). Phylogenetic diversity and conservation evaluation: perspectives on multiple

values, indices, and scales of application. *Phylogenetic diversity: applications and challenges in biodiversity science*, 1-26.

Favela Lara, S. (2004). Taxonomy and genetic variation of pinyon pines (*Pinus* subsection *Cembroides*) in the Northeast of Mexico. KB thesis scanning project 2015.

Flynn, D. F., Mirotchnick, N., Jain, M., Palmer, M. I., & Naeem, S. (2011). Functional and phylogenetic diversity as predictors of biodiversity–ecosystem-function relationships. *Ecology*, 92(8), 1573-1581.

Forest, F., Grenyer, R., Rouget, M., Davies, T. J., Cowling, R. M., Faith, D. P., ... & Savolainen, V. (2007). Preserving the evolutionary potential of floras in biodiversity hotspots. *Nature*, 445(7129), 757-760.

Gamfeldt, L., Snäll, T., Bagchi, R., Jonsson, M., Gustafsson, L., Kjellander, P., ... & Bengtsson, J. (2013). Higher levels of multiple ecosystem services are found in forests with more tree species. *Nature communications*, 4(1), 1340.

García, E. (1973). Modificaciones al sistema de clasificación de Köppen (para adaptarlo a las condiciones de la República Mexicana) (2nd ed.). Universidad 45 Nacional Autónoma de México.

Geneious Prime. (2022). Retrieved from <https://www.geneious.com>

Gómez-Hernández, M., Williams-Linera, G., Lodge, D. J., Guevara, R., Ruiz-Sanchez, E., & Gandara, E. (2016). Phylogenetic diversity of macromycetes and woody plants along an elevational gradient in Eastern Mexico. *Biotropica*, 48(5), 577-585.

Grigoriev, A. A., Shalaumova, Y. V., Balakin, D. S., Erokhina, O. V., Abdulmanova, S. Y., Moiseev, P. A., & Camarero, J. J. (2022). Alpine Shrubification: Juniper Encroachment into Tundra in the Ural Mountains. *Forests*, 13(12), 2106.

Hernández-Ruedas, M. A., Gómez-Ortiz, Y., Herrera-Alsina, L., & Pérez-Hernández, C. X. (2019). La diversidad filogenética y su utilidad para la conservación de la biodiversidad. *La biodiversidad en un mundo cambiante: Fundamentos teóricos y metodológicos para su estudio*, 307-323.

Hidasi-Neto, J., Loyola, R., & Cianciaruso, M. V. (2015). Global and local evolutionary and ecological distinctiveness of terrestrial mammals: identifying priorities across scales. *Diversity and Distributions*, 21(5), 548-559.

Hornik, K. (2020). clue: Cluster ensembles. <https://CRAN.R-project.org/package=clue>

- Hu, Y., Fan, H., Chen, Y., Chang, J., Zhan, X., Wu, H., ... & Wei, F. (2021). Spatial patterns and conservation of genetic and phylogenetic diversity of wildlife in China. *Science Advances*, 7(4), eabd5725.
- Kembel, S. W., Cowan, P. D., Helmus, M. R., Cornwell, W. K., Morlon, H., Ackerly, D. D., Blomberg, S. P., & Webb, C. O. (2010). Picante: R tools for integrating phylogenies and ecology. In *Bioinformatics* (Vol. 26, pp. 1463–1464).
- Koichiro Tamura, Glen Stecher, and Sudhir Kumar (2021) MEGA11: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 11. *Molecular Biology and Evolution* 38:3022-3027
- Kondratyeva, A., Grandcolas, P., & Pavoine, S. (2019). Reconciling the concepts and measures of diversity, rarity and originality in ecology and evolution. *Biological Reviews*, 94(4), 1317-1337.
- Körner C. (2021). *Alpine Plant Life. Functional plant ecology of high mountain ecosystems*. Springer: Switzerland, pp.1-489.
- Kraft, N. J., Godoy, O., & Levine, J. M. (2015). Plant functional traits and the multidimensional nature of species coexistence. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 112(3), 797-802.
- Liu, J., Zhang, X., Song, F., Zhou, S., Cadotte, M. W., & Bradshaw, C. J. (2015). Explaining maximum variation in productivity requires phylogenetic diversity and single functional traits. *Ecology*, 96(1), 176-183.
- Maechler, M., Rousseeuw, P., Struyf, A., Hubert, M., & Hornik, K. (2019). *cluster: Cluster Analysis Basics and Extensions*.
- Martin, T. N., Fipke, G. M., Minussi Winck, J. E., & Márchese, J. A. (2020). ImageJ software as an alternative method for estimating leaf area in oats. *Acta Agronómica*, 69(3), 162-169.
- Martínez Gallegos, N. (2021). *Estructura y composición de la avifauna en tres sitios en la sierra La Marta, Arteaga, Coahuila, México* (Doctoral dissertation, Universidad Autónoma de Nuevo León).
- Martínez, R. R., & Morillo, I. M. R. (2020). Diversidad filogenética: una forma de medir la historia evolutiva de la biodiversidad. *Desde El Herbario CICY*, 12, 270–275, 2020.
- Mason, N. W. H., Mouillot, D., Lee, W. G. and Wilson, J. B. (2005). Functional richness, functional evenness and functional divergence: the primary components of functional diversity. *Oikos*



111:112-118.

Mason, N. W., & De Bello, F. (2013). Functional diversity: a tool for answering challenging ecological questions. *Journal of Vegetation Science*, 24(5), 777-780.

Mazel, F., Pennell, M. W., Cadotte, M. W., Diaz, S., Dalla Riva, G. V., Grenyer, R., ... & Pearse, W. D. (2018). Prioritizing phylogenetic diversity captures functional diversity unreliably. *Nature communications*, 9(1), 2888.

McDonald, J. A. (1990). The alpine-subalpine flora of northeastern Mexico. *SIDA, Contributions to Botany*, 21-28.

Mekonnen, Z. A., Riley, W. J., Berner, L. T., Bouskill, N. J., Torn, M. S., Iwahana, G., ... & Grant, R. F. (2021). Arctic tundra shrubification: a review of mechanisms and impacts on ecosystem carbon balance. *Environmental Research Letters*, 16(5), 053001.

Mouchet, M., Guilhaumon, F., Villéger, S., Mason, N. W., Tomasini, J. A., & Mouillot, D. (2008). Towards a consensus for calculating dendrogram-based functional diversity indices. *Oikos*, 117(5), 794-800.

Niinemets, Ü. (2001). Global-scale climatic controls of leaf dry mass per area, density, and thickness in trees and shrubs. *Ecology*, 82(2), 453-469.

Nock, C. A., Vogt, R. J., & Beisner, B. E. (2016). Functional traits. *eLS*, 1-8.

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, McGlinn D, Ouellette M, Ribeiro Cunha E, Smith T, Stier A, Ter Braak C, Weedon J (2024). *vegan: Community Ecology Package*. R package version 2.6-5, <https://github.com/vegandevs/vegan>.

Orme, D., Freckleton, R., Thomas, G., Petzoldt, T., Fritz, S., Isaac, N., & Pearse, W. (2013). The caper package: comparative analysis of phylogenetics and evolution in R. *R package version*, 5(2), 1-36.

Palomo, I. (2017). Climate change impacts on ecosystem services in high mountain areas: a literature review. *Mountain Research and Development*, 37(2), 179-187.

Paradis E, Schliep K (2019). “ape 5.0: an environment for modern phylogenetics and evolutionary analyses in R.” *Bioinformatics*, 35, 526-528. doi:10.1093/bioinformatics/bty633.

Pérez-Harguindeguy, N., Diaz, S., Garnier, E., Lavorel, S., Poorter, H., Jaureguiberry, P., & Cornelissen, J. H. C. (2016). Corrigendum to: New handbook for standardised measurement of plant functional traits worldwide. *Australian Journal of botany*, 64(8), 715-716.

Petchey, O. L., & Gaston, K. J. (2002). Functional diversity (FD), species richness and community composition. *Ecology letters*, 5(3), 402-411.

Posada D. jModelTest: phylogenetic model averaging. *Mol Biol Evol.* 2008 jul;25(7):1253-6. doi: 10.1093/molbev/msn083. Epub 2008 Apr 8. PMID: 18397919.

Qian, H., Hao, Z., & Zhang, J. (2014). Phylogenetic structure and phylogenetic diversity of angiosperm assemblages in forests along an elevational gradient in Changbaishan, China. *Journal of Plant Ecology*, 7(2), 154-165.

R Core Team (2012). R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. ISBN 3-900051-07-0, URL <http://www.R-project.org/>

Rahbek, C. (2005). The role of spatial scale and the perception of large-scale species-richness patterns. *Ecology letters*, 8(2), 224-239.

Revelle William (2024). *psych: Procedures for Psychological, Psychometric, and Personality Research*. Northwestern University, Evanston, Illinois. R package version 2.4.3, <https://CRAN.R-project.org/package=psych>.

Rogers, H. S., Donoso, I., Traveset, A., & Fricke, E. C. (2021). Cascading impacts of seed disperser loss on plant communities and ecosystems. *Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics*, 52, 641-666.

Ronquist F, Teslenko M, van der Mark P, Ayres DL, Darling A, Höhna S, Larget B, Liu L, Suchard MA, Huelsenbeck JP. MrBayes 3.2: efficient Bayesian phylogenetic inference and model choice across a large model space. *Syst Biol.* 2012 May;61(3):539-42. doi: 10.1093/sysbio/sys029. Epub 2012 Feb 22. PMID: 22357727; PMCID: PMC3329765.

Ronquist, F., Huelsenbeck, J., Teslenko, M., & Nylander, J. MrBayes version 3.2 manual: tutorials and model summaries. (2011). Available online: [mrbayes.sourceforge.net/mb3.2\\_manual.pdf](http://mrbayes.sourceforge.net/mb3.2_manual.pdf)

(accessed on 19 October 2018).

Roscher, C., Schumacher, J., Gubsch, M., Lipowsky, A., Weigelt, A., Buchmann, N., & Schulze, E. D. (2012). Using plant functional traits to explain diversity–productivity relationships. *PloS one*, 7(5), e36760.

RStudio Team (2020). RStudio: Integrated Development for R. RStudio, PBC, Boston, MA URL <http://www.rstudio.com/>.

Rueda, A., Orozco, O., Petit, V., Villamizar, J., & Lizarazo, S. (2022). *Código PCA* [Paquete de RStudio]. Disponible en: [https://sthda.com/english/wiki/wiki.php?id\\_contents=7851](https://sthda.com/english/wiki/wiki.php?id_contents=7851).

Salinas-Rodríguez, M. M. (2018). La Sierra Madre Oriental como reservorio de diversidad vegetal. *Ciencia uanl*, vol. 30, p. 04.

Sánchez, C. M. S. (2021). Distribución de la diversidad filogenética de la comunidad vegetal del Cerro el Potosí, Galeana, N. L. a lo largo de un gradiente altitudinal. Tesis de Licenciatura. Universidad Autónoma de Nuevo León.

Sanders, N. J., & Rahbek, C. (2012). The patterns and causes of elevational diversity gradients. *Ecography*, 35(1), 1.

Schliep, K. P. (2011). phangorn: phylogenetic analysis in R. *Bioinformatics*, 27(4), 592–593.

Schmera, D., Erős, T., & Podani, J. (2009). A measure for assessing functional diversity in ecological communities. *Aquatic Ecology*, 43, 157-167.

Seastedt, T. R., & Oldfather, M. F. (2021). Climate change, ecosystem processes and biological diversity responses in high elevation communities. *Climate*, 9(5), 87.

Silva, A. R. D., & Dias, C. T. D. S. (2013). A cophenetic correlation coefficient for Tocher's method. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 48, 589-596.

Srivastava, D. S., Cadotte, M. W., MacDonald, A. A. M., Marushia, R. G., & Mirotchnick, N. (2012). Phylogenetic diversity and the functioning of ecosystems. *Ecology letters*, 15(7), 637-648.

Stanisci, A., Bricca, A., Calabrese, V., Cutini, M., Pauli, H., Steinbauer, K., & Carranza, M. L. (2020). Functional composition and diversity of leaf traits in subalpine versus alpine vegetation in the Apennines. *AoB Plants*, 12(2), plaa004.

- Steinbauer, K., Lamprecht, A., Winkler, M., Di Cecco, V., Fasching, V., Ghosn, D., ... & Pauli, H. (2022). Recent changes in high-mountain plant community functional composition in contrasting climate regimes. *Science of the Total Environment*, 829, 154541.
- Steinbauer, M. J., Field, R., Grytnes, J. A., Trigas, P., Ah-Peng, C., Attorre, F., ... & Beierkuhnlein, C. (2016). Topography-driven isolation, speciation, and a global increase of endemism with elevation. *Global Ecology and Biogeography*, 25(9), 1097-1107.
- Steudel, B., Hallmann, C., Lorenz, M., Abrahameczyk, S., Prinz, K., Herrfurth, C., ... & Kessler, M. (2016). Contrasting biodiversity–ecosystem functioning relationships in phylogenetic and functional diversity. *New Phytologist*, 212(2), 409-420.
- Sundqvist, M. K., Sanders, N. J., & Wardle, D. A. (2013). Community and ecosystem responses to elevational gradients: processes, mechanisms, and insights for global change. *Annual review of ecology, evolution, and systematics*, 44, 261-280.
- Swenson, N. G. (2014). Phylogenetic imputation of plant functional trait databases. *Ecography*, 37(2), 105-110.
- Swenson, N. G., Erickson, D. L., Mi, X., Bourg, N. A., Forero-Montaña, J., Ge, X., ... & Kress, W. J. (2012). Phylogenetic and functional alpha and beta diversity in temperate and tropical tree communities. *Ecology*, 93(sp8), S112-S125.
- Tamura, K., Stecher, G., & Kumar, S. (2021). MEGA11: molecular evolutionary genetics analysis version 11. *Molecular biology and evolution*, 38(7), 3022-3027.
- Tavşanoğlu, Ç., & Pausas, J. G. (2018). A functional trait database for Mediterranean Basin plants. *Scientific Data*, 5(1), 1-18.
- Thakur, D., & Chawla, A. (2019). Functional diversity along elevational gradients in the high altitude vegetation of the western Himalaya. *Biodiversity and Conservation*, 28, 1977-1996.
- Treviño Cuéllar, K. L. (2021). *Genómica del Paisaje para la Identificación de Hotspots Adaptativos en Coníferas de alta Montaña del Noreste de México* (Doctoral dissertation, Universidad Autónoma de Nuevo León).
- Veron, S., Saito, V., Padilla-García, N., Forest, F., & Bertheau, Y. (2019). The use of phylogenetic diversity in conservation biology and community ecology: A common base but different

approaches. *The Quarterly Review of Biology*, 94(2), 123-148.

Villéger, S., Mason, N. W., & Mouillot, D. (2008). New multidimensional functional diversity indices for a multifaceted framework in functional ecology. *Ecology*, 89(8), 2290-2301.

Violle C, Nava M.L, Vile D, Kazakou E, Fortunel C, Hummel I, Garnier E. (2007). Let the concept of trait be functional! *Oikos* 113:882-892.

Walker, B., Kinzig, A., & Langridge, J. (1999). Plant attribute diversity, resilience, and ecosystem function: the nature and significance of dominant and minor species. *Ecosystems*, 2, 95-113.

Walther, G. R., Beißner, S., & Pott, R. (2005). Climate change and high mountain vegetation shifts. *Mountain ecosystems: studies in treeline ecology*, 77-96.

Wang, X., Swenson, N. G., Wiegand, T., Wolf, A., Howe, R., Lin, F., ... & Hao, Z. (2013). Phylogenetic and functional diversity area relationships in two temperate forests. *Ecography*, 36(8), 883-893.

Webb, C. O., Ackerly, D. D., McPeck, M. A., & Donoghue, M. J. (2002). Phylogenies and community ecology. *Annual review of ecology and systematics*, 33(1), 475-505.

Weigelt, P., König, C., & Kreft, H. (2020). GIFT—A global inventory of floras and traits for macroecology and biogeography. *Journal of Biogeography*, 47(1), 16-43.

Wickham H (2016). *ggplot2: Elegant Graphics for Data Analysis*. Springer-Verlag New York. ISBN 978-3-319-24277-4, <https://ggplot2.tidyverse.org>.

Wickham H, François R, Henry L, Müller K, Vaughan D (2023). dplyr: A Grammar of Data Manipulation. R package version 1.1.4, <https://github.com/tidyverse/dplyr>, <https://dplyr.tidyverse.org>.

Xu, M., Ma, L., Jia, Y., & Liu, M. (2017). Integrating the effects of latitude and altitude on the spatial differentiation of plant community diversity in a mountainous ecosystem in China. *PloS one*, 12(3), e0174231.

Zhang, J. T., Li, M., & Nie, E. (2014). Pattern of functional diversity along an altitudinal gradient in the Baihua Mountain Reserve of Beijing, China. *Brazilian Journal of Botany*, 37, 37-45.

Zhang, W., Huang, D., Wang, R., Liu, J., & Du, N. (2016). Altitudinal patterns of species diversity

and phylogenetic diversity across temperate mountain forests of northern China. *PLoS One*, 11(7).

Zhang, W., Miller, P. A., Smith, B., Wania, R., Koenigk, T., & Döscher, R. (2013). Tundra shrubification and tree-line advance amplify arctic climate warming: results from an individual-based dynamic vegetation model. *Environmental Research Letters*, 8(3), 034023.

Zhao, F., Yang, T., Luo, C., Rao, W., Yang, G., Li, G., & Shen, Z. (2022). Comparing elevational patterns of taxonomic, phylogenetic, and functional diversity of woody plants reveal the asymmetry of community assembly mechanisms on a mountain in the Hengduan Mountains Region. *Frontiers in Ecology and Evolution*, 10, 869258.