



UNIVERSIDAD AUTÓNOMA METROPOLITANA  
UNIDAD XOCHIMILCO

DIVISIÓN DE CIENCIAS BIOLÓGICAS Y DE LA SALUD  
DEPARTAMENTO EL HOMBRE Y SU AMBIENTE  
LICENCIATURA EN BIOLOGÍA

INFORME FINAL DE SERVICIO SOCIAL  
ACTIVIDADES RELACIONADAS  
CON LA PROFESIÓN  
PARA OBTENER EL  
TÍTULO DE BIÓLOGO

**Estudio y conservación de la diversidad de árboles nativos en México**

QUE PRESENTA EL ALUMNO:  
**Lucio Renato Hernández Valle**  
CON EL NÚMERO DE MATRÍCULA:  
**2192030187**

ASESOR INTERNO

---

Dr. Facundo Rivera Becerril  
No. Económico: 18775  
Universidad Autónoma Metropolitana Unidad Xochimilco  
Departamento El Hombre y su Ambiente

ASESORA EXTERNA

---

Dra. Alejandra Citlalli Moreno Letelier  
Cédula Profesional: 6415027  
Jardín Botánico, Instituto de Biología,  
Universidad Nacional Autónoma de México

## RESUMEN

La diversidad arbórea del territorio mexicano es considerada una de las más altas e importantes del planeta. Sin embargo, ésta ha sufrido un deterioro paulatino como consecuencia de presiones antrópicas en el medio ambiente. Dichas presiones generan alteraciones irreversibles en la composición y dinámica de las poblaciones y en los ecosistemas en los que habitan, y a su vez amenazan fuertemente distintos servicios ecosistémicos clave para el bienestar y supervivencia de la vida silvestre y las poblaciones humanas. La documentación y descripción de los elementos que conforman los sistemas naturales, la forma en la que están relacionados evolutivamente entre sí y su distribución histórica en el espacio, constituyen herramientas indispensables para el establecimiento de áreas prioritarias para la conservación biológica. El presente proyecto de servicio social se llevó a cabo en el Laboratorio de Biodiversidad y Evolución JB-IBUNAM. El objetivo fue aportar al acervo de información taxonómica, geográfica y ambiental de especies forestales nativas de México, en pos de su conservación y uso sostenible. Se realizaron tres actividades principales dedicadas al apoyo de la generación y comunicación de conocimiento sobre distintas características evolutivas, ecológicas, de distribución y de relevancia en ámbitos de conservación de varias especies de árboles nativos del territorio mexicano. Además, se realizaron actividades complementarias como la organización de muestras botánicas y la creación de materiales de difusión del Laboratorio. La primera actividad consistió en el apoyo en un proyecto de investigación postdoctoral de prospección sobre las diferencias genéticas entre distintas poblaciones de coníferas nativas del territorio mexicano pertenecientes al complejo *Juniperus poblana* - *J. flaccida*. Esta actividad comprendió actividades de colecta en campo, trabajo en base de datos y trabajo de laboratorio en sistemática molecular. Como resultado, se generó una placa del ADN extraído de 110 ejemplares del complejo de estudio. La segunda actividad se enfocó en la planeación e impartición de un recorrido guiado en el 19no Día Nacional de los Jardines Botánicos, además de la creación de un mapa interactivo para la difusión de la diversidad arbórea en el Arboretum del JB-IBUNAM. La tercera actividad consistió en el apoyo a un proyecto PAPIIT en torno a la distribución de cuatro especies nativas del género *Pinus*, subsección *Ponderosae*. Ésta incluyó actividades de herbario, investigación bibliográfica, manejo de bases de datos y procesamiento de información en sistemas de información geográfica. Los resultados derivados de esta actividad fueron 12 mapas de la distribución potencial y actual de las cuatro especies involucradas. El proyecto de servicio social cumplió con los objetivos relacionados con el programa de la Licenciatura en Biología de la UAM-Xochimilco al haber aplicado metodologías propias de las ciencias biológicas para obtener información útil para el conocimiento y conservación de distintas especies arbóreas nativas de México. Además, las actividades realizadas en el marco del proyecto sirvieron como una plataforma de aprendizaje y reflexión para el estudiante sobre las distintas metodologías y perspectivas del quehacer científico, ampliando así las perspectivas del mismo sobre la importancia de la interdisciplina y el valor de la divulgación científica.

## Contenido

<b>1 MARCO INSTITUCIONAL.....</b>	<b>4</b>
<b>2 INTRODUCCIÓN.....</b>	<b>4</b>
<b>3 UBICACIÓN GEOGRÁFICA.....</b>	<b>5</b>
<b>4 OBJETIVOS DEL PROYECTO.....</b>	<b>5</b>
4.1 Objetivo general.....	5
4.2 Objetivos específicos.....	6
<b>5 DESCRIPCIÓN ESPECÍFICA DE LAS ACTIVIDADES DESARROLLADAS.....</b>	<b>6</b>
<b>5.1 Apoyo a un proyecto de investigación postdoctoral de prospección genética del complejo <i>Juniperus poblana</i> - <i>Juniperus flaccida</i>.....</b>	<b>6</b>
5.1.1 Colecta en campo en Puebla y Oaxaca.....	7
5.1.2 Organización de la información de los ejemplares en bases de datos.....	8
5.1.3 Extracción de material genético.....	10
5.1.4 Medición de pureza y concentración del ADN extraído.....	12
<b>5.2 Participación en actividades de difusión sobre la diversidad arbórea en México y en el Arboretum del JB-IBUNAM en el 19no Día Nacional de Los Jardines Botánicos.....</b>	<b>13</b>
5.2.1 Generación de un mapa interactivo del Arboretum JB-IBUNAM.....	14
5.2.2 Recorrido guiado por los árboles más representativos del Arboretum.....	15
<b>5.3 Apoyo a actividades curatoriales y de investigación del IB-UNAM en torno a cuatro especies nativas del género <i>Pinus</i>, subsección <i>Ponderosae</i>.....</b>	<b>15</b>
5.3.1 Trabajo en base de datos y curación de registros.....	16
5.3.2 Obtención de una base de datos con registros anómalos.....	16
5.3.3 Modelado de distribución potencial y generación de mapas de idoneidad ambiental.....	16
5.3.4 Selección de registros y generación de mapas de distribución actual.....	18
<b>5.4 Actividades complementarias.....</b>	<b>19</b>
5.4.1 Organización de muestras de herbario.....	19
5.4.1 Organización de muestras para extracción de material genético.....	19
5.4.2 Creación de un cartel para la convocatoria de tesis emitida por el Laboratorio de Biodiversidad y Evolución.....	20
<b>6 VÍNCULO DE LAS ACTIVIDADES DESARROLLADAS CON LOS OBJETIVOS DE FORMACIÓN DEL PLAN DE ESTUDIOS.....</b>	<b>21</b>
<b>7 APRENDIZAJES OBTENIDOS.....</b>	<b>22</b>
<b>8 REFERENCIAS.....</b>	<b>23</b>

# 1 MARCO INSTITUCIONAL

El proyecto de servicio social expuesto en este reporte se llevó a cabo en el Laboratorio de Biodiversidad y Evolución, perteneciente al Jardín Botánico del Instituto de Biología de la Universidad Nacional Autónoma de México, y fue conformado por actividades como el apoyo en proyectos de investigación científica, la colaboración en la organización de colecciones botánicas y la producción de materiales dirigidos a la difusión del conocimiento científico, entre otras.

La misión del Jardín Botánico, tal cual es expresada en el sitio web de la Institución, es investigar la diversidad vegetal, el manejo y la importancia cultural de la flora mexicana en general y de algunos grupos de plantas en particular, así como promover el uso sostenible y la conservación *in situ* y *ex situ* de dicha flora y difundir su conocimiento a la comunidad científica y a la sociedad en su conjunto.

A su vez, el Laboratorio de Biodiversidad y Evolución tiene como función y misión generar conocimiento sobre la genética de la conservación, filogeografía, especiación y modelación de la distribución potencial de plantas vasculares, en particular sobre grupos de origen Neártico que tienen su centro de diversificación en el territorio mexicano, además de ser el laboratorio encargado del trabajo curatorial del Arboretum del JB-IBUNAM.

Los objetivos del JB, en relación con su compromiso con la sociedad, son los siguientes:

- Descubrir, describir y documentar la biodiversidad, realizando investigación científica sobre su origen y mantenimiento, su composición, distribución e interacciones, y su conservación y aprovechamiento sostenible para el bienestar de la sociedad.
- Utilizar la biota mesoamericana como modelo para comprender los procesos evolutivos asociados al origen y mantenimiento de la biodiversidad, fomentando su conservación y uso sostenible para el bienestar de la sociedad.
- Contribuir con la formación de recursos profesionales de alto nivel, y participar en la comunicación pública del conocimiento, con el propósito de contribuir con la comprensión y conservación de la diversidad biológica.

(IBUNAM, 2024)

## 2 INTRODUCCIÓN

La diversidad arbórea del territorio mexicano es considerada una de las más altas e importantes del planeta; compuesta por una gran cantidad de grupos, además de una sobresaliente cifra de endemismos, la riqueza biológica de México en lo que a árboles respecta es innegable. Entre los factores que confluyen en dicha diversidad se encuentran la accidentada topografía del territorio, su variedad climática y una intrincada historia tanto geológica y biológica como cultural (Neyra González y Durand-Smith, 1998). Desde el siglo pasado, dicha riqueza ha sufrido un deterioro paulatino cada vez más notorio y alarmante como consecuencia de un proceso acelerado de deforestación, del aprovechamiento deficiente de los recursos forestales, del sobrepastoreo y de cambios intensivos de uso del suelo (Villanueva-Díaz *et al.*, 2010).

Diversos estudios han demostrado que dichos procesos que atentan contra la estabilidad de las comunidades arbóreas, sumados a la falta de iniciativas científicas y políticas para la protección de las mismas (resultados a su vez de la falta de información sobre su naturaleza), tienen el potencial de generar alteraciones irreversibles en la composición y dinámica de las poblaciones y los ecosistemas en los que habitan. Estas alteraciones son especialmente graves en especies con menor amplitud ecológica o sobre aquellas que presentan una distribución muy fragmentada, así como sobre las poblaciones relicticas y marginales (Herrans, Copete y Ferrandis, 2009). De la mano de tales alteraciones, se encuentran fuertemente amenazados servicios ecosistémicos clave como la captación de acuíferos, la prevención de inundaciones y deslaves o el mantenimiento de la pureza del agua y el aire (Rzedowski, 2006).

La biología de la conservación tiene como objetivo investigar los efectos de la humanidad sobre la naturaleza, además de buscar aproximaciones prácticas para prevenir la degradación del hábitat y la extinción de especies, restaurar ecosistemas, reintroducir poblaciones y establecer relaciones sustentables entre la sociedad y los ecosistemas (Montenegro, 2009). Los campos de estudio de la sistemática y la biogeografía juegan papeles fundamentales en el contexto de la biología de la conservación. La documentación y descripción de los elementos que conforman los sistemas naturales (taxones), la forma en que están relacionados evolutivamente entre sí y su distribución histórica en el espacio, constituyen herramientas indispensables en el establecimiento de áreas prioritarias para la conservación biológica. Dichas prioridades sólo serán válidas a partir de una ponderación basada en las características propias de los grupos biológicos que existan en dichas áreas. Lo anterior es especialmente relevante en el contexto socioeconómico actual, en el que la limitación de recursos humanos y económicos obliga al trabajo de manejo ambiental a establecer prioridades (Posadas *et al.*, 2011).

El presente informe de conclusión de servicio social detalla actividades de recopilación, divulgación y producción de información relacionada con las relaciones evolutivas, la taxonomía y la distribución de distintas especies de árboles nativos del territorio mexicano. El objetivo del mismo es el de aportar al acervo de información taxonómica, geográfica y ambiental de especies forestales nativas de México, en pos de su conservación y uso sostenible.

### **3 UBICACIÓN GEOGRÁFICA**

Instituto de Biología, Jardín Botánico, Universidad Nacional Autónoma de México, Circuito Zona Deportiva S/N, C.U., Coyoacán, 04510 Ciudad de México.

### **4 OBJETIVOS DEL PROYECTO**

#### **4.1 Objetivo general**

Recopilar información de la diversidad taxonómica, geográfica y ambiental de especies forestales nativas de México y participar en acciones para su conservación.

## 4.2 Objetivos específicos

1. Recabar información sobre la distribución, abundancia, filogenia, fenología, ecofisiología y técnicas de cultivo de especies forestales de importancia biológica, cultural o comercial, nativas de México con enfoque en las especies de la colección de árboles del Jardín Botánico de la UNAM.
2. Realizar actividades de conservación *in situ* de especies forestales en peligro de extinción.
3. Elaborar material didáctico y de difusión sobre la biodiversidad forestal mexicana.

## 5 DESCRIPCIÓN ESPECÍFICA DE LAS ACTIVIDADES DESARROLLADAS

El presente proyecto de servicio social comprende tres actividades principales dedicadas a la investigación y la divulgación científica. Cada una involucró consultas y organización de ejemplares pertenecientes a las colecciones botánicas del Herbario Nacional de México (MEXU) y el Jardín Botánico, salidas de campo, manejo de bases de datos privadas y de acceso público, y procesamiento de información espacial y genética en distintos softwares bioinformáticos y estadísticos. Además de estas tres actividades principales, se realizaron algunas tareas complementarias de complejidad y tiempos de dedicación menores.

Todas las actividades detalladas a continuación giraron en torno al apoyo de la generación y comunicación de conocimiento sobre distintas características evolutivas, ecológicas, de distribución y de relevancia en ámbitos de conservación de distintas especies de árboles nativos del territorio mexicano.

### 5.1 Apoyo a un proyecto de investigación postdoctoral de prospección genética del complejo *Juniperus poblana* - *Juniperus flaccida*

El complejo *Juniperus flaccida* Schltld. - *J. poblana* (Martínez) R.P. Adams (Cupressaceae) está conformado por al menos dos especies de coníferas arbóreas nativas de México pertenecientes al género *Juniperus*. Dichas especies tienen distribuciones amplias, que abarcan territorios desde el sur de Estados Unidos hasta el oriente del estado de Oaxaca, en hábitats como bosques de coníferas, bosques mixtos y bosques tropicales caducifolios, en climas, altitudes y áreas con niveles de perturbación igualmente variados (Zanoni y Adams, 1979). Hasta la década de los 2000, se creía que estos taxones pertenecían a la misma especie (*J. flaccida* var. *flaccida* y *J. flaccida* var. *poblana*) debido a su gran similitud morfológica y coocurrencia de hábitat, entre otros rasgos en común (Adams, 2014).

En el año 2006, Adams *et al.* revelaron mediante análisis de secuenciación RAPD que las tres variedades de *J. flaccida* propuestas por Maximino Martínez en el siglo XX eran polifiléticas, por lo que dichos autores propusieron ascender a cada una de ellas al rango de especie. Como consecuencia de estos resultados, *J. poblana* es considerada en la actualidad como una especie independiente; sin embargo, como se menciona en el mismo

documento, se necesita investigación adicional que continúe aportando el conocimiento de la variación espacial y genética no sólo entre estas especies, sino también entre las poblaciones de las mismas.

Como proyecto de investigación postdoctoral, la Doctora en Ciencias Biomédicas, Helena Socorro Hernández Rosales, junto con la titular del Laboratorio de Biodiversidad y Evolución JB-IBUNAM, Alejandra Citlalli Moreno Letelier, diseñaron un proyecto de prospección sobre las diferencias genéticas entre distintas poblaciones de las especies mencionadas anteriormente titulado “Dilucidando la historia evolutiva de *Juniperus flaccida*, *J. poblana* y *J. magnifica* a partir de datos obtenidos mediante secuenciación de nueva generación”.

El objetivo de dicho proyecto en curso es el de estudiar la diversidad genómica y los patrones filogeográficos de las poblaciones de *J. flaccida*, *J. poblana* y *J. magnifica*, utilizando marcadores obtenidos mediante secuenciación de nueva generación para comprender con mayor claridad las interacciones genéticas y evolutivas de este complejo de especies.

La metodología de dicho proyecto está conformada por procesos de obtención de ejemplares, extracción, secuenciación genética e interpretación de las secuencias, a través de los cuales se espera generar información concluyente sobre el nivel de relación filogenética que existe entre los taxones que conforman el complejo.

A continuación se exponen a grandes rasgos las fases metodológicas del proyecto cumplidas hasta el momento.

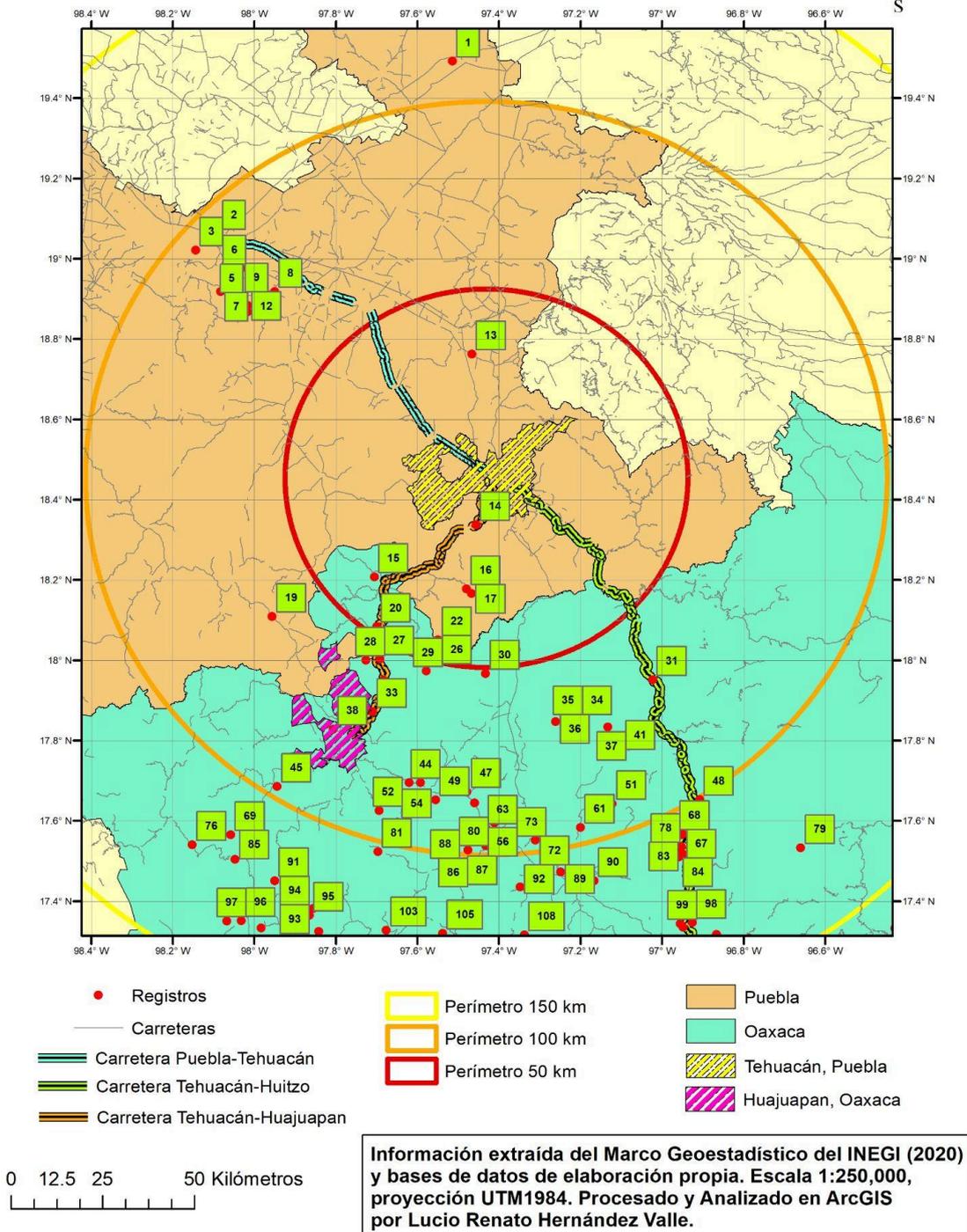
### **5.1.1 Colecta en campo en Puebla y Oaxaca**

A partir de una revisión en una base de datos sobre la ubicación y descripción de los sitios donde se han colectado muestras de individuos de las especies *J. flaccida* y *J. poblana* en México, se seleccionaron y depuraron registros, con criterios como la fiabilidad y facilidad de acceso a los sitios descritos en cada entrada de la base de datos. A partir de la base resultante, se realizaron mapas en distintos formatos que fueron útiles en la planeación de la ruta y el encuentro de los individuos a muestrear en una salida a campo en los estados de Puebla y Oaxaca.

Uno de los mapas generados en el sistema de información geográfica ArcGIS fue editado, exportado e impreso con el objetivo de contar con una guía física útil a la hora de planear rutas óptimas en la salida a campo y ayudar con la orientación en sitios sin servicio de internet (Figura 1). Junto al mapa, se llevó a campo una base de datos de referencia con la información completa de los registros expuestos en el mismo.

Una vez realizados los preparativos, en los días 26, 27 y 28 de enero de 2024 se realizaron colectas de tejidos foliares de distintos ejemplares de *J. poblana* en cinco localidades ubicadas en los municipios de Puebla de Zaragoza y Cuautinchán en el estado de Puebla, y Miltepec y Tequixtepec en Oaxaca.

**Zona de Estudio: Trabajo de campo  
26-28/01/2024 en Puebla y Oaxaca.  
Laboratorio de Biodiversidad y Evolución, IB-UNAM**



**Figura 1. Mapa de apoyo en campo para la colecta de *Juniperus poblana* en Puebla y Oaxaca.**

**5.1.2 Organización de la información de los ejemplares en bases de datos**

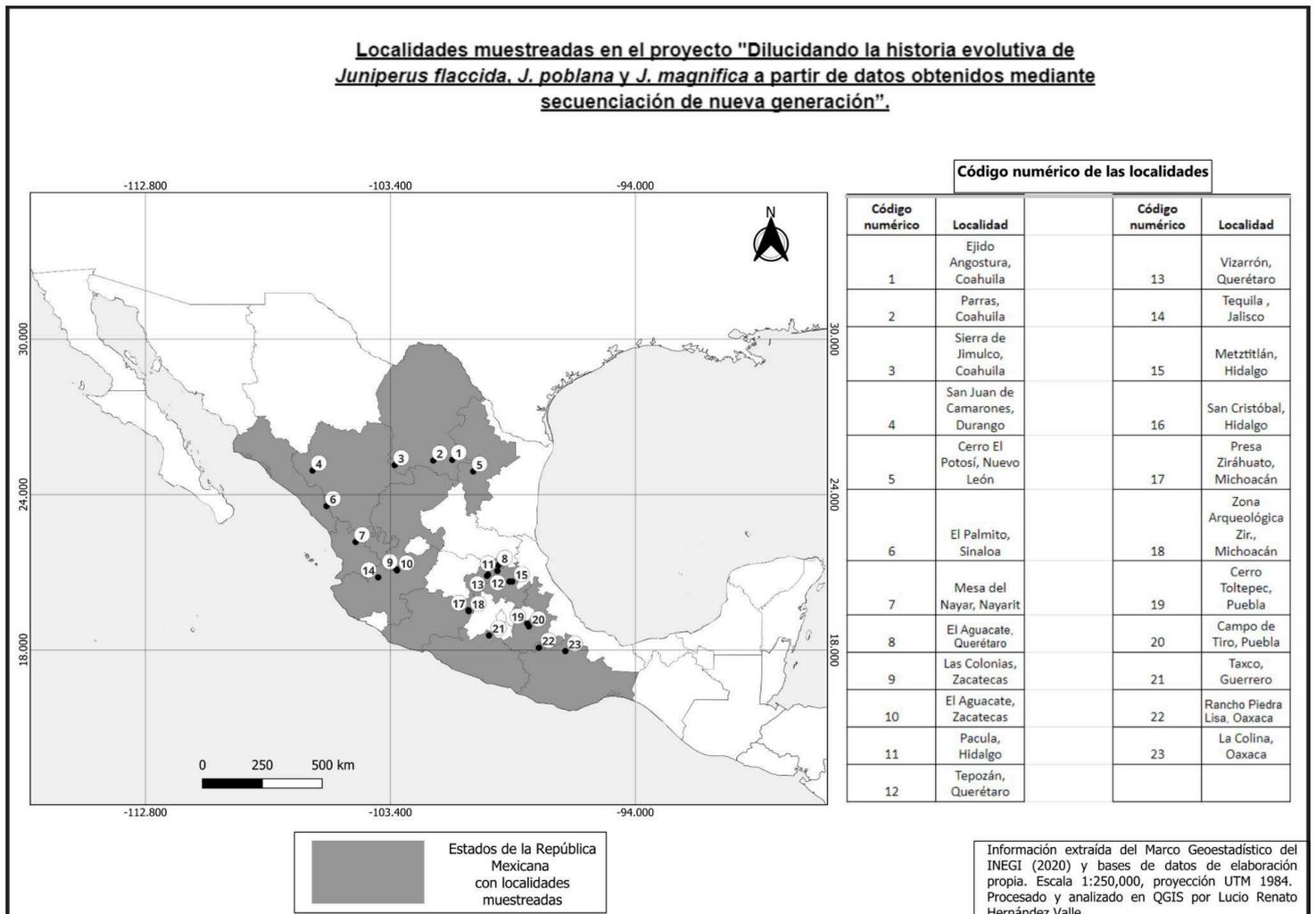
Con el objetivo de generar un acervo representativo de la diversidad genética de los taxones involucrados en el estudio, se realizaron esfuerzos para complementar los

ejemplares previamente obtenidos con los correspondientes a localidades diferentes del país. Dicho objetivo fue logrado gracias a distintas donaciones de parte de colegas de otros laboratorios e instituciones nacionales. A su vez, toda la información espacial y de colecta correspondiente a las nuevas adquisiciones fue documentada en forma de una base de datos. En total, se lograron reunir 135 ejemplares pertenecientes a 23 localidades, las cuales representan 13 estados de la República Mexicana (Tabla 1; Figura 2).

**Tabla 1. Información espacial de los individuos muestreados.**

Especie	Estado	Municipio	Localidad	Número de individuos por localidad
<i>Juniperus flaccida</i> Schltl.	Coahuila	Parras	Parras	1
<i>Juniperus flaccida</i> Schltl.	Coahuila	Torreón	Sierra de Jimulco	1
<i>Juniperus flaccida</i> Schltl.	Coahuila	Saltillo	Ejido Angostura	3
<i>Juniperus flaccida</i> Schltl.	Durango	Santiago Papasquiaro	San Juan de Camarones	1
<i>Juniperus poblana</i> (Martínez) R.P. Adams	Guerrero	Taxco	Taxco	9
<i>Juniperus flaccida</i> Schltl.	Hidalgo	Metztitlán	Metztitlán	11
<i>Juniperus flaccida</i> Schltl.	Hidalgo	Pacula	Pacula	4
<i>Juniperus flaccida</i> Schltl.	Hidalgo	San Cristóbal	San Cristóbal	5
<i>Juniperus poblana</i> (Martínez) R.P. Adams	Jalisco	Tequila	Tequila	7
<i>Juniperus poblana</i> (Martínez) R.P. Adams	Michoacán	Ziráhuato	Presa Ziráhuato	6
<i>Juniperus poblana</i> (Martínez) R.P. Adams	Michoacán	Ziráhuato	Zona Arqueológica	8
<i>Juniperus</i> spp.	Nayarit	Del Nayar	Mesa del Nayar	1
<i>Juniperus flaccida</i> Schltl.	Nuevo León	Galeana	Cerro El Potosí 1	11
<i>Juniperus poblana</i> (Martínez) R.P. Adams	Oaxaca	Santiago Miltepec	La Colina	10
<i>Juniperus poblana</i> (Martínez) R.P. Adams	Oaxaca	San Pedro y San Pablo Tequixtepec	Rancho Piedra Lisa	13
<i>Juniperus poblana</i> (Martínez) R.P. Adams	Puebla	Cuatinchán	Campo de Tiro	12
<i>Juniperus poblana</i> (Martínez) R.P. Adams	Puebla	Puebla	Cerro Toltepec	9
<i>Juniperus flaccida</i> Schltl.	Querétaro	Cadereyta de Montes	Tepozán	5
<i>Juniperus flaccida</i>	Querétaro	Cadereyta de Montes	Vizarrón	8

Schltdl.				
<i>Juniperus flaccida</i> Schltdl.	Querétaro	Landa de Matamoros	El Aguacate	6
<i>Juniperus poblana</i> (Martínez) R.P. Adams	Sinaloa	Concordia	El Palmito	2
<i>Juniperus poblana</i> (Martínez) R.P. Adams	Zacatecas	Moyahua de Estrada	Las Colonias	1
<i>Juniperus flaccida</i>	Zacatecas	Moyahua de Estrada	El Aguacate	1



**Figura 2. Mapa de las localidades muestreadas en el proyecto "Dilucidando la historia evolutiva de *Juniperus flaccida*, *J. poblana* y *J. magnifica* a partir de datos obtenidos mediante secuenciación de nueva generación".**

### 5.1.3 Extracción de material genético

Para la extracción de material genético de los tejidos de *J. flaccida* y *J. poblana*, se eligieron 110 ejemplares de los 135 obtenidos en el proceso anterior, representando de esta forma la totalidad de las localidades involucradas en el estudio (Tabla 1). Se tomaron submuestras de tejidos de 0.05 g de cada una de ellas (Figura 3).

El proceso de extracción se realizó en el Laboratorio de Sistemática Molecular Vegetal del Instituto de Biología de la UNAM, a cargo de la técnico del Laboratorio, la Dra. Lidia Irene Cabrera Martínez (Figura 4). La metodología se aplicó con base en el protocolo de extracción de ADN de plantas “Mini-Prep”, modificado por Vázquez Lobo (1996) para plantas con polifenoles y polisacáridos. La metodología se compone de 14 pasos consecutivos que involucran el uso de distintos equipos de laboratorio especializados y seis reactivos químicos (Figuras 5 y 6).

El objetivo del procedimiento fue el de romper las paredes celulares de las hojas, para así extraer el ADN que se ubica en el núcleo celular. El uso del protocolo de Vázquez-Lobo (1996) en lugar de otros, se debió a que los tejidos foliares de los juníferos, al igual que los de la gran mayoría de las coníferas, presentan paredes celulares gruesas y compuestos químicos que pueden afectar la lectura de las concentraciones de ADN y degradarlo. El proceso de extracciones abarcó un período de tres meses, en los cuales se dieron repeticiones de algunas de ellas no satisfactorias, así como modificaciones al protocolo para acoplarlo lo mejor posible a las particularidades de las especies en estudio.



Figura 3. Elección y peso de submuestras de 0.05 g para extracción.

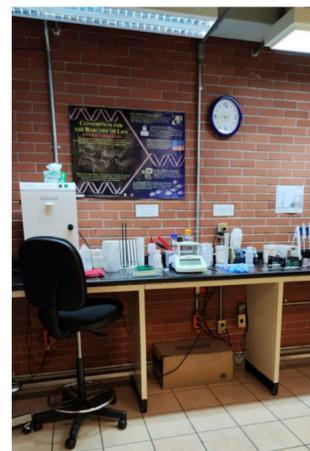


Figura 4. Laboratorio de Sistemática Molecular Vegetal IB-UNAM.

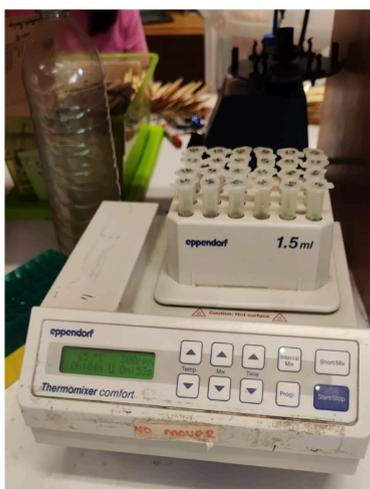


Figura 5. Incubación de 24 muestras a 65°C por 15 min en un Thermomixer Eppendorf.

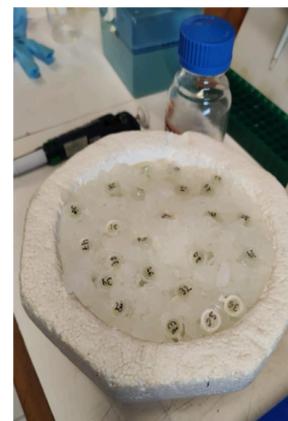


Figura 6. Colocación de 24 muestras en hielo por 15 min.

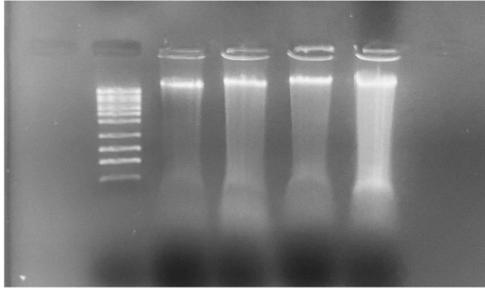
#### **5.1.4 Medición de pureza y concentración del ADN extraído**

La siguiente fase del proyecto consistió en la aplicación de protocolos dirigidos a la determinación de la calidad y la cuantificación de la concentración del ADN en las 110 muestras extraídas, de acuerdo con los estándares señalados por el laboratorio al que serán enviadas posteriormente para su secuenciación. El primer método consistió en someter las muestras a una electroforesis en gel de agarosa para determinar su pureza (Figura 7). De acuerdo con Fierro-Fierro (2014), la electroforesis en geles de agarosa o poliacrilamida es útil a la hora de separar fragmentos de ácidos nucleicos en función de su tamaño y visualizarlos mediante una tinción simple para determinar el contenido de ADN y ARN en una muestra, lo que muestra una aproximación de su concentración e integridad.

Una vez procesado y analizado el gel, se aplicaron dos métodos para medir la concentración del material genético en las muestras, para conocer qué proporción del material extraído es ADN y qué proporción corresponde a otros compuestos contaminantes y ARN. El primer método fue el realizado con el equipo "Thermo Scientific Nanodrop", el cual es un espectrofotómetro compacto utilizado para el análisis de micro volúmenes de ácidos nucleicos y una gran variedad de proteínas (Thermo Fisher Scientific, 2024). Este funciona de forma dependiente de una computadora con el software propio, y genera tablas con valores como la concentración de ácidos nucleicos y contaminación con ARN, sales e hidratos de carbono. El uso de Nanodrop es útil para generar un primer acercamiento a las concentraciones de las moléculas portadoras de información genética gracias a su accesibilidad y nula necesidad de preparación de las muestras, pero se ve limitado por su baja capacidad para hacer una diferenciación confiable entre ARN y ADN (Thermo Fisher Scientific, 2024) (Figura 8).

El segundo método se realizó con el equipo "QuBit", el cual otorga una mayor precisión que el Nanodrop a la hora de cuantificar la proporción de material genético en una muestra, aunque, requiere de un proceso de preparación de las muestras en relación al Nanodrop. Qubit trabaja en forma independiente, sin necesidad de una computadora, y funciona al detectar fluorocromos fluorescentes que se unen de forma específica al ADN de doble cadena, por lo que la principal limitante del Nanodrop queda cubierta, y se generan mediciones más precisas y confiables (Thermo Fisher Scientific, 2024) (Figura 9).

Hasta el momento, se siguen realizando preparativos para enviar las muestras al laboratorio externo de secuenciación, por lo que la participación del responsable del presente proyecto de servicio social en esta investigación termina con la medición de las concentraciones de ADN.



**Figura 7. Resultado del proceso de gel para la medición de pureza de las muestras.**



**Figura 8. Espectrofotómetro NanoDrop (extraída del sitio oficial de ThermoFisher Scientific).**



**Figura 9. Espectrofotómetro Qubit (extraída del sitio oficial de ThermoFisher Scientific).**

## **5.2 Participación en actividades de difusión sobre la diversidad arbórea en México y en el Arboretum del JB-IBUNAM en el 19no Día Nacional de Los Jardines Botánicos**

El día sábado 20 de abril de 2024 se celebró el 19no Día Nacional de los Jardines Botánicos en México. Conforme a la tradición, se realizó un evento en el Jardín Botánico del IBUNAM que constó de diversas actividades abiertas al público, como talleres, pláticas y recorridos relacionados con la temática de este año: el papel de los jardines botánicos como espacios para la enseñanza de la resiliencia y la biodiversidad. En esta celebración, dos actividades relacionadas con la difusión científica fueron asignadas al responsable del presente proyecto de servicio social en torno al Arboretum del Jardín Botánico: la generación de un mapa interactivo del mismo y la impartición de un recorrido guiado a los visitantes del evento.

El Arboretum del JB-IBUNAM es una colección viva de especies de árboles nativos del territorio mexicano, cuyas funciones son exponer, difundir y aportar al conocimiento científico de la diversidad arbórea de México. Dicha colección está dividida en dos secciones: el Arboretum 1, donde la gran mayoría de las especies expuestas son nativas de ecosistemas templados, principalmente coníferas y latifoliadas; en tanto, en el Arboretum 2

se encuentran especies pertenecientes a climas más cálidos y de menor altitud, como encinos de bosques mesófilos y selvas secas, leguminosas y plantas frutales nativas. En total, se estima que sumando los individuos presentes en ambas secciones, la colección se conforma de alrededor de 50 especies pertenecientes a 14 familias. Del mismo modo, la suma de las áreas de ambas secciones es de 11,213 m<sup>2</sup> (IB-UNAM, 2024) (Figura 10).

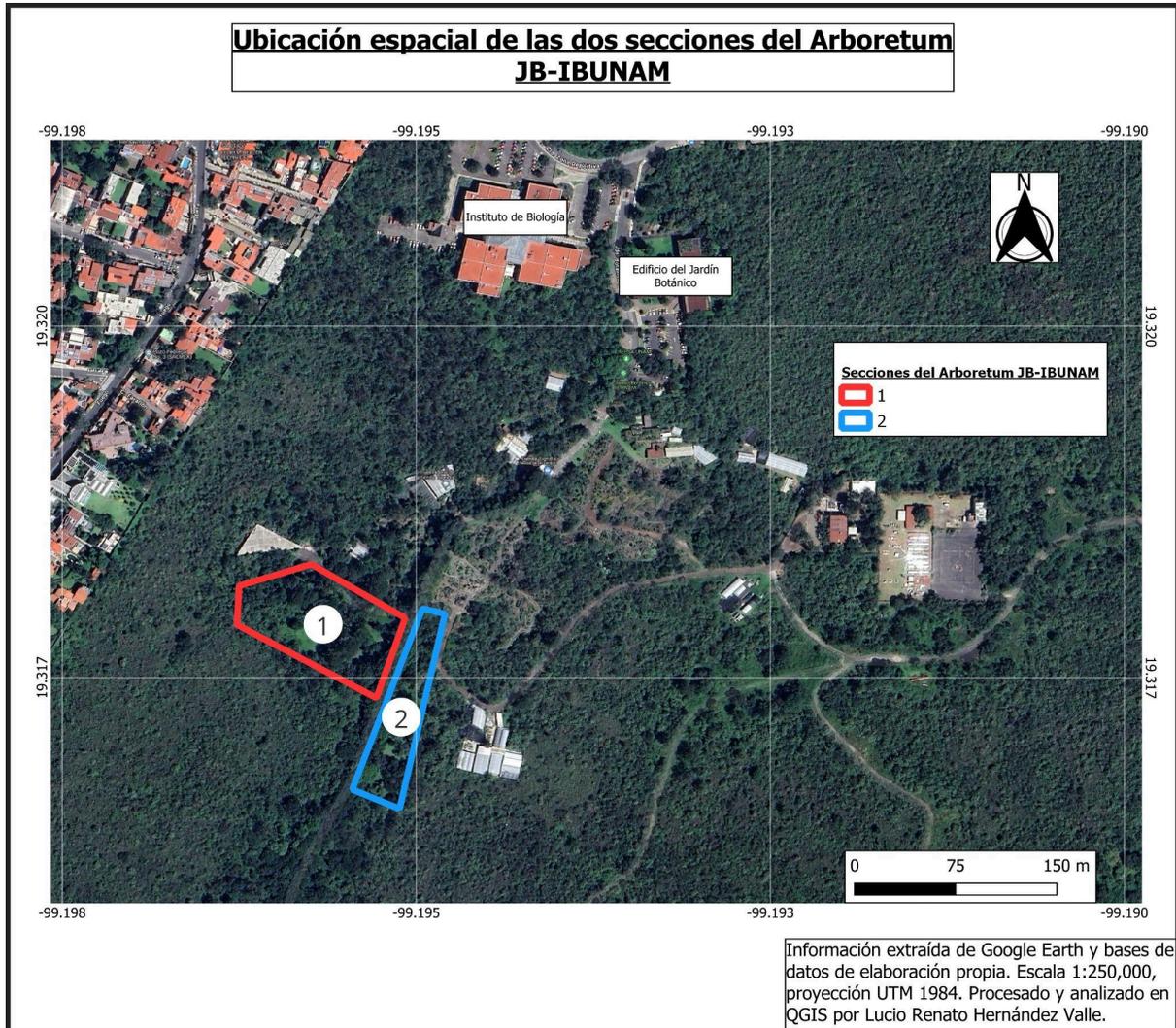


Figura 10. Ubicación espacial del Arboretum JB-IBUNAM.

### 5.2.1 Generación de un mapa interactivo del Arboretum JB-IBUNAM

Con el objetivo de generar un recurso de apoyo para el recorrido, se realizó un mapa interactivo en la plataforma Google My Maps con imágenes y registros geolocalizados de los ejemplares ubicados en las dos secciones del Arboretum y en el sendero principal del Jardín Botánico. La elaboración de dicho mapa constó de dos procesos principales:

- 1) La identificación, fotografía y georreferenciación de los árboles más representativos en las dos secciones del Arboretum y en el sendero principal del JB, apoyadas en la consulta con la asesora externa del proyecto e investigación documental.
- 2) La creación de un mapa en la plataforma My Maps de Google con las ubicaciones, fotografías, descripción de hábitats, nombres comunes y usos de cada una de las especies.

El resultado final fue convertido en un código QR e impreso para su posterior exposición en distintas partes del JB (Figura 11).

El enlace para acceder al mapa en la plataforma Google Maps es el siguiente: <https://www.google.com/maps/d/u/0/edit?hl=es-19&mid=1uhxZ4yaU7r2Fv357qcLGhjr0U98iSGo&ll=19.31797003287844%2C-99.19456315&z=148>

### 5.2.2 Recorrido guiado por los árboles más representativos del Arboretum

El día 20 de abril de 2024 se realizaron dos recorridos guiados en horarios distintos por la colección de árboles del Jardín Botánico. Estos fueron impartidos por el responsable del presente proyecto de servicio social, acompañado por el biólogo Rodrigo Martínez de León, doctorante en Ciencias Biológicas adscrito al Laboratorio de Biodiversidad y Evolución. En dichos recorridos, se hizo uso del material interactivo generado con anterioridad para ahondar en temas relevantes sobre los distintos roles ecológicos que cumplen los árboles de nuestro país, así como en la forma en que la diversidad arbórea aporta a la estabilidad y resistencia a las perturbaciones de los ecosistemas naturales y antrópicos (Figura 12).

Mapa del Arboretum del  
Jardín Botánico IB-UNAM



Aquí puedes encontrar información sobre las especies más representativas de la colección viva de árboles del Jardín Botánico.

Figura 11. Código QR del mapa del Arboretum JB-IBUNAM.



Figura 12. Fotografía del recorrido por los árboles del JB-IBUNAM.

### 5.3 Apoyo a actividades curatoriales y de investigación del IB-UNAM en torno a cuatro especies nativas del género *Pinus*, subsección *Ponderosae*

La actividad que cubre el presente punto se formuló para sustituir uno de los objetivos principales proyectados en el protocolo de este proyecto, enfocado en tareas relacionadas con la conservación *in situ* de un ejemplar de la especie forestal amenazada *Quercus brandegeei*. Dicho objetivo se vio frustrado debido al extravío de las semillas de la especie, mismas que llegaron durante el período vacacional invernal del presente año, pero fue imposible ubicarlas, por lo que se optó por reemplazar tal actividad por el apoyo a un proyecto PAPIIT (Programa de Apoyo a Proyectos de Investigación Tecnológica) a cargo del

doctor David Sebastian Gernandt, investigador especialista en sistemática molecular de coníferas adscrito al Departamento de Botánica del Instituto de Biología de la UNAM.

El proyecto de investigación al que se dirigió la aportación de esta actividad se titula “Sistemática molecular de *Pinus* sección *Trifoliae* con base en datos multilocus”. Las tareas asignadas al responsable del presente proyecto consistieron en el manejo de información espacial y en la elaboración de mapas de la distribución actual de cuatro especies de pinos duros mexicanos (género *Pinus*, subg. *Pinus*, sect. *Trifoliae*, subsect. *Ponderosae*): *Pinus devoniana*, *P. hartwegii*, *P. montezumae* y *P. pseudostrobus* (Farjon *et al.*, 1997). Las tareas comprendieron distintos procesos desarrollados con los softwares R, Google Sheets, QGIS y ArcGIS. Las metodologías generales para llevarlas a cabo fueron las siguientes:

### **5.3.1 Trabajo en base de datos y curación de registros**

A partir de los inventarios globales de las cuatro especies de pinos, obtenidos del repositorio abierto GBIF.org (Global Biodiversity Information Facility), se realizaron diversos procesos en R y QGIS. Estos tuvieron como objetivo crear una base de datos con registros georreferenciados de ejemplares de herbario ubicados en los países que Farjon y Styles (1997) definieron como el rango de distribución natural de cada especie. La lista de registros generada fue utilizada como punto de partida en las fases posteriores.

### **5.3.2 Obtención de una base de datos con registros anómalos**

A partir de la base generada anteriormente, y su tratamiento a través de distintos procesos en R, QGIS y ArcGIS, se obtuvo una base de datos de aproximadamente 20 ejemplares de herbario accesibles de cada una de las especies, que por discrepancia en sus ubicaciones altitudinales o regionales, no se encuentran dentro de los rangos tradicionalmente aceptados para dichas especies. Estos registros, al ser accesibles en repositorios en línea o en el propio Herbario Nacional (MEXU, IBUNAM), tienen distintas utilidades dependiendo de la naturaleza de su discrepancia: si los registros realmente corresponden a las especies que refieren, es decir, su morfología coincide con la aceptada y no corresponden a ejemplares sembrados, son potencialmente útiles para la expansión de los rangos de distribución propuestos por Farjon y Styles (1997). Por otro lado, en el caso de ser errores de registro, dicha base de datos tiene la capacidad de apoyar al refinamiento y confiabilidad de los distintos repositorios para la consulta científica en los casos de las cuatro especies.

### **5.3.3 Modelado de distribución potencial y generación de mapas de idoneidad ambiental**

En esta fase del proceso, se utilizaron los registros georreferenciados de herbario para generar modelos de distribución potencial de cada una de las especies. Los softwares empleados para llegar a dichos modelos y exponer gráficamente la información contenida en ellos en forma de mapas fueron RStudio, Wallace EcoMod y QGIS.

Los modelos de distribución potencial, también llamados modelos de nicho ecológico, pueden definirse como el producto de herramientas informáticas especializadas que tienen la capacidad de relacionar registros georreferenciados de presencia de los taxones, su abundancia o información sobre su biomasa con variables ambientales seleccionadas. Estas variables abarcan datos climáticos, de cobertura vegetal, edafológicos, de uso de suelo o de niveles de perturbación ambiental, entre otras. Estas herramientas metodológicas son capaces de indicar el nivel de idoneidad ambiental para un taxón en un espacio multidimensional, compuesto por muchas de las variables ambientales que confluyen en su desarrollo (Thuiller, 2024).

Wallace EcoMod es un software modular libre basado en R (Librería Shiny) que permite la modelación reproducible de nichos climáticos y la expresión de estos en el espacio geográfico (mapas de distribución potencial). Desarrollado por el equipo de los especialistas en macroecología Jamie M. Kass y Gonzalo E. Pinilla-Buitrago (2018), Wallace es un software que pretende abordar procedimientos complejos de modelación multidimensional del nicho ecológico en una forma accesible y reproducible. Wallace es una plataforma abierta con su código y permite saber con exactitud los procedimientos que corren tras su interfaz gráfica.

Utilizando el algoritmo Maxent en el software Wallace Ecomod, fue posible elegir entre distintos modelos de distribución potencial de las especies involucradas en el proyecto, tomando en cuenta las particularidades de cada una de estas. Las capas raster representativas de los modelos elegidos fueron procesadas en QGIS y expuestas gráficamente. Así, se obtuvo una representación visual del gradiente de idoneidad ambiental que existe en el espacio con relación al desarrollo de las cuatro especies de pinos (Figuras 13, 14, 15 y 16). Toda la información utilizada para la elaboración de los mapas fue extraída del Marco Geoestadístico de INEGI (2020), Wallace Ecomod y bases de datos de elaboración propia. Escala 1:250,000, proyección UTM 1984.

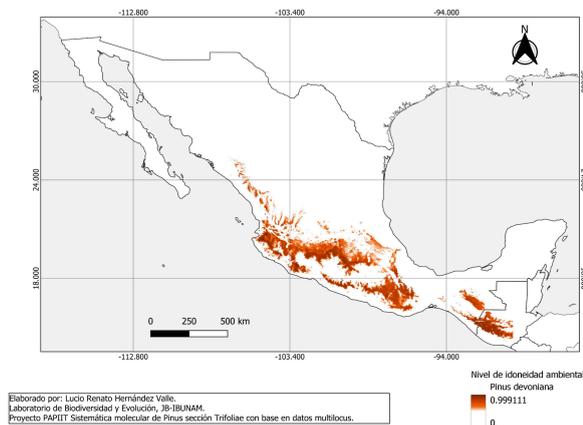


Figura 13. Mapa de idoneidad ambiental para *Pinus devoniana*.

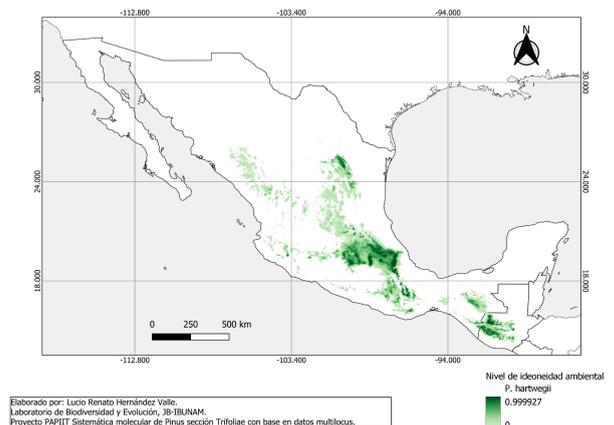


Figura 14. Mapa de idoneidad ambiental para *Pinus hartwegii*.

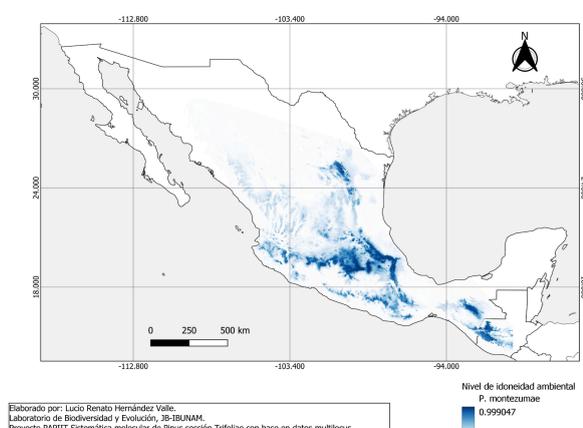


Figura 15. Mapa de idoneidad ambiental para *Pinus montezumae*.

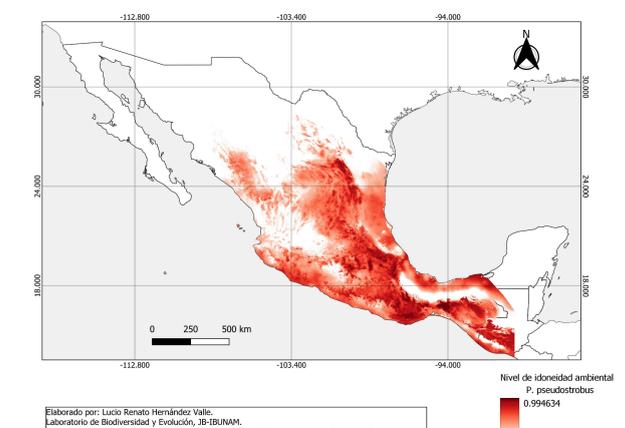
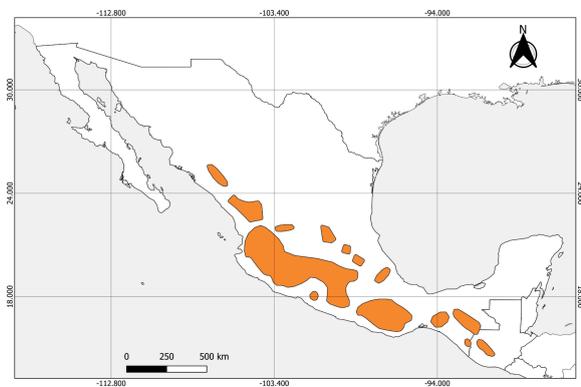


Figura 16. Mapa de idoneidad ambiental para *Pinus pseudostrobus*.

### 5.3.4 Selección de registros y generación de mapas de distribución actual

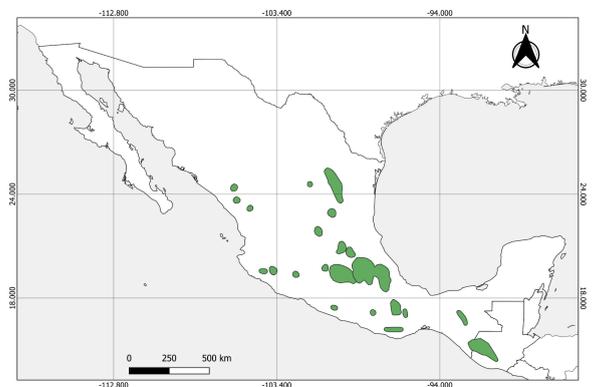
Utilizando las bases de datos y los mapas de idoneidad ambiental, se llevó a cabo un proceso de extracción en R que mostró la idoneidad ambiental de cada uno de los registros originales en forma de una proporción. Una vez obtenida la proporción de idoneidad de cada registro, se depuraron los 50 menores en cada caso, y los registros restantes se tomaron como una muestra representativa de la distribución actual de cada una de las cuatro especies.

Posteriormente, después de agrupar dichos registros con base en la distancia geográfica existente entre ellos, se generaron polígonos que fueron representados gráficamente como el producto final de la tarea (Figuras 17, 18, 19 y 20). Toda la información utilizada para la elaboración de los mapas fue extraída del Marco Geoestadístico del INEGI (2020), Wallace Ecomod y bases de datos de elaboración propia. Escala 1:250,000, proyección UTM 1984. Por último, se creó una carpeta comprimida con la totalidad de los productos de la actividad, y se enviaron al investigador responsable del proyecto PAPIIT.



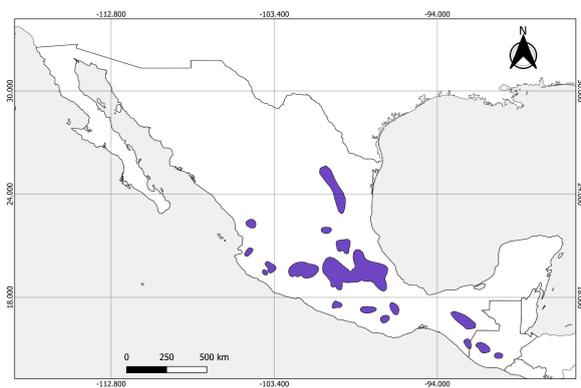
Elaborado por: Lucio Renato Hernández Valle,  
Laboratorio de Biodiversidad y Evolución, IB-IBUNAM,  
Proyecto PAPIIT Sistemática molecular de Pinus sección Trifoliae con base en datos multilocus.

Figura 17. Mapa de distribución actual de *Pinus devoniana*.



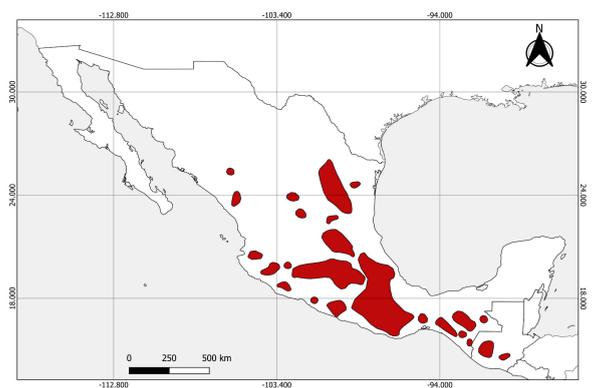
Elaborado por: Lucio Renato Hernández Valle,  
Laboratorio de Biodiversidad y Evolución, IB-IBUNAM,  
Proyecto PAPIIT Sistemática molecular de Pinus sección Trifoliae con base en datos multilocus.

Figura 18. Mapa de distribución actual de *Pinus hartwegii*.



Elaborado por: Lucio Renato Hernández Valle,  
Laboratorio de Biodiversidad y Evolución, IB-IBUNAM,  
Proyecto PAPIIT Sistemática molecular de Pinus sección Trifoliae con base en datos multilocus.

Figura 19. Mapa de distribución actual de *Pinus montezumae*.



Elaborado por: Lucio Renato Hernández Valle,  
Laboratorio de Biodiversidad y Evolución, IB-IBUNAM,  
Proyecto PAPIIT Sistemática molecular de Pinus sección Trifoliae con base en datos multilocus.

Figura 20. Mapa de distribución actual de *Pinus pseudostrobus*.

## 5.4 Actividades complementarias

En forma paralela a las tres actividades principales detalladas anteriormente, se llevaron a cabo tareas de menor duración que también apoyaron actividades de investigación y de difusión del Laboratorio de Biodiversidad y Evolución.

### 5.4.1 Organización de muestras de herbario

La primera actividad que se llevó a cabo, recién iniciado el proyecto de servicio social, fue la organización de muestras de herbario colectadas en distintas salidas a campo, que se tenían como pendiente organizar tiempo atrás, además de las colectadas durante la salida a campo a Puebla y Oaxaca detallada en el punto 5.1.1. Por la naturaleza de este tipo de muestras, no fue requerida su refrigeración u otro tratamiento particular más que ser colocadas en seco en prensas con etiquetas detallando la localidad de procedencia.

Conforme al protocolo de salidas de campo de la UNAM, la aportación de ejemplares de herbario es un requisito de la Universidad a los investigadores en cada salida a campo y se destinan a su almacenaje en el Herbario Nacional del Instituto de Biología (Figuras 21, 22 y 23).



Figura 21. Ejemplo de una prensa para muestras de herbario.



Figura 22. Ejemplar de herbario de *Capsicum* sp. organizado.



Figura 23. Ejemplar del Herbario Nacional correctamente etiquetado y almacenado.

### 5.4.1 Organización de muestras para extracción de material genético

Las muestras dedicadas a la extracción de material genético son elementos de gran importancia en las investigaciones de análisis de la biodiversidad florística que se realizan en el Laboratorio de Biodiversidad y Evolución del Jardín Botánico. Estas muestras se almacenan en congeladores especializados con el objetivo de preservar el material genético en la medida de lo posible.

Una de las tareas que se realizó a este respecto, fue una reorganización del refrigerador perteneciente al Laboratorio, acompañado del reemplazo de algunos paquetes o etiquetas que se encontraban deteriorados. Dicha organización se hizo agrupando las muestras por grupo biológico, por lo que se procuró juntar los ejemplares por familia (Agavaceae, Cupressaceae y Pinaceae principalmente), todos en paquetes con etiquetas visibles para facilitar el acceso a las muestras cuando se requieran (Figuras 24 y 25). Sumado a lo anterior, las tareas del manejo de muestras estuvieron acompañadas del registro y digitalización de la información correspondiente al sitio, fecha y demás datos de colecta de algunas de ellas.



**Figura 24. Procedimiento de reemplazo de paquete de las muestras para extracción de material genético.**



**Figura 25. Congelador del Laboratorio de Biodiversidad y Evolución reorganizado.**

#### **5.4.2 Creación de un cartel para la convocatoria de tesis emitida por el Laboratorio de Biodiversidad y Evolución**

La última tarea complementaria en ser asignada al responsable del proyecto de servicio social consistió en la generación de un cartel de promoción y convocatoria dirigida a potenciales tesis de licenciatura y posgrado con intereses afines a los temas abordados en el Laboratorio de Biodiversidad y Evolución. Este fue generado en el software en línea Canva (Figura 26).



Figura 26. Cartel para la convocatoria de tesis.

## 6 VÍNCULO DE LAS ACTIVIDADES DESARROLLADAS CON LOS OBJETIVOS DE FORMACIÓN DEL PLAN DE ESTUDIOS

En general, tanto los objetivos del plan general, como los de los módulos individuales de la Licenciatura en Biología en la UAM-Xochimilco giran en torno a la enseñanza, uso y aplicación de las metodologías propias de las Ciencias Biológicas, con objetivos relacionados al aprovechamiento y manejo de los recursos naturales renovables, en un contexto de sostenibilidad, conservación y trabajo multidisciplinario. Las actividades de producción de conocimiento en forma de proyectos de investigación prospectiva, así como de difusión y divulgación de la ciencia, se relacionan con el perfil del biólogo de la UAM-Xochimilco de distintas formas.

La generación de información sobre los ecosistemas en el contexto del territorio mexicano, es crucial a la hora de generar políticas públicas que pretendan detener o amortiguar los impactos del cambio global que se vive en la actualidad y que atenta contra las comunidades bióticas nativas y las poblaciones humanas que dependen de ellas. En específico, los árboles cumplen roles fundamentales en los complejos entramados ecológicos conocidos comúnmente como servicios ambientales (Neyra-González y Peña-Jiménez, 1998). La información que se genera sobre la diversidad dentro de los grupos biológicos de árboles tiene el potencial de dar certeza a las medidas que se toman para conservar las especies que los conforman y los servicios y funciones que cumplen en sus hábitats nativos, así como las formas de aprovecharlas en forma sostenible (Posadas *et al.*, 2011). De esta forma, se puede entender claramente cómo las metodologías de las ciencias biológicas pueden generar información útil en la toma de decisiones encaminadas al desarrollo sostenible de los territorios, los grupos humanos que los habitan y la diversidad biótica que existe en ellos.

Por otro lado, la divulgación científica, al ser una labor de explicación y difusión de los conocimientos, la cultura y el pensamiento científico y técnico desde la comunidad científica hacia el resto del mundo, tiene relación no sólo con los principios sustantivos del plan de estudios de la carrera, sino con la visión de la UAM en general. Ésta tiene la capacidad y el interés de promover la curiosidad y el pensamiento crítico del público en general sobre cuestiones de gran relevancia en el contexto de la política global y los cambios científico-tecnológicos que rigen gran parte de la vida diaria de la sociedad moderna. Actividades de esta índole hacen cumplir el compromiso ético del estudiante de ciencia en la universidad pública, al contribuir al fortalecimiento de una cultura científica cohesiva y en la comunicación de datos científicos de calidad de una forma digerible y comprensible, teniendo como resultado ideal la apropiación ciudadana de la ciencia (Estrada, 1992).

## **7 APRENDIZAJES OBTENIDOS**

A lo largo del periodo de seis meses que abarcó el proyecto de servicio social, pude reforzar y expandir de gran manera mis conocimientos sobre taxonomía, geografía y cartografía. Además, adquirí conocimientos nuevos sobre biología molecular, bioinformática y programación. A pesar de que no formó parte de mis actividades de servicio social como tal, la asesora externa del proyecto, la Dra. Alejandra Moreno me motivó e impulsó para conseguir un cupo como oyente en un curso de posgrado sobre sistemas de información geográfica en R, donde aprendí a usar dicho lenguaje de programación y a aplicarlo en el procesamiento de datos espaciales y en la creación de mapas.

La participación en los proyectos de generación de conocimiento sobre las especies de los géneros *Juniperus* y *Pinus* me parecieron un gran modelo para la reflexión sobre el papel de la prospección en sistemática y biogeografía y su relación con asuntos a simple vista lejanos como las problemáticas sociales y ambientales de la modernidad.

Durante la licenciatura observé la existencia de una marcada diferencia epistemológica en distintas disciplinas de la biología. Por un lado, las áreas dedicadas a la biología evolutiva, la ecología y la biología comparada, con metodologías basadas en el trabajo de laboratorio y bioinformático, se muestran normalmente como campos del conocimiento en el que reina la objetividad y el acercamiento al mundo desde una posición analítica. Por otro lado, las áreas relacionadas con el manejo de ecosistemas y la ecología aplicada, tienen alcances más amplios en el sentido multidisciplinario y metodologías menos interesadas en la objetividad y más en el entendimiento y conciliación de la relación de la humanidad con el mundo natural. Los principales autores, teorías, temas y narrativas propias de cada una de las dos facciones me hacían entenderlos muy distantes a pesar de trabajar con fenómenos biológicos coexistentes.

A través de la consulta bibliográfica, la conversación con investigadores y la asistencia a ponencias de trabajos de vanguardia en temas como el modelado de nicho ecológico, la biogeografía y la conservación en mi tiempo de servicio social en la UNAM, he podido

obtener una visión más integrativa y menos separatista de las aplicaciones de las ciencias biológicas, y los puntos de interés común entre sus distintas disciplinas. Aunque es verdad que las ideologías y escuelas de las ciencias biológicas han tendido históricamente hacia la especialización y por lo tanto la separación, lo cual me parece lógico debido a la inmensa complejidad del quehacer biológico, puedo ver actualmente un camino integrativo desde el cual hacer biología sin necesidad de tomar partidos o etiquetas. Más importante que eso, puedo plantearme escenarios en que las ciencias biológicas, desde una perspectiva interdisciplinaria, pueden generar cambios importantes en la relación de la humanidad con la naturaleza, y en la mentalidad de la sociedad con respecto a esa relación.

Por otro lado, el Jardín Botánico del IBUNAM resultó ser un sitio ideal para desarrollar ideas y actividades de divulgación científica. Por coincidencia, en el semestre que realicé actividades en el Laboratorio, tuve la oportunidad de participar en el Día Nacional de los Jardines Botánicos, evento en el que pude observar de primera mano por qué el Jardín Botánico del IBUNAM es un referente internacional de la curación, exposición y divulgación del conocimiento científico. La experiencia fue muy grata, ya que tuve la oportunidad de diseñar el recorrido junto con los estudiantes del laboratorio, y en mi opinión transmitimos en forma óptima la información sobre la colección de árboles del Jardín. Con respecto al mapa del Arboretum, me parecieron experiencias gratas y formativas tanto el proceso de aprendizaje de las plataformas interactivas, como la comunicación y difusión del mapa en formatos amigables para el público en general. Al día 15 de agosto del 2024, el mapa tiene 13,892 visitas, por lo que fue un éxito, y es posible que en el futuro se exponga una placa permanente en la entrada del Arboretum con el código QR.

## 8 REFERENCIAS

- Adams, R. P. (2014). *The junipers of the world: the genus Juniperus*. Trafford Publications.
- Adams, R. P., Schwarzbach, A. E. y Nguyen, S. (2006). Re-examination of the taxonomy of *Juniperus flaccida* var. *martinezii*, and var. *poblana* (Cupressaceae). *Phytologia* 88(3), 233-241.
- Estrada, L. (1992). La divulgación de la ciencia. *Revista Ciencias* 27(1), 69-76.
- Farjon, A., Pérez de la Rosa, J.A. y Styles, B.T. (1997). *Guía de campo de los pinos de México y América Central*. Oxford University Forestry Research Programme.
- Farjon, A. y Styles, B.T. (1997). *Flora Neotropica: Monograph 75: Pinus (Pinaceae)*. The New York Botanical Garden Press.
- Herrans-Sanz, J.M., Copete-Carreño, M.A. y Ferrandis-Gotor, P. (2009). Posibles efectos del cambio climático sobre las especies vegetales en Castilla-La Mancha. En: Dirección General de Economía Circular y Agenda 2030. *Impactos del Cambio Climático en Castilla-La Mancha* (pp. 293-317). Gobierno de Castilla-La Mancha.
- IBUNAM. (2024). Colecciones Vivas del Jardín Botánico: Arboretum [en línea]. [Consulta: 12-08-2023]. Recuperado de: <https://ib.unam.mx/ib/unidades-investigacion/jardin-botanico/colecciones-vivas/>

- IBUNAM. (2024). Laboratorios de Investigación del Jardín Botánico: Conservación, Filogeografía y Especiación [en línea]. [Consulta: 12-08-2023]. Recuperado de: <https://ib.unam.mx/ib/idades-investigacion/jardin-botanico/laboratorios-de-investigacion/>
- Kass, J.M., Pinilla-Buitrago, G.E., Paz, A., Johnson, B.A., Grisales-Betancur, V., Meenan, S.I., Attali, D., Broennimann, O., Galante, P.J., Maitner, B.S., Owens, H.L., Varela, S., Aiello-Lammens, M.E., Merow, C., Blair, M.E. y Anderson, R.P. (2023). Wallace 2: a shiny app for modeling species niches and distributions redesigned to facilitate expansion via module contributions. *Ecography*, 3, e06547. <https://doi.org/10.1111/ecog.06547>
- Kass J.M., Vilela B., Aiello-Lammens M.E., Muscarella R., Merow C. y Anderson R.P. (2018). Wallace: A flexible platform for reproducible modeling of species niches and distributions built for community expansion. *Methods in Ecology and Evolution*, 9, 1151–1156. <https://doi.org/10.1111/2041-210X.12945>
- Montenegro, O.L. (2009). La conservación biológica y su perspectiva evolutiva. *Acta Biológica Colombiana*, 14, 255-268.
- Neyra-González, L. y Durand-Smith, L. (1998). Biodiversidad. En: CONABIO. *La diversidad biológica de México: Estudio de País 1998* (pp. 61-102). Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad.
- Neyra-González, L. y Peña-Jiménez, A. (1998). Amenazas a la Biodiversidad. En: CONABIO. *La diversidad biológica de México: Estudio de País 1998* (pp. 157-182). Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad.
- Posadas, P., Crisci, J.V. y Katinas L. (2011). Sistemática y biogeografía en la conservación de la biodiversidad: ejemplos de América del Sur austral. En: Simonetti, J.A. y Dirzo R (Eds.). *Conservación Biológica: Perspectivas desde América Latina* (pp. 109-125). Santiago de Chile: Universitaria.
- Thermo Fisher Scientific . (2024). RNA/DNA Quantification: Detection technologies used for RNA/DNA quantification [en línea]. [Consulta: 12-08-2023]. Recuperado de: <https://www.thermofisher.com/mx/es/home/life-science/dna-rna-purification-analysis/nucleic-acid-quantitation.html>
- Rzedowski, J. (2006). *Vegetación de México*. Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad.
- Thuiller, W. (2024). Primer: Ecological Niche Modelling. *Current Biology*, 34(6), R225–R229. <https://doi.org/10.1016/j.cub.2024.02.018>
- Vázquez-Lobo, A. (1996). *Filogenia de hongos endófitos del género Pinus L. : implementación de técnicas moleculares y resultados preliminares* [Tesis de licenciatura, Facultad de Ciencias, UNAM]. Repositorio Institucional de la UNAM. [https://repositorio.unam.mx/contenidos/filogenia-de-hongos-endofitos-del-genero-pinus-l-implementacion-de-tecnicas-moleculares-y-resultados-preliminares-214755?c=r37gKJ&d=false&q=\\*&i=9&v=1&t=search\\_0&as=0](https://repositorio.unam.mx/contenidos/filogenia-de-hongos-endofitos-del-genero-pinus-l-implementacion-de-tecnicas-moleculares-y-resultados-preliminares-214755?c=r37gKJ&d=false&q=*&i=9&v=1&t=search_0&as=0)
- Villanueva-Díaz, J., Cerano-Paredes, J., Stahle, D. W., Constante-García, V., Vázquez-Salem, L., Estrada-Ávalos, J. y Benavides-Solorio, JD. (2010). Árboles longevos de México. *Revista Mexicana de Ciencias Forestales*, 1(2), 7-30.
- Zandoni, T.A. y R.P. Adams. (1979). The genus *Juniperus* (Cupressaceae) in Mexico and Guatemala: Synonymy, key, and distributions of the taxa. *Boletín de la Sociedad Botánica de México*, (38), 83-131. <https://doi.org/10.17129/botsoci.1171>