



**UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA
DE MÉXICO**

FACULTAD DE CIENCIAS

**Genética de la conservación en pinos piñoneros
de las subsecciones *Cembroides* y *Nelsoniae* de
México.**

T E S I S

QUE PARA OBTENER EL TÍTULO DE:

BIÓLOGA

P R E S E N T A:

LAURA ALICIA FIGUEROA CORONA.



**DIRECTOR DE TESIS:
Dr. DANIEL IGNACIO PIÑERO DALMAU.
2012**



Universidad Nacional
Autónoma de México



UNAM – Dirección General de Bibliotecas
Tesis Digitales
Restricciones de uso

DERECHOS RESERVADOS ©
PROHIBIDA SU REPRODUCCIÓN TOTAL O PARCIAL

Todo el material contenido en esta tesis esta protegido por la Ley Federal del Derecho de Autor (LFDA) de los Estados Unidos Mexicanos (México).

El uso de imágenes, fragmentos de videos, y demás material que sea objeto de protección de los derechos de autor, será exclusivamente para fines educativos e informativos y deberá citar la fuente donde la obtuvo mencionando el autor o autores. Cualquier uso distinto como el lucro, reproducción, edición o modificación, será perseguido y sancionado por el respectivo titular de los Derechos de Autor.



UNIVERSIDAD NACIONAL
AUTÓNOMA DE
MÉXICO

FACULTAD DE CIENCIAS
Secretaría General
División de Estudios Profesionales

Votos Aprobatorios

DR. ISIDRO ÁVILA MARTÍNEZ
Director General
Dirección General de Administración Escolar
Presente

Por este medio hacemos de su conocimiento que hemos revisado el trabajo escrito titulado:

Genética de la conservación en pinos piñoneros de las Subsecciones Cembroides y Nelsoniae de México

realizado por **Figuroa Corona Laura Alicia** con número de cuenta **304289071** quien ha decidido titularse mediante la opción de **tesis** en la licenciatura en **Biología**. Dicho trabajo cuenta con nuestro voto aprobatorio.

Propietario Dra. Susana Aurora Magallón Puebla

Propietario Dr. David Sebastian Gernandt

Propietario Tutor Dr. Daniel Ignacio Piñero Dalmau

Suplente Dr. Juan Pablo Jaramillo Correa

Suplente Dra. Erika Aguirre Planter

Atentamente,
"POR MI RAZA HABLARÁ EL ESPÍRITU "
Ciudad Universitaria, D. F., a 22 de marzo de 2012
EL JEFE DE LA DIVISIÓN DE ESTUDIOS PROFESIONALES

ACT. MAURICIO AGUILAR GONZÁLEZ

Señor sinodal: antes de firmar este documento, solicite al estudiante que le muestre la versión digital de su trabajo y verifique que la misma incluya todas las observaciones y correcciones que usted hizo sobre el mismo.
MAG/CZS/mdm

Hoja datos del jurado

1. Datos del alumno:

Figueroa
Corona
Laura Alicia
5520670486
Universidad Nacional Autónoma de México
Facultad de Ciencias
Biología
304280971

2. Datos del tutor:

Dr. Daniel Ignacio
Piñero
Dalmau

3. Datos del sinodal 1:

Dra. Susana Aurora
Mayallón
Puebla

4. Datos del sinodal 2:

Dr. David Sebastian
Gernandt

5. Datos del sinodal 3:

Dr. Juan Pablo
Jaramillo
Correa

6. Datos del sinodal 4:

Dra. Erika
Aguirre
Planter

7. Datos del trabajo escrito:

Genética de la conservación en pinos piñoneros de las Subsecciones
Cembroides y *Nelsoniae* de México.
126p
2012

Índice de contenidos

Resumen	1
Introducción	
La biología de la conservación y la diversidad genética	3
Antecedentes teóricos	
1. La diversidad genética, su estudio y cuantificación.	6
2. Identificación de grupos en peligro y mecanismos de evaluación.	8
2.1 Selección de grupos prioritarios considerando sus relaciones filogenéticas	9
2.2 Identificación por el índice de rareza de Rabinowitz	10
2.3 Evaluación y el listado de especies amenazadas de la UICN.	11
2.4 Listado de la NOM-059 SEMARNAT-2010 y el Método de Evaluación del Riesgo de extinción de las especies silvestres en México para especies de plantas.	12
2.5 Medidas de protección para las poblaciones.	12
3. El género <i>Pinus</i>	13
3.1 Los pinos piñoneros, características, descripción y distribución.	14
Justificación	19
Objetivo	20
Objetivos particulares	20
Hipótesis	20
Metodología	
Muestreo del material biológico.	21
Extracción, amplificación y secuenciación de ADN.	21
Análisis de diversidad genética.	24
La diversidad genética y su distribución en las poblaciones.	24
Modelación de la distribución potencial.	24
Correlación entre la diversidad genética y el área de distribución en grupos restringidos.	25
Distribución Áreas Naturales Protegidas, protección espacial.	26
Identificación de grupos en peligro y mecanismos de evaluación.	26
Resultados	
Diversidad genética	28
La diversidad genética y su distribución en las poblaciones	30
Distribución potencial	33
Correlación entre la diversidad genética y el área de distribución en grupos restringidos	35
Identificación de grupos en peligro y mecanismos de evaluación	37
Distribución con las Áreas Naturales Protegidas, protección espacial	40

Discusión	
Diversidad genética	43
Estructura genética	43
La diversidad genética y su distribución entre las poblaciones	44
Distribución potencial	46
Identificación de grupos en peligro y mecanismos de evaluación	47
Selección de grupos prioritarios considerando sus relaciones filogenéticas	47
Índice de rareza de Rabinowitz	48
Métodos de evaluación UICN y NOM 059 SEMARNAT	48
Distribución y Áreas Naturales Protegidas, protección espacial	49
Conclusiones	50
Perspectivas	51
Glosario	52
Abreviaturas	52
Referencias	53
Anexo A. Descripciones taxonómicas de los piñoneros y las diferentes clasificaciones.	
Anexo B. Georeferencias de las poblaciones de las especies de piñoneros Mexicanos.	69
Anexo C. Características, diversidad y distribución del género <i>Abies</i>	72
Anexo D. Protocolo de extracción CTAB 2% mini-prep modificado	81
Anexo E. Frecuencias haplotípicas y alélicas reportadas para las especies de piñoneros.	82
Anexo F. Estimaciones de tamaño efectivo en las especies de pinos piñoneros	97
Anexo G. Mapas de las distribuciones potenciales de las especies de pinos piñoneros.	98
Anexo H. Mapas de las distribuciones potenciales de las especies de <i>Abies</i> distribuidos en México.	107
Anexo I. Método de evaluación del riesgo de extinción de plantas silvestres, [NOM 059 SEMARNAT 2010].	116
Anexo J. Método de evaluación de riesgo y categorías de riesgo en la clasificación de la UICN.	122
Anexo K. Método de Evaluación del Riesgo de extinción de las especies silvestres en México resuelto para los pinos piñoneros	124

Índice de tablas y figuras

Figura 1	Componentes de la diversidad genética a partir de su origen y relevancia	4
Figura 2	Efectos del vórtice de extinción.	5
Figura 3	Selección de linajes prioritarios para la conservación.	10
Figura 4	Categorías de rareza según Rabinowitz.	10
Figura 5	Filogenia del subgénero <i>Pinus</i> .	16
Figura 6	Mapa de distribución de las especies de las subsecciones <i>Cembroides</i> y <i>Nelsoniae</i> en México.	18
Tabla 1	Descripción y localización de los primers de cloroplasto descritos para <i>P. thunberguii</i>	22
Tabla 2	Variación y diferenciación genética poblacional para las especies de pinos piñoneros obtenidos a partir de distintos marcadores genéticos.	28
Tabla 3	Diversidad haplotípica y genética encontrada con cpSSR's	29
Tabla 4	Estandarización de la variación y estructura genética	30
Tabla 5	Determinación de Unidades Evolutivamente Significativas	31
Figura 7	Ubicación geográfica de las Unidades Evolutivamente Significativas en la subsecciones <i>Cembroides</i> y <i>Nelsoniae</i>	33
Tabla 6	Áreas de distribución obtenidos con el modelamiento de nicho..	34
Tabla 7	Valores de significancia en la correlación <i>stepwise</i> aloenzimas	35
Figura 8	Correlación entre diversidad genética, diferenciación poblacional y área de distribución con estudios de aloenzimas.	36
Tabla 8	Valores de significancia en la correlación <i>stepwise</i> cpSSR's	36
Figura 9	Correlación entre diversidad genética, diferenciación poblacional y área de distribución con estudios de microsatélites.	37
Figura 10	Selección de grupos prioritarios considerando las relaciones filogenéticas	38
Tabla 9	Categorías de riesgo y rareza en las especies de pinos piñoneros mexicanos.	41
Figura 11	Distribución de los pinos piñoneros junto con la delimitación de las Áreas Naturales Protegidas.	42
Tabla A.1	Clasificación de los piñoneros según diferentes autores	67
Tabla B.1	Referencias las poblaciones de las especies de piñoneros distribuidos en México.	69
Figura B.1	Mapa de las poblaciones de los piñoneros mexicanos	71
Figura C.1	Mapa de distribución de <i>Abies</i> en México	72
Tabla C.1	Referencias de las poblaciones de las especies de oyameles distribuidos en México.	76
Tabla C.2	Variación y a la diferenciación genética poblacional para abetos.	78
Tabla C.3	Categorías de riesgo en las especies de oyameles distribuidos en México.	79
Figura C.2	Mapa de las poblaciones de los abetos mexicanos	80
Tabla E.1	Frecuencias haplotípicas en <i>P. cembroides</i> .	82
Tabla E.2	Frecuencias haplotípicas en <i>P. culminicola</i> .	83
Tabla E.3	Frecuencias haplotípicas en <i>P. discolor</i> .	84
Tabla E.4	Frecuencias haplotípicas en <i>P. johannis</i> .	85

Tabla E.5	Frecuencias haplotípicas en <i>P. lagunae</i> .	86
Tabla E.6	Frecuencias haplotípicas en <i>P. maximartinezii</i> .	87
Tabla E.7	Frecuencias haplotípicas en <i>P. nelsonii</i> .	88
Tabla E.8	Frecuencias haplotípicas en <i>P. pinceana</i> .	89
Tabla E.9	Frecuencias haplotípicas en <i>P. rzedowskii</i> .	90
Tabla E.10	Frecuencias alélicas en <i>P. maximartinezii</i> .	91
Tabla E.11	Frecuencias alélicas en <i>P. pinceana</i> .	94
Tabla E.12	Frecuencias alélicas en <i>P. rzedowskii</i> .	96
Tabla F.1	Tamaño efetivo a partir del número de loci polimórficos	97
Figura G.1	Distribución potencial de <i>P. cembroides</i>	98
Figura G.2	Distribución potencial de <i>P. culminicola</i> .	99
Figura G.3	Distribución potencial de <i>P. discolor</i> .	100
Figura G.4	Distribución potencial de <i>P. johannis</i> .	101
Figura G.5	Distribución potencial de <i>P. maximartinezii</i> .	102
Figura G.6	Distribución potencial de <i>P. nelsonii</i> .	103
Figura G.7	Distribución potencial de <i>P. pinceana</i>	104
Figura G.8	Distribución potencial de <i>P. rzedowskii</i> .	105
Tabla G.1	Valores de presencia mínima para la construcción de modelos de distribución en piñoneros	106
Figura H.1	Distribución potencial de <i>A. concolor</i> .	107
Figura H.2	Distribución potencial de <i>A. durangensis</i> .	108
Figura H.3	Distribución potencial de <i>A. durangensis</i> var. <i>coahuilensis</i> .	109
Figura H.4	Distribución potencial de <i>A. flinckii</i> .	110
Figura H.5	Distribución potencial de <i>A. guatemalensis</i> .	111
Figura H.6	Distribución potencial de <i>A. hickeli</i> .	112
Figura H.7	Distribución potencial de <i>A. religiosa</i> .	113
Figura H.8	Distribución potencial de <i>A. vejarii</i> .	114
Tabla H.1	Valores de presencia mínima para la construcción de modelos de distribución en Abies	115
Tabla H.2	Áreas de distribución potencial para las especies de abetos en México	115
Figura J.1	Notación de las categorías de riesgo de la Lista Roja UICN.	122
Tabla J.1	Tabla de evaluación de los cinco criterios para la categorización.	123

Resumen

Las especies de pinos piñoneros mexicanos se distribuyen mayoritariamente en pocas poblaciones con tamaños demográficos variables y poco conocidos, en ambientes áridos con suelos de escasos nutrientes, en todos los sistemas montañosos del país. Suelen ser objeto de uso extractivo a escala local que puede impactar dichas poblaciones. En este trabajo se caracterizó el riesgo de extinción a partir de variables genéticas, la restricción del hábitat, la distribución geográfica y las evaluaciones de riesgo disponibles.

Las ocho especies de pinos piñoneros en México tuvieron altos índices de variación genética, comparables con los de otras especies de amplia distribución; así como con otros grupos de coníferas de distribución restringida. Esto sugiere que la riqueza evolutiva de estas taxa es debida a procesos demográficos históricos, geográficos y evolutivos que han actuado en estos linajes, y sería irrecuperable en caso de perderse. Esta variación, se encuentra repartida heterogéneamente entre las poblaciones, por lo cual se proponen Unidades Evolutivamente Significativas que salvaguardarían la mayor cantidad de diversidad genética.

También se evaluaron las restricciones a la distribución de las especies a partir del efecto de las variables climáticas más determinantes y se determinó el efecto de las actividades antropogénicas en la restricción del área de distribución. Se encontró que las variables climáticas favorables (temperatura anual y precipitación media anual) para la permanencia de estas especies son las que restringen fuertemente la distribución de los pinos piñoneros mientras que las transformaciones en el uso de suelo en los últimos años no han afectado importantemente su área de distribución.

Se determinó que las especies mantienen un elevado nivel de riesgo o de rareza dadas su baja abundancia, alta especificidad de hábitat, distribución reducida, explotación e interrelaciones ecológicas. Desgraciadamente las medidas de protección actuales para las especies no frenan o amortiguan estos riesgos, ya que la mayoría carece de planes de manejo sustentable; además de que las áreas naturales protegidas decretadas en el país sólo brindan escasa protección para algunas de las especies de piñoneros.

Abstract

The Mexican pinyon pines are distributed over the major mountain systems in arid ecosystems with nutrient-poor soils. Their populations have low or unknown demographic densities. Sometimes with significant forestal use at local level. In this work, we identified the risk of species extinction for these taxa, their evaluating genetic variability, habitat restrictions, geographic distribution and risk assessments.

The eight pinyon pine species had levels of genetic variation high as those found in widely distributed species and in other groups of conifers with restricted ranges. Such variation suggests that these taxa have an irrecoverable evolutionary richness which had been modulated by the demographic history and geographical events, together with the effect of the evolutionary forces throughout their history. Genetic variation was heterogeneously distributed among species and populations. Consequently, evolutionary significant units were proposed for conserving most of this genetic diversity.

The effects of climate variables was further analyzed to determine the restrictions to the species distribution. Additionally, the effect of anthropogenic activities on geographic distribution was also surveyed. Climatic variables (mean annual temperature and median annual precipitation) strongly restricted the range of the pinyon pines, while recent changes in land use did not had a significant effect on their distribution.

Risk assessments revealed that, according to their low abundance, high habitat specificity, small ranges, exploitation and ecological interrelationships, these species have a high degree of risk or rarity. Moreover, the current protective measures do not eliminate or reduce these risks or favor conservation alternatives and sustainable management, while the Mexican protected areas in the country would provide minimal protection for a few pinyon species.

Introducción

La biología de la conservación y la diversidad genética

La biodiversidad presente en una región es el resultado de procesos ecológicos y evolutivos ocurridos durante millones de años que a su vez han sido influenciados por eventos climáticos, demográficos y, en fechas recientes, antropogénicos. Estos últimos han resultado en la desaparición de la mitad de la cubierta forestal nativa del planeta, y del 30% de las áreas forestales de México (Sanchez-Colón *et al.*, 2009).

Corresponde a la biología de la conservación la formulación de estrategias de aprovechamiento, restauración y conservación que salvaguarden los tres niveles de biodiversidad; las especies, las poblaciones y la variación genética intrínseca a los niveles precedentes (Meffe y Carroll, 1994; Frankel *et al.*, 1995; Hillis y Moritz, 1995). De manera que se considere la forma, la velocidad y las causas de riesgo de la diversidad biológica, el potencial adaptativo de los organismos ante los cambios ambientales naturales y los factores antropogénicos.

La complejidad de factores y enfoques que convergen en la problemática ambiental hacen que la biología de la conservación se apoye en conceptos y herramientas multidisciplinarias, incluyendo la ecología de poblaciones y de comunidades, la demografía, la genética cuantitativa y de poblaciones, la filogeografía, así como en otras ciencias involucradas en las relaciones y el crecimiento de las sociedades humanas (Carroll, 2008).

Uno de los ejes principales de la diversidad biológica queda comprendido en la variabilidad genética, pues es el elemento básico de la relación de un organismo con su historia evolutiva y su presente reproductivo (Frankham *et al.*, 2002). La variabilidad genética se define como las variaciones heredables que ocurren en cada organismo, entre los individuos de una población y entre las poblaciones de una especie, en el tiempo y el espacio (Piñero *et al.*, 2008).

La diversidad genética se origina por mutación y se ha modelado durante miles de generaciones a través de las fuerzas evolutivas que han operado a lo largo de la historia de las poblaciones: la deriva génica, el sistema de apareamiento (que incluye a la recombinación), la selección natural y el flujo génico (Hartl y Clark, 1989; Piñero *et al.*, 2009). Sin embargo, dado que el efecto de ellas no ha sido homogéneo durante la historia evolutiva, se ha propuesto que la variación pueda clasificarse, en términos de conservación de acuerdo con su importancia adaptativa, en el sentido de la relación entre el fenotipo y las adaptaciones históricas y presentes (Figura 1; Sherwin y Moritz, 2000).

Los estudios de este nivel de variación conforman la genética de la conservación y permiten conocer la riqueza genética, su agregación y distribución geográfica en el pasado; cuantificar efectos en la pérdida, aislamiento y fragmentación en las poblaciones; evaluar riesgos de enfermedades, plagas, y la introducción de especies invasoras y variedades modificadas (Piñero *et al.*, 2009). De manera que integrar la variación genética a los estudios y planes de conservación permite inferir su importancia para la adaptación actual y el potencial adaptativo que contribuirá a la viabilidad de las poblaciones futuras.

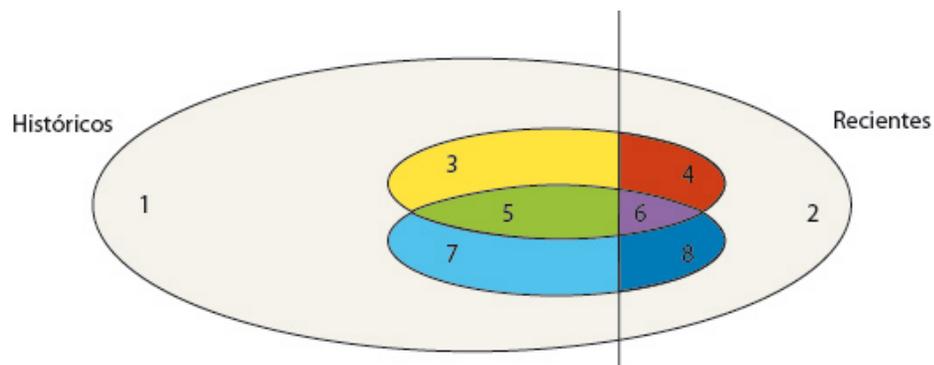


Figura 1. Componentes de la diversidad genética a partir de su origen y relevancia. Las categorías dentro de (1) corresponden a la variación histórica que se ha acumulado durante la historia de la especie. Por otro lado, está la variación de origen reciente esta en las categorías (2). La subclasificación de los componentes para la variación con significado adaptativo en la actualidad queda en los conjuntos (3, 4, 5, y 6), mientras que la variación que será de importancia adaptativa en el futuro queda incluida en los conjuntos (5, 6, 7 y 8). Modificado de Sherwin y Moritz, 2000.

La mayor amenaza para la diversidad biológica es la reducción de su distribución geográfica como consecuencia de la modificación del hábitat y la introducción de especies (Hughes *et al.*, 1997). En el aspecto genético, la fragmentación, el deterioro o alteración de una especie pueden repercutir en su viabilidad y potencial adaptativo (Brown *et al.*, 1997), pues aumenta sus tasas de acumulación y fijación de mutaciones deletéreas (Lynch, 1988; Lande, 1994; Lynch *et al.*, 1995) y reduce el flujo genético entre sus poblaciones, y aumenta la proporción de cruzas endogámicas o la autofecundación en la población. A éste fenómeno de pérdida se le conoce como el vórtice de la extinción (Höglund, 2009; Figura 2).

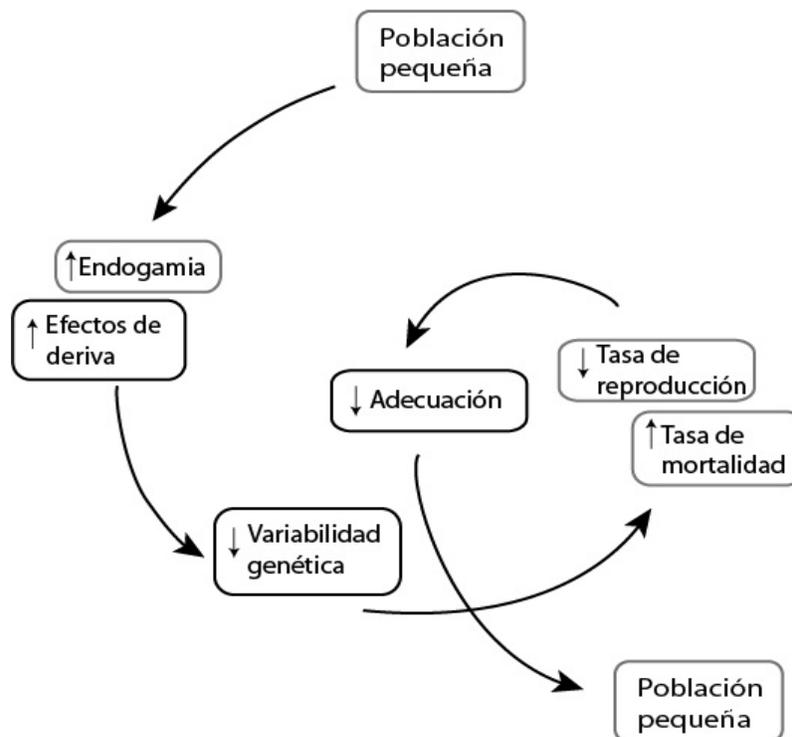


Figura 2. Efectos genéticos en el vórtice de extinción. Modificado de Höglund, 2009.

Antecedentes teóricos

1. La diversidad genética, su estudio y cuantificación

La diversidad genética se cuantifica empleando estimadores de la cantidad de variación dentro y entre poblaciones. Un estimador clásico es la heterocogisis esperada (H) que es la proporción de individuos heterócigos con apareamientos al azar. De esta manera, la heterocogisis indica la diversidad genética presente en una población, porque es la probabilidad de que dos copias de un mismo locus tomadas al azar, en una población, sean diferentes (Gillespie, 2004); siendo definida como:

$$H = \frac{n_i}{n_i - 1} \left(1 - \sum_{j=1}^k p_{ij}^2 \right) \quad (1)$$

Donde p_{ij} es la frecuencia del j -ésimo alelo en la población i , n es el tamaño total de la muestra, y k es el número total de alelos encontrados.

Para las especies con subdivisiones en su distribución, la diversidad genética se puede dividir en dos componentes (Hudson et al. 1992), h_S que es la media ponderada de las diversidades haplotípicas obtenidas en cada subpoblación (Ecuación 2), y h_T como el estimado de diversidad genética contemplando todas las subpoblaciones como una unidad (Ecuación 3).

$$h_S = \sum_{i=1}^L w_i H \quad (2)$$

$$h_T = \frac{n}{n - 1} \left(1 - \sum_{j=1}^k p_j^2 \right) \quad (3)$$

Donde w_i es un factor de ponderación (w) en la población i y L el número de poblaciones.

Otra medida que permite evaluar la distribución de la variación genética dentro y entre las poblaciones de una especie son los estadísticos F (Guillespie, 2004) propuestos por Wright (1951). Los cuales definen correlaciones entre genes iguales por descendencia o por estado tomados de un nivel de la subdivisión en relación con cualquier otro nivel superior de agrupación de variación genética. La correlación entre los genes de los individuos (I) y los de la población total (T) es representada por F_{IT} , que corresponde a la endogamia total (Ecuación 4).

$$F_{IT} = 1 - \frac{h}{h_T} \quad (4)$$

La correlación entre los genes de los individuos y los de la subpoblación (S) es representada por F_{IS} . (Ecuación 5)

$$F_{IS} = 1 - \frac{h}{h_S} \quad (5)$$

Mientras que la correlación entre los genes de la subpoblación y los de la población total está representada por F_{ST} (Wright, 1951).

$$F_{ST} = 1 - \frac{h_S}{h_T} \quad (6)$$

La aplicación de estos fundamentos teóricos ocurre a partir de la detección la variación en sitios específicos dentro del genoma a través de marcadores moleculares (Freeman *et al.*, 2002), para los cuales se ha adecuado o ponderado el sesgo para manejar de manera adecuada las diferencias en el número de individuos y loci entre localidades. Inicialmente, los estudios de la genética de poblaciones utilizaron las aloenzimas para detectar polimorfismos entre las poblaciones (por ejemplo, Mitton, 1983, 1992; Conkle, 1992). Las aloenzimas son variedades de enzimas con diferentes sustituciones de aminoácidos que afectan su carga y peso molecular. Estas se expresan codominantemente, segregan en proporciones mendelianas y se ajustan a un modelo de mutación de alelos infinitos (Crow y Dove, 1989).

Actualmente, son más utilizados los microsatélites o marcadores génicos de secuencias simples repetidas (por sus siglas en inglés: SSR's *Simple Sequence Repeats*). Son secuencias cortas de una a seis bases que se repiten en tandem en segmentos de menos de una kilobase. Los cambios en este tipo de marcadores son generados por mutaciones de inserción o deleción de las repeticiones (Nei y Kumar, 2000). Estructuralmente, los microsatélites pueden ser perfectos, cuando consisten en una secuencia del mismo motivo repetido varias veces; imperfectos o interrumpidos, cuando son secuencias interrumpidas por una o más sustituciones nucleotídicas (Estoup y Cournet, 1999). Estos se consideran marcadores neutros, pues generalmente se encuentran en regiones no codificantes que probablemente no están bajo efectos de selección y se ajustan a un modelo de mutación *stepwise*; para el cuál, ha sido adaptado el índice de diferenciación poblacional como R_{ST} (Slatkin, 1995).

En el genoma del cloroplasto de los pinos se han detectado este tipo de secuencias (Vendramin *et al.*, 1996) que han resultado brindar polimorfismo dentro del grupo. Consisten en motivos de mononucleótidos que se repiten de ocho a 15 veces y como todas las secuencias de cloroplasto, están ligados y no tienen recombinación, pues se heredan uniparentalmente (Navascués y Emerson, 2005).

2. Identificación de grupos en peligro y mecanismos de evaluación

Para plantear estrategias de conservación, se han generado diferentes posturas para priorizar, entre todas las poblaciones, morfotipos y alelos a partir de rasgos distintivos que permitan preservar los componentes esenciales de los procesos de adecuación y especiación (Höglund, 2009). Las estrategias van desde sus relaciones filogenéticas hasta el contexto ecológico y genético (Groom, 2005). En la actualidad, la selección se lleva a cabo considerando que la diversidad actual contribuirá a desarrollar adaptaciones futuras, en un panorama de cambios climáticos (Carroll, 2008).

Dunham *et al.* (1999) clasifican en dos tipos los métodos de evaluación. Por un lado están los dato-intensivos, que evalúan generalidades de la viabilidad y de la distribución del organismo. Por otro están los métodos cuantitativos, que incorporan múltiples factores intrínsecos a la biología de los taxa, como el tamaño corporal, la variabilidad genética, la estocasticidad demográfica, el tamaño demográfico, o las restricciones a la distribución y especialización a un nicho ecológico, así como los factores extrínsecos como la susceptibilidad a disturbios antropogénicos o climáticos. Seleccionar el método de evaluación depende tanto de nivel taxonómico como del contexto biológico al que se quiera aplicar (Hughes *et al.* 1997; Hilborn *et al.* 2003; Luck *et al.* 2003).

2.1 Selección de grupos prioritarios considerando sus relaciones filogenéticas

Para la conservación de especies o grupos supraespecíficos Faith (1992; *et al.* 1994) hace tres propuestas basadas en las relaciones de ancestría-decendencia. 1) La conservación de linajes ancestrales, en donde el énfasis de la conservación está dirigido a las formas basales del clado, dado que frecuentemente corresponden a especies de baja abundancia y geográficamente restringidas. El apoyo de esta propuesta es que, al proteger la variación ancestral, se procura conservar la diversidad filogenética más semejante a la que originó el grupo. 2) La conservación de grupos que en su historia evolutiva han aumentado su tasa de especiación recientemente. Esta propuesta se apoya en que la adecuación de estos linajes ha divergido a partir de las presiones y cambios recientes en el ambiente; en la figura 3 se representa las diferencias entre esas dos ideas; y finalmente, 3) Seleccionar, dentro de la topología de un cladograma los taxa que representen la mayor disparidad dentro del grupo para abarcar la mayor proporción de diversidad filogenética dentro de un linaje.

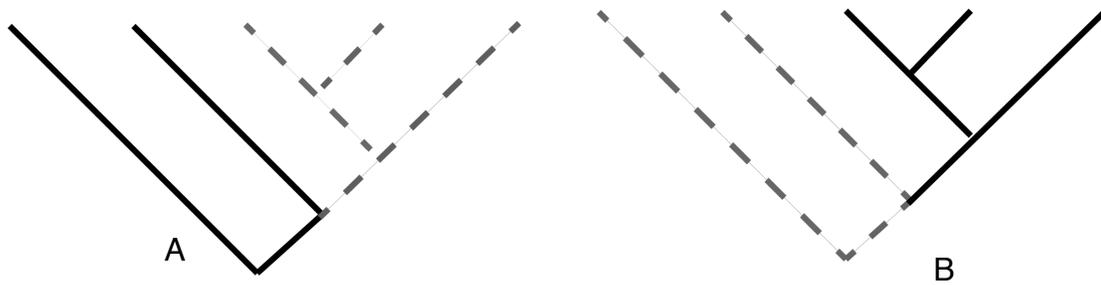


Figura 3. Selección de linajes prioritarios para la conservación (Faith, 1992). A. Según la propuesta de linajes basales, se presenta en negro las divergencias basales del grupo, en punteado las divergencias más recientes B. Selección de divergencias recientes del grupo, en negro y en punteado las divergencias basales.

2.2 Identificación por el índice de rareza de Rabinowitz

La distribución geográfica, la especificidad del hábitat y el tamaño de las poblaciones son factores determinantes para el riesgo de una especie. Considerando esto, Rabinowitz (1981) combinó estas tres variables en un índice de rareza de comparación relativa. Tomando en cuenta que la restricción de cada factor genera un tipo de rareza, se produce una matriz de ocho categorías posibles: una no rara y siete posibilidades de rareza (Figura 4).

Aunque este método no es propiamente un índice de evaluación de riesgo, las implicaciones que tienen las especies raras por su dinámica ecológica y la fragmentación en su distribución, hacen que la categorización por rareza sea un instrumento útil para evaluar el riesgo de extinción de las especies. Sin embargo, al ser una comparación relativa, no se puede determinar la importancia de cada uno de los factores de evaluación.

Distribución geográfica	Amplia				Reducida			
	Elevada		Restringida		Elevada		Restringida	
Especificidad de hábitat	Elevada		Restringida		Elevada		Restringida	
Abundancia Local	Elevada	Reducida	Elevada	Reducida	Elevada	Reducida	Elevada	Reducida

Figura 4. Categorías de rareza según Rabinowitz (1981). En gris claro la categoría para especies no raras y en gris oscuro el grado más extremo de rareza.

Se ha sugerido que la rareza puede ser una consecuencia de dos escenarios: 1) de las reducciones demográficas o de hábitat por efecto de las actividades humanas y por tanto, estar en los “preludios evolutivos” hacia la extinción o 2) ser una consecuencia natural y debida a los procesos históricos (Mastretta, 2009).

Recientemente, esfuerzos institucionales internacionales y nacionales han procurado integrar los índices de clasificación y evaluación de riesgo para la formulación de políticas públicas. Reconociendo la ambigüedad y el problema de identificar los grupos prioritarios, se han estandarizado métodos objetivos que integran variables ecológicas, de distribución, demografía, e impacto humano.

2.3 Evaluación y el listado de especies amenazadas de la UICN

La labor de la Unión Internacional para la Conservación de la Naturaleza (UICN), incluye realizar evaluaciones sobre el estado de la biodiversidad con el fin de aplicar medidas de protección; impulsar la gestión y la restauración de áreas, así como el uso sustentable de los recursos naturales. Así, desde 1994 se generó el sistema de evaluación en la lista roja de especies amenazadas de macroorganismos a través del servicio de información de las especies (SIS) que ha evaluado 41, 415 especies (UICN, 2007). De estas, corresponden para México 613 animales vertebrados, 79 invertebrados, y 254 plantas (UICN, 2011.2).

Los rasgos cualitativos, la condición y la presencia de los taxa permiten una clasificación específica en diez categorías, en donde las tres de ellas que corresponden a amenaza son resultado de la interacción de cinco criterios: A) reducciones del número de poblaciones (en el pasado, el presente o inferencias futuras); B) distribución geográfica, fragmentación y reducción del hábitat; C) tamaño demográfico pequeño, fragmentación, reducción o cambios en la demografía en las poblaciones; D) tamaños poblacionales muy pequeños o severas restricciones a la distribución; y E) análisis cuantitativos del riesgo de extinción para las categorías de amenaza (Anexo I).

2.4 Listado de la NOM-059 SEMARNAT-2010 y el Método de Evaluación del Riesgo de extinción de las especies silvestres en México para especies de plantas.

La legislación nacional que procura el manejo y cuidado de las especies, poblaciones o ejemplares de especies en riesgo se establecen en la Ley General de Vida Silvestre (DOF, 03/jul/2000, artículos 56-62, 85, 87 y 88). Sin embargo, corresponde a la Norma Oficial Mexicana NOM-059-SEMARNAT-2010 (DOF, 06/dic/2010) identificar las especies o poblaciones de flora y fauna silvestres en riesgo, publicar el estado de riesgo, el establecimiento de los métodos evaluadores y los criterios de inclusión, exclusión o cambio de categoría de riesgo para las especies o poblaciones. En la última actualización se han incluido 2619 especies, de las cuales 1536 son especies de animales vertebrados, 49 invertebrados, 987 plantas y 47 hongos.

Hoy en día, el método en su segunda versión ha formulado una evaluación cuantitativa para las plantas silvestres mexicanas que toma en cuenta un índice de rareza determinado por características de distribución, del hábitat, de vulnerabilidad ecológica intrínseca, (aspectos demográficos, de estructura y variación genética, y sus interacciones bióticas) y un índice de impacto antropogénico. El valor y nomenclatura de cada categoría de riesgo de la evaluación se presenta en el Anexo H.

2.5 Las medidas de protección para las poblaciones

Para identificar poblaciones prioritarias para la conservación de una especie, se han propuesto unidades de conservación que integran variables biológicas y geográficas de la especie. Las principales son:

La Unidad de Manejo (UM)

Las UM se definen como una o más poblaciones demográficamente independientes respecto a otras; es decir que la tasa de crecimiento en la población depende de las tasas de mortalidad y natalidad locales actuales. Las limitaciones más importantes son que: (1) resulta complicado determinar si existen distinciones genéticas y (2) la determinación de unidades de manejo tiene que darse a partir de los estudios demográficos.

La Unidad Evolutivamente Significativa (UES)

Propuesta por Ryder (1986), la Unidad Evolutivamente Significativa (UES) se refiere a una población o grupo de poblaciones que se distinguen por sus características genéticas y ecológicas. La ambigüedad para determinar las diferencias relevantes de una población generó que, en 1992, Dizon y sus colaboradores sugirieran a poblaciones que se distinguen por su morfología, distribución geográfica, parámetros poblacionales y datos genéticos que respalden una diferenciación con respecto a miembros del mismo grupo. Crandall y colaboradores (2000), proponen que las distinciones se basen en dos componentes: 1) representatividad ecológica, es decir poblaciones con adaptaciones o presiones de selección distintas, observadas por una dinámica ecológica diferente en la comunidad, (como variaciones en historias de vida, morfología, hábitat), y cambios en las frecuencias alélicas ligadas a estas variaciones; y 2) representatividad genética, es decir, poblaciones sin flujo genético y con una estructuración genética que refleje las discontinuidades geográficas y filogenéticas.

3. El género *Pinus*

Distribuido mayoritariamente en el hemisferio Norte, es el género de coníferas de mayor diversidad ecológica extendiéndose desde los bosques boreales y arbustos alpinos hasta las sabanas tropicales (Eckenwalder, 2009). Agrupa aproximadamente 110 especies descritas en dos subgéneros, *Strobus* también clasificado como haploxylon o pinos blandos, y *Pinus*, diploxylon o pinos duros (Farjon y Styles, 1997; Price *et al.* 1998).

Se reconocen dos regiones de alta diversidad en América: México y el sureste de los Estados Unidos (Farjon y Styles, 1997) en donde Farjon (1996) registra 43 especies y 28 taxa infraespecíficos para México, de los cuales el 74% corresponden a especies endémicas (Perry *et al.*, 1998); estos se distribuyen en seis principales regiones fisiográficas: la Sierra Madre Occidental, la Sierra Madre Oriental, la Faja Volcánica Transmexicana, la Sierra de Juárez y Sierra San Pedro Mártir en Baja California, la Sierra Madre del Sur y Sierra de Juárez, en Oaxaca y Chiapas (Farjon y Styles, 1997).

Se ha propuesto que su abundante producción de semillas a edades relativamente temprana, su capacidad de colonizar sitios perturbados, sus mecanismos de dispersión a grandes distancias, su sistema de apareamiento tolerante a la endogamia y la autofecundación en individuos aislados, así como su adaptación a suelos pobres en nutrientes y su resistencia a las perturbaciones ambientales han favorecido la rápida expansión geográfica del género (Richardson y Rundel, 1998).

El posible origen de *Pinus* se sitúa en el Hemisferio Norte, durante el Triásico, y la divergencia de los dos subgéneros se ha fechado para el Cretácico (Farjon y Styles, 1997). El primer registro del género en el país se fecha en el Oligoceno hace 30 millones de años. La migración a regiones tropicales ocurrió durante el Mioceno probablemente debido a los cambios climáticos causados por las glaciaciones y a las fluctuaciones en las barreras físicas durante el Eoceno Tardío (Styles, 1993, Graham 1999).

3.1 Los pinos piñoneros, características, descripción y distribución

Los pinos piñoneros poseen semillas grandes que generalmente carecen de alas funcionales. Se caracterizan por vivir en suelos áridos y de poco sustrato, con precipitaciones medias anuales de 300 a 400 mm (Gernandt *et al.*, 2005b; Figura 8, Anexo B). Su distribución geográfica en México abarca cañadas de la Sierra Madre Oriental y de la Sierra Madre Occidental, algunas montañas aisladas de Coahuila, la Faja Volcánica Transmexicana, la Sierra de Juárez y la de San Pedro Mártir en Baja California y la Sierra de la Laguna en Baja California Sur; mientras que en Estados Unidos se distribuyen en la región sudeste del país, desde el suroeste de Wyoming, y el Norte de Colorado hasta el sudeste de Arizona y el suroeste de Nuevo México en altitudes entre los 1703 y 2934 msnm (Styles, 1993; Farjon y Styles, 1997).

En su mayoría estas especies se encuentran asociadas a chaparrales de montaña y bosques de juníperos. Suelen ser el único recurso maderero en las zonas en las que se distribuyen, y a pesar de no ser de buena calidad, su madera se utiliza para la construcción a escala local y como leña. Sin embargo, la productividad económica principal es la comercialización de la semilla (sólo de algunas especies como *P. cembroides*, *P. nelsonii* y *P. maximartinezii*; Perry, 1991; Farjon y Styles 1997, Styles,

1998).

Los piñoneros son 14 *spp.* que se agrupan monofíleticamente en el subgénero *Strobus*, en la sección *Parrya*, se encuentran en las subsecciones *Gerardidianaie*, *Nelsoniae* y *Cembroides*; las dos últimas se distribuyen mayoritariamente en México (11 *spp.*).

Según la filogenia del grupo (Figura 6; Gernandt *et al.* 2005a), en el escenario más parsimonioso, las semillas agrandadas sin alas de los pinos piñoneros parece que evolucionaron en dos o tres eventos independientes a partir de un ancestro común con una semilla pequeña y alada.

En la radiación de los pinos piñoneros, se generaron cambios en el tamaño y el número de acículas por fascículo, así como de los canales resiníferos por hoja, las formas de crecimiento, la concentración de algunos monoterpenos, el grosor de la testa en la semilla y la localización de los estomas (Malusa, 1992, Gernandt *et al.*, 2001). Siendo así, la aparición de la semilla no alada se originó en tres eventos independientes; en *P. maximartinezii* y *P. pinceana*, y luego en los demás piñoneros de la subsección *Cembroides*, y en *P. nelsonii*. A pesar de esta propuesta diferentes análisis filogenéticos del grupo han resultado en diferentes relaciones por lo que se ha sugerido segregación al azar de linajes para los diversos genes con los que se han efectuado filogenias (Gernandt *et al.*, 2001, 2005b).

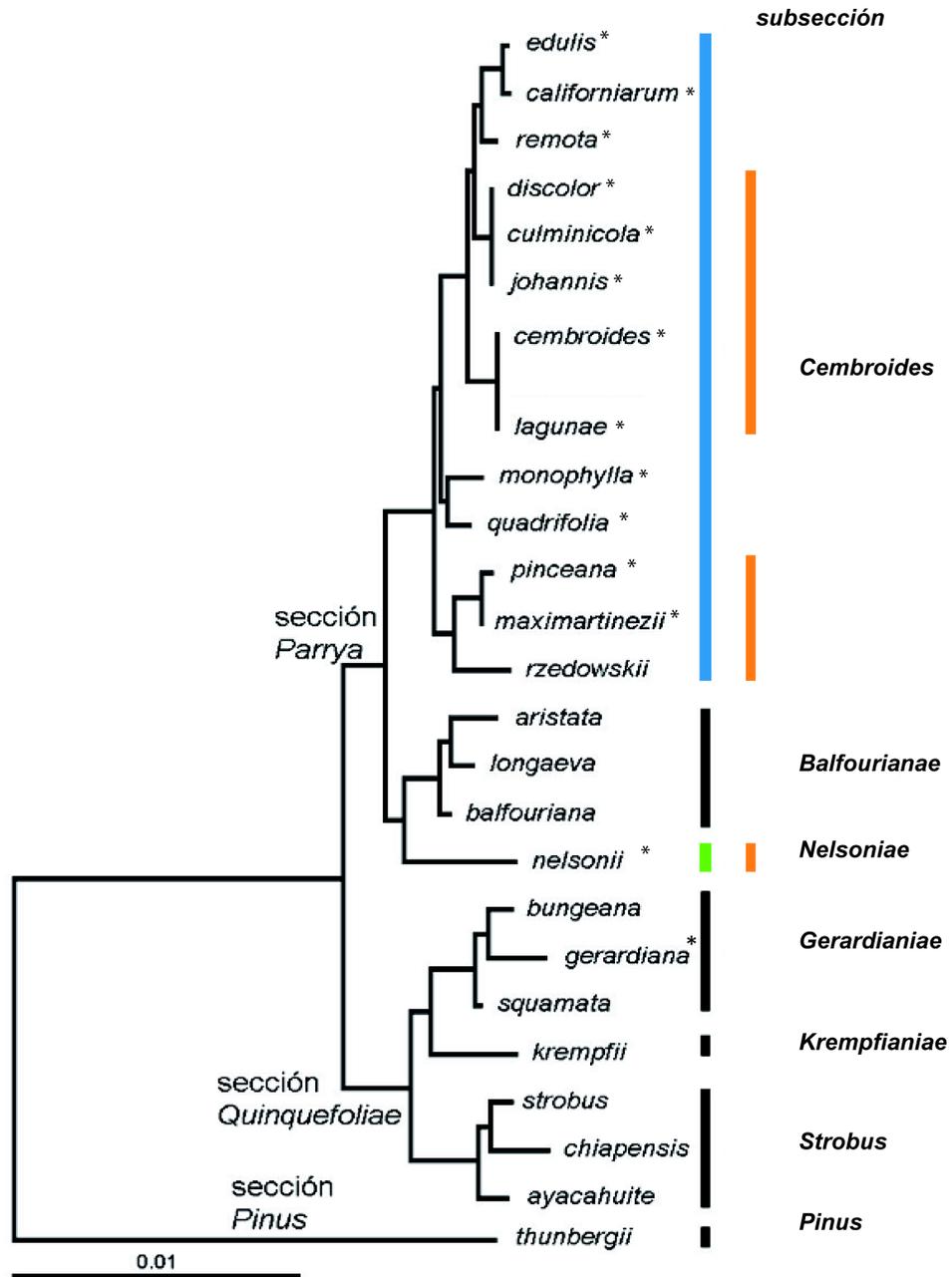


Figura 5. Filogenia del subgenero *Strobos* obtenida con DNA de cloroplasto por máxima verosimilitud y basado en el modelo TVM + G + I (-Ln verosimilitud = 9285.98214). La barra azul señala la subsección *Cembroides*, la verde corresponde a la subsección *Nelsoniae*. Con asterisco se señalan las especies que presentan piñones; la barra en anaranjado señala las especies incluidas en este trabajo. Modificado de Gernandt *et al.*, 2005a

Subsección *Cembroides*

Para Malusa (1992) la subsección *Cembroides* es el grupo de verdaderos piñoneros. Esta caracteriza por la producción de semillas grandes, en árboles de corteza delgada, lento crecimiento, acículas solitarias o en fascículos de dos a cinco, con vainas caedizas y con la base de las brácteas foliares no decurrentes, con liberación tardía de polen, y conos resinosos (Styles, 1993; Romero *et al.*, 1996). Se compone de 6 a 15 especies dependiendo la versión taxonómica que se considere (Tabla A.1; Anexo A). Las características morfológicas y genéticas más importantes de las especies empleadas en este trabajo se describen en el anexo A.

La subsección *Cembroides* se distribuye en los ambientes áridos del Norte y Centro de México, aunque algunas especies se distribuyen hasta el Sur de Estados Unidos (Styles, 1993). Todas presentan una alta tolerancia a la desecación y a los suelos de poco sustrato. Se ha fechado que la colonización de estos piñoneros en México ocurrió durante los inicios del Terciario (Gernandt, 2008) con una segunda diversificación para el clado de *P. culminicola*, *P. johannis* y *P. discolor* en el Cuaternario (Romero *et al.*, 2000).

Subsección *Nelsoniae*

Incluye sólo a la especie *Pinus nelsonii* por Shaw. En las filogenias basadas en caracteres moleculares (Gernandt *et al.* 2005b), la Subsección *Nelsoniae* es el grupo hermano de la Subsección *Balfourianae* y la Subsección *Cembroides*; sin embargo, su posición filogenética cambia según la perspectiva taxonómica (Tabla A.1; Anexo A) .

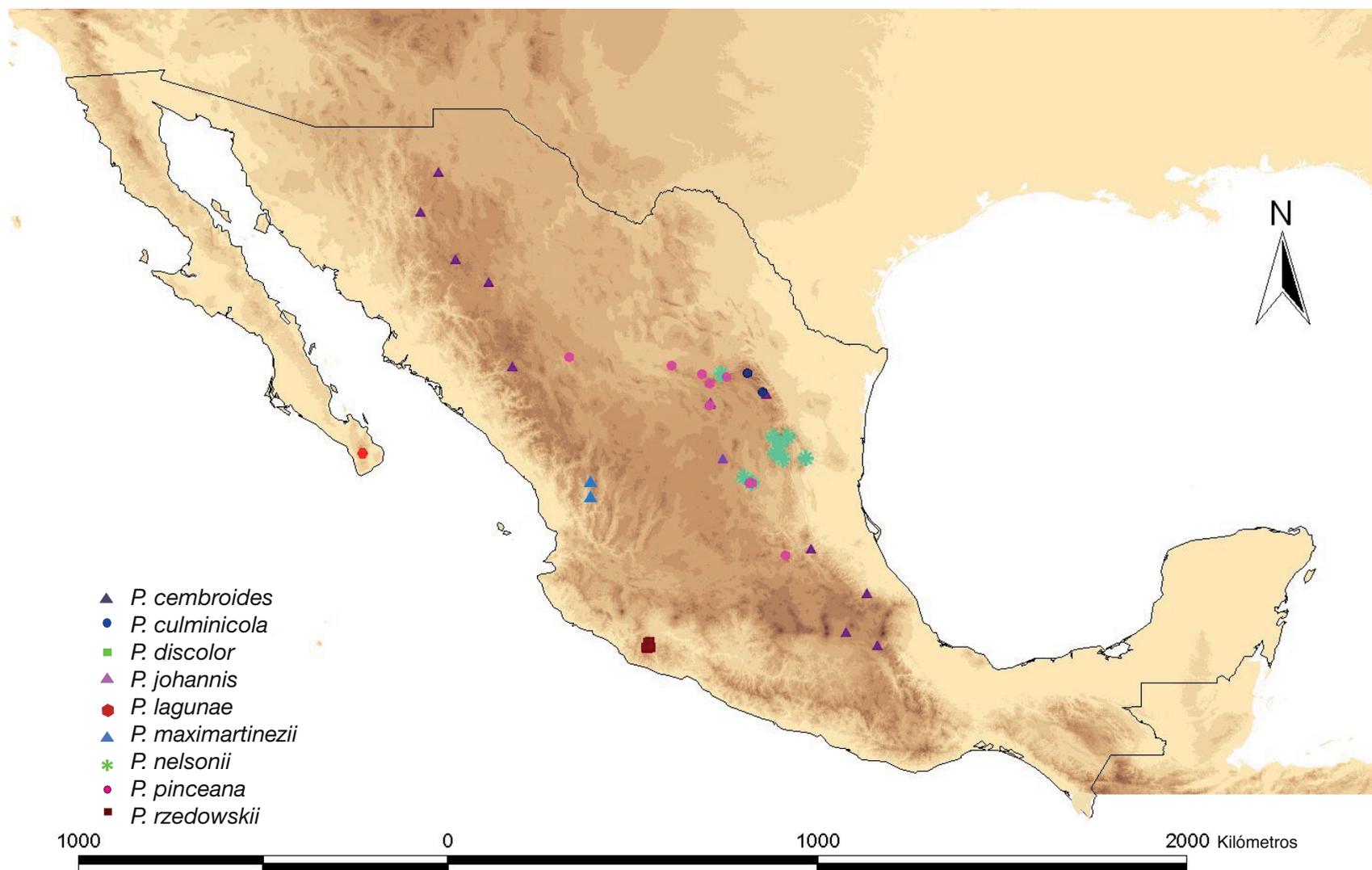


Figura 6 .Mapa de distribución de las poblaciones de las especies en las subsecciones *Cembroides* y *Nelsoniae* en México incluidas en este estudio.

Justificación

Los pinos (*Pinus spp.*) son especies dominantes en los bosques de las principales cadenas montañosas del país; se han reconocido 42 *spp.*, de las cuales 22 son endémicas. Por su alta diversidad y abundancia se ha considerado a México como un centro de diversidad del género (Farjon y Styles, 1997). De ellos, los pinos piñoneros, corresponden a 14 especies distribuidas en México y Estados Unidos con poblaciones pequeñas y en general de bajas densidades poblacionales, en las que se ha inferido cambios en la diversidad genética a lo largo de su historia evolutiva (Delgado 1998; Ledig, 2001; Molina-Freaner 2001; Escalante 2001; Cuenca *et al.* 2003; Cuenca 2003; Wegier *et al.*, no publicado).

Como consecuencia del crecimiento y desarrollo humano, el bosque de pinos y la biodiversidad adjunta han sido objeto de procesos de transformación, siendo que para el año 2002, la cobertura de los bosques de coníferas de nuestro país representaban la mitad de la original (Challenger *et al.*, 2009), es decir unos 22.2 millones de hectáreas. La reducción de la cubierta forestal y el aprovechamiento no sustentable pueden incrementar el riesgo de estas especies, si no se establecen prioridades de conservación que contemplen las variables intrínsecas al organismo y su dinámica ecológica. En el aspecto genético, la alteración del hábitat de una especie puede repercutir en la viabilidad y reducir su potencial adaptativo (Brown *et al.*, 1997), pues aumenta la proporción de cruza endogámicas y con la fijación de alelos por deriva génica, disminuyendo así su diversidad genética.

La riqueza genética, el grado de endemismo de los pinos piñoneros y la fragmentación del hábitat, hacen importante determinar cuales son las prioridades en nuestro país que contribuiría a tener una perspectiva para salvaguardar y emplear las estrategias de conservación adecuadas en estas especies.

Objetivo

Reconocer a partir de su diversidad genética, su distribución y su grado de vulnerabilidad, cuáles de las especies de pinos de las subsecciones *Cembroides* y *Nelsoniae* con mayor distribución en México (*P. cembroides*, *P. culminicola*, *P. discolor*, *P. johannis*, *P. lagunae*, *P. maximartinexii*, *P. nelsonii*, y *P. rzedowskii*), son las más susceptibles, así como las poblaciones en donde se deben priorizar estrategias de conservación.

Objetivos particulares

- Determinar si las características de variación y estructura genética del grupo y de cada especie indican una baja variabilidad genética en comparación con otras coníferas de distribución fragmentada.
- Reconocer, a partir de las características genéticas y de distribución, a las especies y poblaciones prioritarias para la conservación de la diversidad genética.
- Evaluar si la distribución de las especies está fuertemente restringida debido a las variables climáticas.
- Determinar si ha habido una reducción del nicho potencial de distribución de las especies, a partir del crecimiento de las áreas de explotación agrícolas y ganaderas del país.
- Reconocer la vulnerabilidad de cada una de las especies según los métodos de evaluación de riesgo de extinción.

Hipótesis

Las especies de pinos de las subsecciones *Cembroides* y *Nelsoniae* presentes en el país presentan distribuciones fragmentadas con pocas poblaciones y bajos números demográficos, en un hábitat amenazado que en las últimas décadas ha sido fuertemente explotado por actividades antropogénicas. Por ello, los efectos de la fragmentación, y el aislamiento entre poblaciones propiciarán reducciones en la variación genética y por tanto, el grado de vulnerabilidad evaluado por diferentes métodos, se incrementará.

Metodología

Muestreo del material biológico

Para este estudio se uso tejido foliar colectado en 2010 en la población El Mezquital; y para realizar un estudio inclusivo de *P. maximartinezii* se incluyó la población de Juchipila colectada en el año 2000. Además, se utilizaron las muestras de las poblaciones más distantes entre sí de *P. rzedowskii*, La Alberca y Chiqueritos colectadas en 1994 por Patricia Delgado. En cada una de las colectas se muestrearon al azar acículas de al menos 11 individuos.

Siendo sólo estas cuatro poblaciones de las que se extrajo el material genético, se amplificó y se realizaron trabajos de secuenciación. Sin embargo, a fin de reconocer los grados de variación genética y de analizar la situación del resto de las especies de las subsecciones *Cembroides* y *Nelsoniae*, *P. cembroides*, *P. culminicola*, *P. discolor*, *P. johannis*, *P. lagunae*, *P. nelsonii*, y *P. pinceana*, se integraron las frecuencias alélicas obtenidas en los estudios precedentes con aloenzimas como marcadores moleculares (Delgado, 1998, Molina-Freaner, 2001, Ledig, 2001) y las frecuencias haplotípicas de análisis con microsatélites (Cuenca, 2003, Cuenca *et al.* 2003, Escalante, 2001 y Wegier no publicado; Tabla B.1, en el Anexo B). Lo que abarca la gran mayoría de la distribución de las especies de piñoneros del país.

Extracción, amplificación y secuenciación de ADN

Para las poblacionales de *P. maximartinezii* y *P. rzedowskii*, antes mencionadas, se extrajo el ADN con el protocolo de extracción CTAB 2% *miniprep* modificado por Vázquez-Lobo (1996; Anexo D). La calidad del ADN se confirmó mediante la electroforesis de 2 µl de cada muestra en un gel de agarosa al 0.8% en TBE, teñido con bromuro de etidio al 0.1%. Se utilizó un buffer de TBE al 0.5% y los geles se corrieron durante 20–25 minutos con un voltaje de 120 W y una intensidad de 50 A.

El análisis genético comprendió la evaluación de diversidad a partir de siete microsatélites mononucleótidos con repeticiones de secuencia simple del cloroplasto (cpSSR's; Tabla 1; Vendramin *et al.* 1996). La amplificación de los fragmentos Pt87268, Pt71936, Pt63718 y Pt30204 se realizó a través de la reacción en cadena de la polimerasa (PCR), en cada uno de los individuos con los siguientes componentes (en un volumen total de 25 μ L): H₂O 11.4 μ L, 10 mM Buffer Tris-HCL (Promega) (5 μ L), 25 mM MgCl₂ (2.5 μ L), 10 mM dNTP's (0.4 μ L), 10 mM primer hacia adelante (*fwd*) y hacia atrás (*rev*) (1 μ L) respectivamente, una unidad de polimerasa GoTaq (Promega) (0.2 μ L) y 25 ng de ADN.

Tabla 1. Descripción y localización de los microsatélites de cloroplasto (Vendramin *et al.* 1996).

Posición	Localización	Microsatélite	Tamaño (pb)
Pt30204	<i>clpP</i>	(A) ₁₂ (G) ₁₀ (A) ₉ (G) ₈	140-145
Pt36480	espaciador <i>psbJ</i> - <i>petA</i>	(T) ₁₁ (T) ₉	147-145
Pt63718	<i>rpl2</i>	(T) ₁₀ (T) ₉	93-92
Pt71936	<i>IRF169</i>	(T) ₁₆ (T) ₄	148-146
Pt79951	34pb río abajo <i>trnS</i> (UGA)	(T) ₁₂ (T) ₉	145-142
Pt87268	espaciador <i>trnI</i> (GAU)- <i>trnA</i> (UGC)	(T) ₁₄ (T) ₁₀ C(T) ₅	165-167
Pt110048	intron <i>rps 12</i>	(T) ₁₀ (T) ₉	88-87

La amplificación se llevó a cabo en un termociclador Applied Biosystems 2720 siguiendo el siguiente protocolo: una extensión inicial de cinco minutos a 95°C, seguida de 35 ciclos, conformados por un minuto de desnaturalización a 94°C, un minuto de alineamiento a 63°C y treinta segundos de extensión a 72°C, terminando con una extensión final de siete minutos a 72°C. El éxito de la PCR se confirmó mediante electroforesis de 2 μ l de cada muestra en un gel de agarosa al 1% en TBE teñido con bromuro de etidio al 0.1%. Se utilizó un buffer de corrida TBE al 0.5% y los geles se corrieron durante 30 minutos con un voltaje de 120 W y una intensidad de 50 A.

Los productos exitosamente amplificados, que correspondían al peso molecular esperado se purificaron y secuenciaron mediante el servicio de High Throughput Genomics Unit (HTGU), del Departamento de Ciencias Genómicas de la Universidad de Washington (<http://www.htseq.org>). Las muestras fueron purificadas con el kit Exo-Sap™ y secuenciadas en un equipo ABI 3730xl. Los electroferogramas se inspeccionaron visualmente con el programa 4Peaks v. 1.7.1 (Griekspoor y Groothuis, 2006) y se editaron y alinearon manualmente con el programa Se-Align v. 2 (Rambaut, 2002).

Para los marcadores Pt110048, Pt79951, y Pt36480 se realizaron PCR multiplex utilizando oligos con fluorescencia (VIC, 6-FAM y NED, respectivamente) con los siguientes componentes en un volumen total de 30 μ L: H₂O 14.1 μ L, 10 mM Buffer Tris-HCL (Promega) (5 μ L), 25 mM MgCl₂ (3 μ L), 10 mM dNTP's (0.6 μ L), 10mM Oligo Fwd y Rev (1 μ L) respectivamente, una unidad de Polimerasa GoTaq (Promega) (0.3 μ L) y 30 ng de ADN. La amplificación se llevó a cabo en un termociclador siguiendo el siguiente protocolo: una extensión inicial de seis minutos a 95°C, seguida de 35 ciclos, conformados por un minuto de desnaturalización a 94°C, un minuto de alineamiento a 52°C y por treinta segundos de extensión a 72°C, terminando con una extensión final de siete minutos a 72°C.

El producto de la PCR se confirmó mediante electroforesis y de los productos exitosamente amplificados se procedió al análisis de fragmentos en el Roy J. Carver Biotechnology Center de la Universidad de Illinois en Urbana-Champaign (<https://unicorn.biotech.uiuc.edu/>) con una electroforesis de capilares en un equipo ABI prism 3720XL. Los cromatogramas resultantes fueron leídos a través de un marcador de pares de bases de fluorescencia LIZ con una graduación a 500 pb en el programa Peak Scanner v. 1.0 (Applied Biosystems, 2006)

Análisis de diversidad genética

Los índices de diversidad genética se calcularon a partir del estimador de heterocigosis total (H_T ; Hudson *et al.*, 1992) y la estructura genética de las poblaciones a partir de R_{ST} (Slatkin, 1995) y F_{ST} (Wright, 1951). Estos fueron calculados para todas las especies a partir de las frecuencias haplotípicas reportadas u obtenidas (para *P. maximartinezii* y *P. rzedowskii*) en los análisis a partir de microsatélites (Anexo D) con el programa Arlequin v. 3.11 (Excoffier *et al.*, 2007). Los índices estimados a partir de aloenzimas se tomaron directamente de los datos reportados en cada uno de los estudios previos (Delgado, 1998, Molina-Freaner, 2001, Ledig, 2001).

La diversidad genética y su distribución en las poblaciones

Con el propósito de determinar la importancia de cada población para el mantenimiento de la diversidad genética se realizó una categorización de los valores de diversidad genética (H_T) reportados u obtenidos (*P. rzedowskii* y *P. maximartinezii*) para los estudios de microsatélites, a partir de los intervalos clasificando de la siguiente manera; $[0 < 0.049]$ como nivel bajo, $[0.05 < 0.15]$ como el nivel medio entre, y $[0.15 < 1]$ como nivel alto. Los intervalos numéricos fueron utilizados igualmente para la variación genética (H_T) como para la diferenciación poblacional (F_{ST}).

Para la definición las UES se hicieron propuestas para el ejercicio de los planes preventivos en caminados a la conservación. Se utilizó a la heterocigosidad de cada subpoblación (H_S) como estimador de la variación genética acumulada en las poblaciones) y a la estructuración poblacional (F_{ST}) de cada especie como un estimador de la independencia genética entre las poblaciones, para señalar a las poblaciones con más alta variación como las unidades a conservar.

Modelación de la distribución potencial

Los objetivos de realizar este análisis fueron: (1) determinar si la restricción a la distribución de las especies está limitada sólo los factores ambientales y así, inferir si la distribución fragmentada corresponde a la poca disponibilidad de su hábitat; (2), determinar cómo la localización y extensión de los diferentes tipos de vegetación y de uso del suelo (agricultura, uso pecuario, forestal, y áreas urbanas) han restringido la

distribución y (3), inferir zonas potenciales para la restauración de las especies.

Los modelos de distribución potencial de cada una de las especies se generaron con el programa MAXENT ver. 3.2.19 (Phillips *et al.*, 2006) con las georeferencias de cada una de sus poblaciones y con 19 capas ambientales de WorldClim (Hijmans *et al.*, 2005), estas contienen los datos climáticos de diferentes temporadas del año, tales como precipitación y temperatura promedio.

Independientemente, se modelaron unas segundas distribuciones potenciales para cada especie con el mismo programa, pero integrando una capa cualitativa (CONABIO, 1999) con la caracterización del uso de suelo actual, y las 12 categorías principales de tipos de vegetación de Miranda y Hernández-Xolocotzi (1963) y Rzedowski (1978) a las capas ambientales. En ambos modelos, la distribución potencial resultante se restringió hasta el valor de presencia mínima, es decir, la probabilidad más baja de presencia que coincidiera con una georeferencia para la especie.

De cada uno de los modelos, se cuantificó el área de distribución con ayuda del programa de información geográfica (ArcView 3.2) y el paquete de herramientas ArcView Projection Utility (ver. 1.0, 1999), para cambiar al tipo de proyección que correspondería a las dimensiones de área de la República Mexicana (Word-Mol Weide [5400]). Esto para comparar los cambios entre los dos modelos de cada especie.

Correlación entre la diversidad genética y el área de distribución en grupos restringidos

Se utilizó una regresión lineal y una correlación multivariada *stepwise* para establecer una relación entre la diversidad genética, la diferenciación poblacional y el área de distribución potencial, lo cual apoyaría la hipótesis donde una población pequeña tendrá un bajo nivel de variación genética. En ambos análisis la variable respuesta la diversidad genética (H_T) y como variables independientes el área de distribución y la estructuración poblacional que fueron obtenidas con los procedimientos de análisis de diversidad genética y el modelaje de la distribución potencial. Estos análisis estadísticos se realizaron con el programa Minitab 15 (Minitab Statistical Software).

Además, para conseguir un enfoque comparativo, se incluyeron los datos reportados para las siete especies del género *Abies* distribuidas en el país, para las que se ha reportado una alta variación genética (Tabla C.2; Anexo C ; Aguirre-Planter *et al.*, 2008; *et al.*, 2012). Estas además presentan una distribución fragmentada (Anexo H; Tabla H.2) características que se asemeja a los patrones encontrados en los piñoneros.

Distribución con Áreas Naturales Protegidas, protección espacial

A través de los puntos de distribución y del mapa de las 174 áreas naturales protegidas decretadas hasta la fecha en el país (CONANP, 2007) se generó un nuevo mapa con el programa ArcView 3.2. El objetivo de este era revisar si las poblaciones de cada una de las especies se ubicaban dentro de áreas bajo algún tipo de protección.

Identificación de grupos en peligro y mecanismos de evaluación

El tipo de rareza se identificó a partir de la tipología propuesta por Rabinowitz (1981) según la interacción de las características de distribución geográfica, la especificidad del hábitat y el tamaño de cada población. También se incluyó la abundancia de individuos y la presencia de otras especies arbóreas en el hábitat, que fueron tomadas a partir de las observaciones hechas durante la colecta del material biológico.

Independientemente, se consultó la Lista Roja de especies en peligro de extinción de la UICN (versión 2011.2), y se reclasificaron las especies de interés utilizando el criterio de distribución geográfica, fragmentación y reducción del hábitat que considera el área de extensión, la amplitud de la distribución y el número de poblaciones para determinar la categoría de amenaza (detalles en el Anexo J).

Para la categorización vigente del estado de riesgo en el país se consultó en el Listado de especies en peligro del MER NOM-059 SEMARNAT 2010 (DOF, 6 /dic/2010) y se reclasificó utilizando el cuestionario de evaluación del Método de Evaluación del Riesgo de extinción de las especies de plantas silvestres en México (DOF, 6 /dic/2010). Para esto se consideraron las características de distribución geográfica, de hábitat, la vulnerabilidad biológica intrínseca (a partir de datos genéticos y de sus interacciones ecológicas) y el índice de impacto antropogénico (detalles en el Anexo I). Para este método se calculó el intervalo de error posible a partir de la suma de las probabilidades

de las opciones más semejantes a la adecuada; por ejemplo, considerando que en una pregunta se tuvieran cuatro posibles respuestas, las probabilidades de error corresponderían a escoger una de las dos posibilidades más semejante a la correcta.

Resultados

Diversidad genética

En los análisis de aloenzimas la heterocigosis más elevada se encontró en *P. lagunae* y la más baja en *P. maximartinezii*. En cuanto a la diferenciación poblacional, *P. pinceana* tiene la menor diferenciación entre las poblaciones y *P. lagunae* presenta mayor diferenciación en los subgrupos dentro de su distribución (Tabla 2).

Para *P. maximartinezii* se encontraron 5 loci polimórficos que en combinación formaron 20 haplotipos. La diversidad genética (H_T) obtenida fue de 0.955, mientras que la diferenciación entre las dos poblaciones fue de -0.033 (R_{ST}) y fue de 0.077 (F_{ST}) (ver Tabla E. 6 del Anexo E para detalles).

Tabla 2. Variación y diferenciación genética poblacional para las especies de piñoneros obtenidos a partir de distintos marcadores genéticos.

Especie	Microsatelites			Aloenzimas			
	H_T	F_{ST}	R_{ST}	H_T	F_{ST}	[n]	Autor
<i>Pinus cembroides</i>	0.6	0.025	0.033			3	Cuenca, 2003.
<i>P. culminicola</i>	0.902	0.123	0.34			3	Wegier <i>et al.</i> no publicado
<i>P. discolor</i>	0.817	0.086	0.068			3	Cuenca, 2003.
<i>P. johannis</i>	0.697	0.115	0.285			3	Cuenca, 2003.
<i>P. lagunae</i>				0.386	0.188	14	Molina-Freaner, 2001.
	0.510	---	---			3	Cuenca, 2003.
<i>P. maximartinezii</i>				0.127	---	10	Ledig, 2001.
	0.955	0.077	-0.033			5	Este estudio
<i>P. nelsonii</i>						4	Cuenca <i>et al.</i> , 2003.
	0.650	0.131	0.047	0.173	0.152	23	Ledig, 2001.
<i>P. pinceana</i>				0.374	0.247	13	Molina Freaner, 2001.
	0.823	0.472	0.914			4	Escalante, 2001.
<i>P. rzedowskii</i>				0.219	0.175	9	Delgado, 1998.
	0.984	0.025	0.124			5	Este estudio

Nota: H_T heterocigosis esperada; F_{ST} corresponde al índice de diferenciación genética, para los datos de microsatelites también se muestra R_{ST} ; loci es el número de loci polimórficos. Las frecuencias haplotípicas a partir de las cuales se obtuvieron estos índices se pueden consultar en el Anexo E.

En *Pinus rzedowskii* se encontraron 6 loci polimórficos, que formaron 25 haplotipos. La diversidad genética (H_T) obtenida fue de 0.984, mientras que la diferenciación entre las dos poblaciones (F_{ST}) fue de 0.025 y (R_{ST}) fue de 0.124 (para detalles consultar Tabla E.9; Anexo E).

Aunque los índices de estructuración se muestran más altos con el otro tipo de marcador se tiene que tener en cuenta que sólo se incluyeron dos poblaciones distantes geográficamente. La alta diferenciación encontrada en el estudio con aloenzimas Delgado (*et al.* 1998) sugiere dos escenarios filogeográficos para el origen de las poblaciones actuales: 1) a partir de colonizaciones por la dispersión de una población grande, o 2) la fragmentación de una población muy heterogénea durante los eventos de cambio climático del Pleistoceno (Millar, 1998).

En conjunto, en los estudios realizados con cpSSRs se observó que *P. rzedowskii* presenta la heterocigosis más alta, mientras que la más baja se encontró en *P. lagunae*. Para la estructuración se detectó mayor diferenciación en *P. pinceana*, mientras que en *P. maximartinezii* la diferenciación fue negativa, que puede ser explicada por el mayor grado de variación dentro una población .

Se han encontrado en este grupo elevados números de loci polimórficos, y con altas proporciones de haplotipos privados por especie (Tabla 3).

Tabla 3. Diversidad haplotípica y genética encontrada con cpSSR's

	H_T	Haplotipos totales	Haplotipos privados	Autor
<i>P. cembroides</i>	0.6	17	4	Cuenca, 2003
<i>P. culminicola</i>	0.902	16	7	Wegier, <i>no publicado</i>
<i>P. discolor</i>	0.817	13	9	Cuenca, 2003
<i>P. johannis</i>	0.697	10	6	Cuenca, 2003
<i>P. lagunae</i>	0.510	4	1	Cuenca, 2003
<i>P. maximartinezii</i>	0.955	20	10	Este estudio
<i>P. nelsonii</i>	0.650	27	11	Cuenca <i>et al.</i> , 2003
<i>P. pinceana</i>	0.823	14	6	Escalante, 2001
<i>P. rzedowskii</i>	0.984	25	20	Este estudio

La diversidad genética y su distribución en las poblaciones

A partir de la categorización de la variación genética, en *P. cembroides*, *P. culminicola*, *P. discolor*, *P. maximartinezii* y *P. rzedowskii* se encontró que la diversidad genética total (H_T) es el factor que aporta más a la diversidad genética de la especie, mientras que sus poblaciones se mantienen poco diferenciadas. Es decir, las diferencias dentro de las poblaciones son semejantes a las diferencias entre las poblaciones.

En contraste, en *P. johannis*, *P. nelsonii* y *P. pinceana* ambos factores, la hererocigosidad y estructuración genética, contribuyen de la misma manera a la diversidad genética. Es decir, tienen poblaciones con alta variación y sus poblaciones están muy diferenciadas entre sí. Por lo tanto, salvaguardar cada población representa conservar un porcentaje importante de la variación acumulada en estas especies.

Tabla 4. Estandarización de los valores de variación y estructura genética poblacional.

Especie	H_T^*	F_{ST}^*	Autor
<i>Pinus cembroides</i>	Medio	Bajo	Cuenca, 2003
<i>P. culminicola</i>	Alto	Medio	Wegier, no publicado
<i>P. discolor</i>	Alto	Medio	Cuenca, 2003
<i>P. johannis</i>	Medio	Medio	Cuenca, 2003
<i>P. lagunae</i>	Bajo	---	Cuenca, 2003
<i>P. maximartinezii</i>	Alto	Medio	Este estudio
<i>P. nelsonii</i>	Medio	Medio	Cuenca <i>et al.</i> , 2003
<i>P. pinceana</i>	Alto	Alto	Escalante, 2001
<i>P. rzedowskii</i>	Alto	Medio	Este estudio

* Índices estandarizados

A causa de la amenaza del hábitat y la alta diferenciación genética en todas las especies propongo a las poblaciones más diversas sean incluidas como UES independientes, a pesar de que no cumplan la definición estricta de dichas unidades, porque no se puede determinar si los haplotipos privados son evidencia de migración entre las poblaciones.

Considerando la diversidad genética en cada población (H_S) se proponen diferentes poblaciones de cada especie como candidatas potenciales de UES (Tabla 4; Figura 9).

Tabla 5. Determinación de Unidades Evolutivamente Significativas a partir de los índices de diversidad genética de las especies de piñoneros de las subsecciones *Cembroides* y *Nelsoniae* en México.

Población	Aloenzimas		Microsatélites		
	<i>H</i>	<i>F_{ST}</i>	[<i>n</i>]	<i>H_s</i>	<i>F_{ST}</i>
(1) <i>Pinus cembroides</i>					0.025
El Seco (Candelaria)			5	0.37	
Ajalpan			3	0.54	
Frijol Colorado			5	0.60	
Babícora			5	0.65	
Panalachic			3	0.48	
San Buenaventura			3	0.28	
Yugarí			8	0.79	
Saltillo			10	0.80	
El Chicharo			5	0.51	
Tepehuanes			7	0.58	
Galeana			8	0.75	
El Madroño			6	0.63	
Mazapil			7	0.74	
(2) <i>Pinus culminicola</i>					0.123
Vieja			11	0.91	
Cerro del Potosí			7	0.77	
(3) <i>Pinus discolor</i>					0.086
Colonia Juárez			7	0.81	
Sierra de San Miguelito			10	0.75	
(4) <i>Pinus johannis</i>					0.115
La Amapola			4	0.57	
Las Lajas			4	0.62	
Mazapil			5	0.65	
(5) <i>Pinus lagunae</i>		—			—
Sierra de la Laguna	0.12		4	0.51	
(6) <i>Pinus maximartinezii</i>		—			0.077
Juchipila	0.12		11	0.93	
El Mezquital			10	0.89	

Continúa →

UES, señaladas en fondo gris; [*H_s*], diversidad genética; [*n*] Número de haplotipos polimorficos y [*F_{ST}*] la estructuración poblacional de la especie

Continuación →

Tabla 5. Determinación de Unidades Evolutivamente Significativas

	Población	Aloenzimas		Microsatélites		
		H	F_{ST}	# haplotipos	H_s	F_{ST}
(7)	<i>Pinus nelsonii</i>					0.131
	Peña Nevada			28	0.66	
	San Lázaro			24	0.85	
	Miquihuana			20	0.86	
	Duraznillos			30	0.19	
	Antonias			45	0.84	
	Tula			17	0.72	
	Membrillo			18	0.52	
	Tapona			23	0.24	
(8)	<i>Pinus pinceana</i>		0.374			0.472
	Ejido el Capulín	0.20				
	Dos de Abril	0.16				
	Sierra de Parras	0.19		4	0.56	
	Sierra la Mina	0.19				
	Cañón de la Laja	0.15				
	Cañón la Yesera	0.16				
	San Joaquín	0.12		2	0.13	
	Huizache			7	0.69	
	Cuauhtemoc			3	0.50	
	Guadalcazar			5	0.75	
	Tolantongo			1	0.00	
(9)	<i>Pinus rzedowskii</i>		0.175			0.025
	Vaca Pinta	0.239				
	El Varaloso	0.141				
	La Soledad	0.143				
	Fresno	0.175				
	Alberca	0.141		10	0.981	
	Chiqueritos	0.168		15	0.968	
	P. Varaloso	0.129				
	Pinabete	0.174				
	Aguacatera	0.162				

UES, señaladas en fondo gris; [H_s], diversidad genética; [n] Número de haplotipos encontrados en cada población y [F_{ST}] la estructuración poblacional de la especie

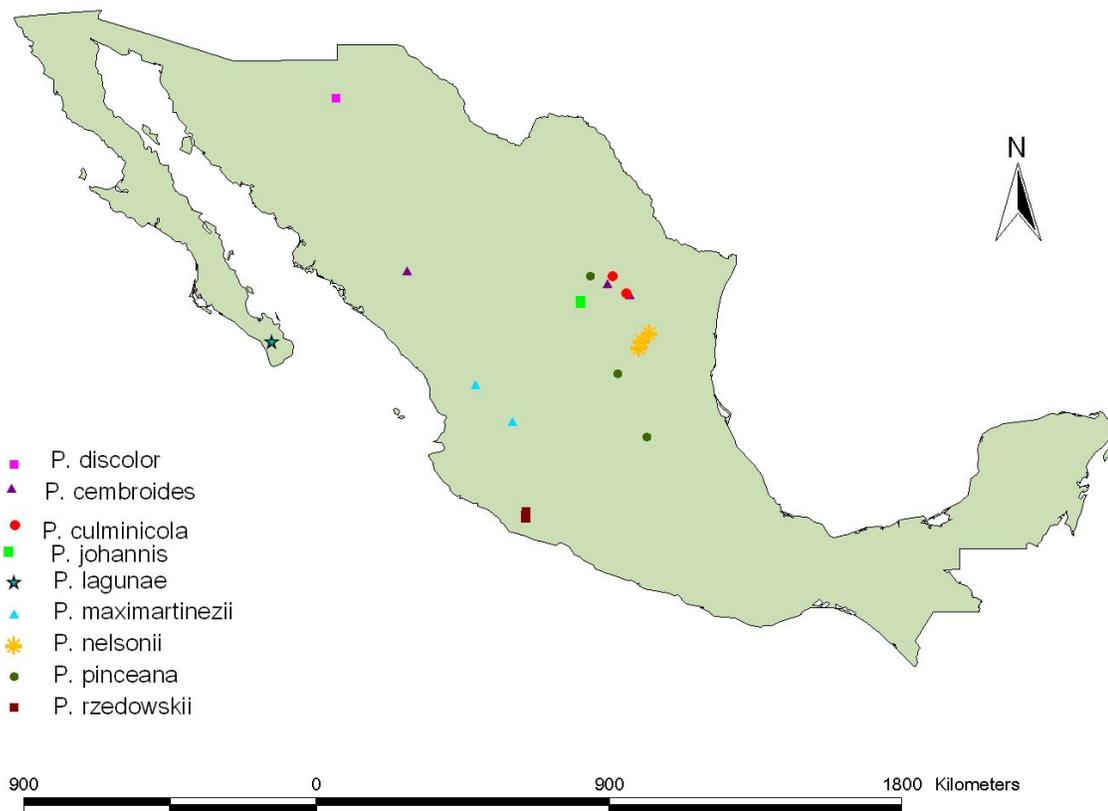


Figura 7. Ubicación geográfica de las Unidades Evolutivamente Significativas propuestas para cada una de las especies de piñoneros de las subsecciones *Cembroides* y *Nelsoniae* en México.

Distribución potencial

Las áreas de distribución cuantificada como potencial para cada especie abarcó hasta el valor probabilístico más bajo que coincidiera con un sitio de presencia de la especie; en los modelos que consideran las variables climáticas los valores de presencia mínima van de 0.094 para *P. pinceana* y hasta 0.68 para *P. johannis*. Mientras que para los modelos que consideran las variables climáticas y los tipos de vegetación y uso de suelo, van de 0.084 para *P. pinceana* hasta 0.73 para *P. johannis*. Los valores de presencia mínima se encuentran en el Tabla G.1, Anexo G.

Tabla 6. Áreas de distribución obtenidas con el modelaje de nicho y porcentaje de reducción contemplando los dos modelos. En la columna de % de reducción presenta la proporción de la reducción del área entre los dos modelos.

	Área de distribución potencial [km²]	Área de distribución potencial con uso de suelo [km²]	% de reducción
<i>Pinus cembroides</i>	357,168.77	337.95	99.90
<i>P. culminicola</i>	3, 913.13	1, 445.51	63.06
<i>P. discolor</i>	440, 829.71	212,709.52	51.74
<i>P. johannis</i>	10, 950.05	6,878.97	37.17
<i>P. maximartinezii</i>	104, 859.44	88, 646.21	15.46
<i>P. nelsonii</i>	209, 385.37	207, 454.06	0.92
<i>P. pinceana</i>	413, 561.12	351, 764.63	14.94
<i>P. rzedowskii</i>	1, 278.58	1, 065.27	16.68

A partir de las diferencias obtenidas en la cuantificación del área potencial de distribución entre los dos modelajes se calculó el porcentaje de reducción (ver Tabla 5). En general, los modelos resultantes cuantificaron áreas fragmentadas y mayores a los registros actuales de presencia para todas las especies. Sin embargo, para *P. lagunae* las características climáticas en la única georreferencia no brindaban suficiente especificidad para validar las zonas de presencia en ninguno de los dos modelajes.

Las variables con mayor efecto en los modelos de distribución con las condiciones climáticas fueron la temperatura media anual y la precipitación media anual, mientras que para los modelos que consideran los tipos de vegetación y el uso de suelo la caracterización de suelo y la temperatura media en los meses más secos fueron las variables más influyente en el ajuste probabilístico. Cuando se comparan ambas distribuciones potenciales se observan reducciones significativas en el área probable del modelo que contempla los usos de suelo y los tipos de vegetación (Tabla 6). Las reducciones más importantes se presentó en *P. cembroides* con un porcentaje mayor al 99%.

También se observan reducciones significativas en el área de distribución de *P. culminicola* y *P. discolor*, dos especies restringidas a pequeñas zonas de la Sierra Madre Occidental. Sin embargo, en general, no se puede considerar que los cambios

antropogénicos de las últimas décadas han reducido el área la distribución de las especies (ver discusión). Los mapas obtenidos de cada modelos se muestran en el Anexo G.

Correlación entre la diversidad genética y el área de distribución en grupos restringidos.

Tanto para la regresión lineal como para la correlación se excluyeron los datos de los índices de variación de *P. lagunae* dado que al ser una población única no fue posible establecer una referencia de estructuración poblacional y cuantificar su área de distribución potencial. También se eliminaron para el análisis con aloenzimas los datos de *P. maximartinezii* del estudio de Ledig (2001) dada la ausencia de un índice de estructuración poblacional.

Para la correlación multivariada no se obtuvo ningún nivel de significancia entre las variables (Tabla 7).

Tabla 7. Valores de significancia [p] en la correlación *stepwise* para aloenzimas.

	Diferenciación poblacional [F_{ST}]	Área de distribución
Diversidad genética [H_T]	0.241	0.331

Para la regresión se correlacionaron la diversidad genética (H_T) y la estructuración poblacional (F_{ST}), se obtuvo una relación no significativa ($r^2=0.00048$), incluso después de utilizar el patrón de ajuste lineal y con el fin de establecer una construcción gráfica se utiliza al área de distribución como una variable cualitativa (Figura 9).

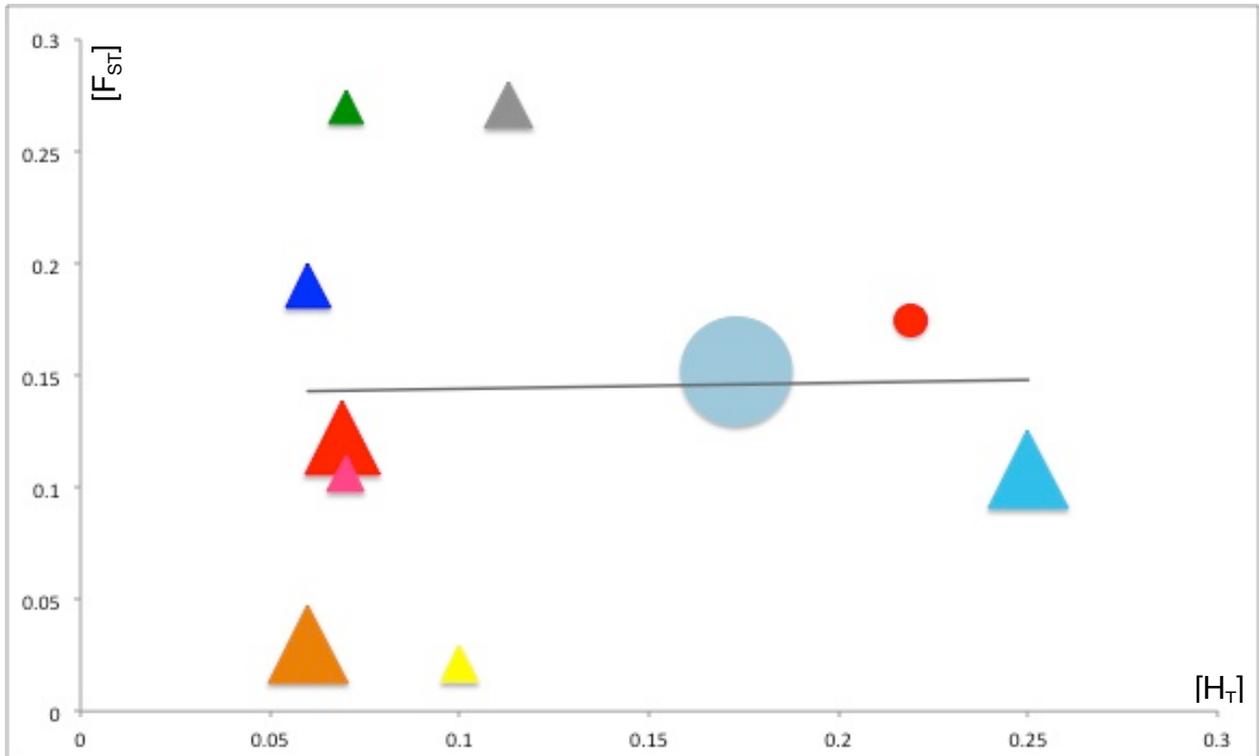


Figura 8. Correlación entre la diversidad genética de la especie [H_T] y la diferenciación poblacional [F_{ST}], en abetos (triángulos) y piñoneros mexicanos (círculos) con estudios de aloenzimas. Cada círculo corresponde a una especie de piñonero en donde el tamaño de la figura corresponde al área proporcional en la que se distribuye. Corresponde el triángulo verde a *A. concolor*, el triángulo azul oscuro a *A. durangensis*, el triángulo anaranjado a *A. durangensis* var. *coahuilensis*, el triángulo gris a *A. flinckii*, el triángulo rojo a *A. guatemalensis*, el triángulo amarillo a *A. hickeli*, el triángulo azul cielo a *A. religiosa* y el triángulo rosa a *A. vejarii*, el círculo azul *P. pinceana* y el círculo en rojo a *P. rzedowskii*. En gris la recta obtenida con la rearesión lineal.

De la misma manera para los datos de *cpSSR* la correlación multivariada *stepwise* no encontró ninguna relación significativa entre las variables (Tabla 8). Para la regresión lineal entre las variables genéticas y el área de distribución como variable cualitativa tampoco se obtuvo una relación significativa ($r^2=0.013$; Figura 10).

Tabla 8. Valores de significancia [p] en la correlación *stepwise* para *cpSSR*.

	Diferenciación poblacional [F_{ST}]	Área de distribución
Diversidad genética [H_T]	0.726	0.442

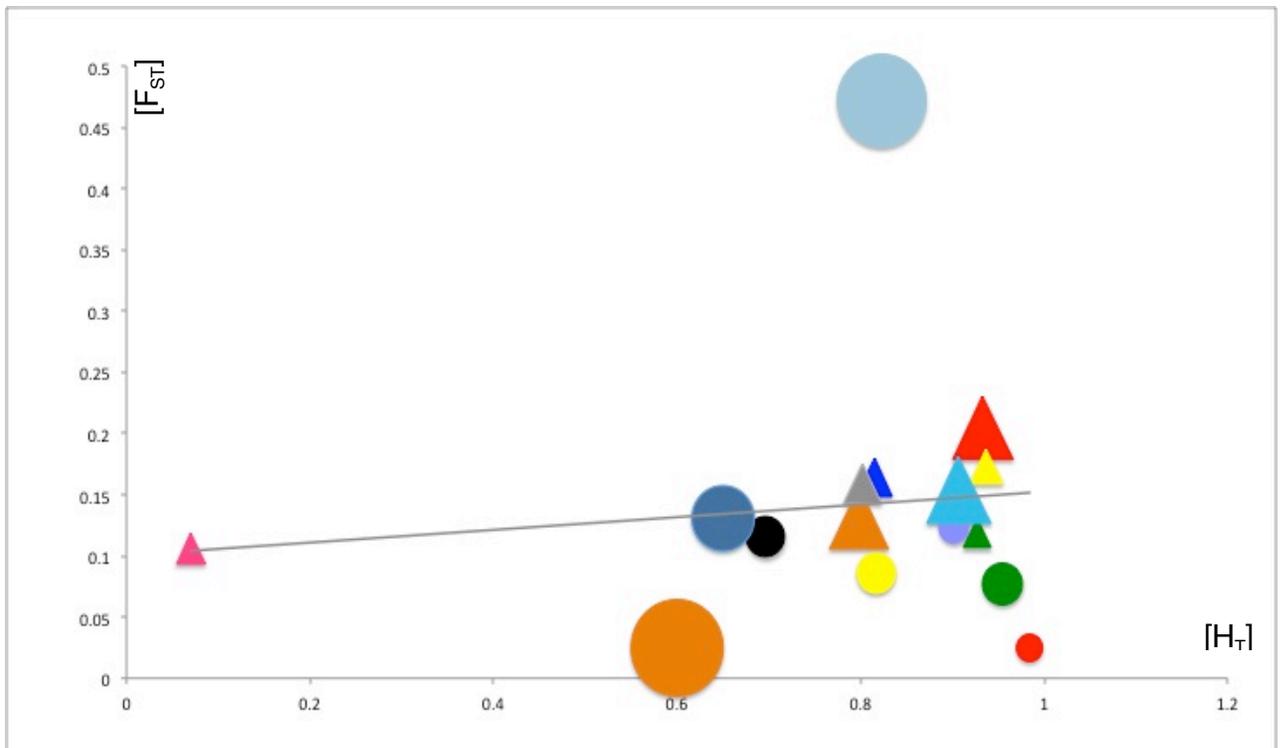


Figura 9. Correlación entre la diversidad genética de la especie $[H_T]$ y la diferenciación poblacional $[F_{ST}]$, en abetos (pinos) y piñoneros mexicanos (círculos) con estudios de microsatélites. Cada círculo corresponde a una especie de piñonero en donde el tamaño de la figura corresponde al área proporcional en la que se distribuye.

Corresponde triángulo verde a *A. concolor*, el triángulo azul oscuro a *A. durangensis*, el triángulo anaranjado a *A. durangensis* var. *coahuilensis*, el triángulo gris a *A. flinckii*, el triángulo rojo a *A. guatemalensis*, el triángulo amarillo a *A. hickeli*, el triángulo azul cielo a *A. religiosa* y el triángulo rosa a *A. vejarii*, el círculo anaranjado a *P. cembroides*, el círculo morado a *P. culminicola*, el círculo amarillo a *P. discolor*, el círculo negro a *P. johannis* el círculo azul oscuro a *P. nelsonii* el círculo verde a *P. maximartinezii*, el círculo azul claro a *P. pinceana* y el círculo en rojo a *P. rzedowskii*, y la línea en gris corresponde a la regresión lineal.

Identificación de grupos en peligro y mecanismos de evaluación

Al aplicar los criterios de selección de grupos prioritarios para la conservación (Faith, 1992; et al. 1994) sobre la reconstrucción filogenética más reciente (Gernandt et al. 2005b; Figura 12) se obtuvieron dos resultados alternativos. Usando el criterio de grupos basales, el clado de *P. pinceana*, *P. maximartinezii* y *P. rzedowskii* resulta prioritario para la conservación. Usando el criterio de divergencias recientes, *P. discolor*, *P. culminicola*, *P. johannis*, *P. cembroides* y *P. lagunae*, serían los taxa a conservar (Figura 10).

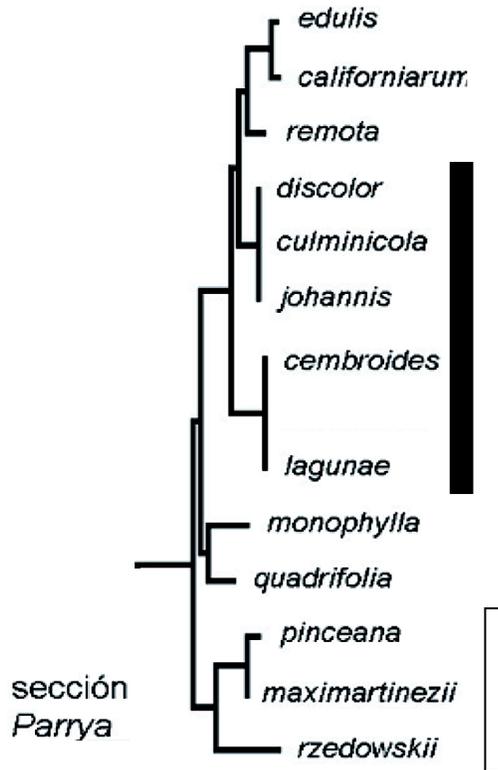


Figura 10. Selección de grupos prioritarios considerando las relaciones filogenéticas. En blanco el nodo de divergencia más antigua y en negro las divergencias más recientes.

En la clasificación del índice de Rabinowitz (1981) todas las especies poseen características de rareza. Los rasgos determinantes fueron la especificidad de hábitat para *P. cembroides*, el tamaño demográfico, para *P. johannis* y *P. discolor*, la distribución y la especificidad de hábitat para *P. lagunae*, *P. maximartinezii*, *P. nelsonii* y *P. pinceana* y la distribución restringida, la especificidad de hábitat y el tamaño demográfico para *P. culminicola* y *P. rzedowskii*.

La clasificación en la Lista roja de la UICN vigente sólo contaba con evaluaciones para cinco de estas especies: *P. cembroides*, *P. culminicola*, *P. maximartinezii*, *P. pinceana* y *P. rzedowskii*. En peligro (En), están determinadas *P. culminicola*, *P. maximartinezii* y *P. rzedowskii*, mientras que *P. pinceana* está en la categoría de casi amenazado (Nt) y *P. cembroides* está en la categoría de menor preocupación (Lc). Sin embargo, dado que todas estas evaluaciones requerían actualización según el propio listado (DOF, 06/dic/2010) se elaboró una evaluación con los criterios de restricción a la distribución

de la especie y el número de poblaciones.

Esta evaluación mostró que todas las especies están en alguna categoría de los niveles amenazados: *P. lagunae* en la categoría de peligro crítico (Cr), y en peligro (En) están *P. discolor*, *P. johannis*, *P. maximartinezii* y *P. rzedowskii*. Mientras que *P. culminicola*, *P. maximartinezii*, *P. rzedowskii* conservaron esta misma categoría de en peligro (En).

Para el listado de la NOM 059-SEMARNAT 2010 vigente se encontró que *P. cembroides* y *P. discolor* no están en riesgo, mientras que *P. maximartinezii* está en peligro de extinción (P) y el resto de las especies en protección especial (Pr). Sin embargo al reevaluar según el nuevo MER se encontró a *P. cembroides*, *P. nelsonii* y *P. rzedowskii* en la categoría de amenazado (A), y al resto de las especies en la categoría de peligro de extinción (P). El intervalo numérico entre las evaluaciones fue mínimo entre los puntajes obtenidos [0.540]; sin embargo este es mayor al intervalo de error posible [+/- 0.214] calculado a partir de la suma de las probabilidades de las opciones más semejantes a la opción adecuada. Para todas las clasificaciones se aprecia que en todas las especies hay un estado de riesgo según los aspectos de cada evaluación. El comparativo de todas las evaluaciones y los métodos de evaluación se presenta en la Tabla 9. El cambio más drástico se aprecia en la asignación por el MER de plantas silvestres en la que presentan los dos estados más severos de amenaza.

Distribución con Áreas Naturales Protegidas, protección espacial.

La concordancia encontrada entre la distribución de los piñoneros y las áreas naturales protegidas (Figura 10) reveló que la protección espacial para las poblaciones de *P. lagunae* de la Reserva de la Biosfera Sierra de la Laguna, y para las dos poblaciones de *P. culminicola* en las colindancias con el Área de Protección de Flora y Fauna Ocampo, Coahuila, estarían bajo protección espacial.

Esto también se observó para dos poblaciones de *P. discolor* y *P. cembroides* en las colindancias del Área de Protección de Flora y Fauna Sierra de Alamos-Río Cuchujaqui, Sonora y de las poblaciones en Colonia Juárez y San Buenaventura respectivamente, mientras que para *P. pinceana* en la población de Huizache y *P. cembroides* en la población de El Madroño se mantienen protegidos con los límites de la Reserva de la Biosfera Sierra Gorda, Querétaro.

Tabla 9. Categorías de riesgo y rareza en las especies de pinos piñoneros mexicanos.

	Índice de Rabinowitz	Clasificación UICN (2011)	Clasificación UICN	NOM 059-SEMARNAT 2010	MER plantas silvestres		
<i>Pinus cembroides</i>	R.2	Menor preocupación	Lc Vulnerable [D2]	Vu	Amenazado	1.75	A
<i>P. culminicola</i>	R.7	Peligro [B1+2bc]	Pe Peligro [B1+2bc]	Pe Sujetas a protección especial	Pr Peligro de extinción	2.01	P
<i>P. discolor</i>	R.3		Peligro [B1+2a]	Pe	Peligro de extinción	2.01	P
<i>P. johannis</i>	R.3		Peligro [B1+2a]	Pe Sujetas a protección especial	Pr Peligro de extinción	2.15	P
<i>P. lagunae</i>	R.5		Peligro crítico [B1+2a]	Cr Sujetas a protección especial	Pr Peligro de extinción	2.10	P
<i>P. maximartinezii</i>	R.5	Peligro [B1+2bc]	Pe Peligro [B1+2a]	Pe Peligro de extinción	P Peligro de extinción	2.29	P
<i>P. nelsonii</i>	R.5		Vulnerable [B1+2a]	Vu Sujetas a protección especial	Pr Amenazado	1.97	A
<i>P. pinceana</i>	R.5	Casi amenazado	Nt Vulnerable [B1+2a]	Vu Sujetas a protección especial	Pr Peligro de extinción	2.13	P
<i>P. rzedowskii</i>	R.7	Peligro [D]	Pe Peligro [B1+2a]	Pe Sujetas a protección especial	Pr Amenazado	1.97	A

Para el índice de Rabinowitz las abreviaciones corresponden a R.2 Distribución amplia con poblaciones locales grandes en un hábitat específico; R.3 Distribución amplia con poblaciones de pocos individuos en un hábitat específico; R.5 Distribución restringida con tamaños de poblaciones locales grandes en un hábitat específico y R.7 Distribución restringida con poblaciones de pocos individuos en un hábitat específico. Para la clasificación la UICN, los criterios de evaluación corresponden a B1. Extensión del área de distribución con los subcriterios a) Fragmentación y número de localidades, b) Decremento en: i. área de distribución, ii. extensión del área de distribución o c) cambios extremos en el área de distribución y el criterio D. Poblaciones con área restringida o localidades con futura amenaza. Las abreviaciones de categorías de riesgo por sus siglas en inglés; Nt casi amenazado; Vu vulnerable; E en peligro y Cr en peligro crítico. Para la NOM-059-SEMARNAT-2010 se muestra el criterio de riesgo de la lista de especies vigente, y en la columna MER plantas silvestres se presenta la evaluación con base en el método vigente.

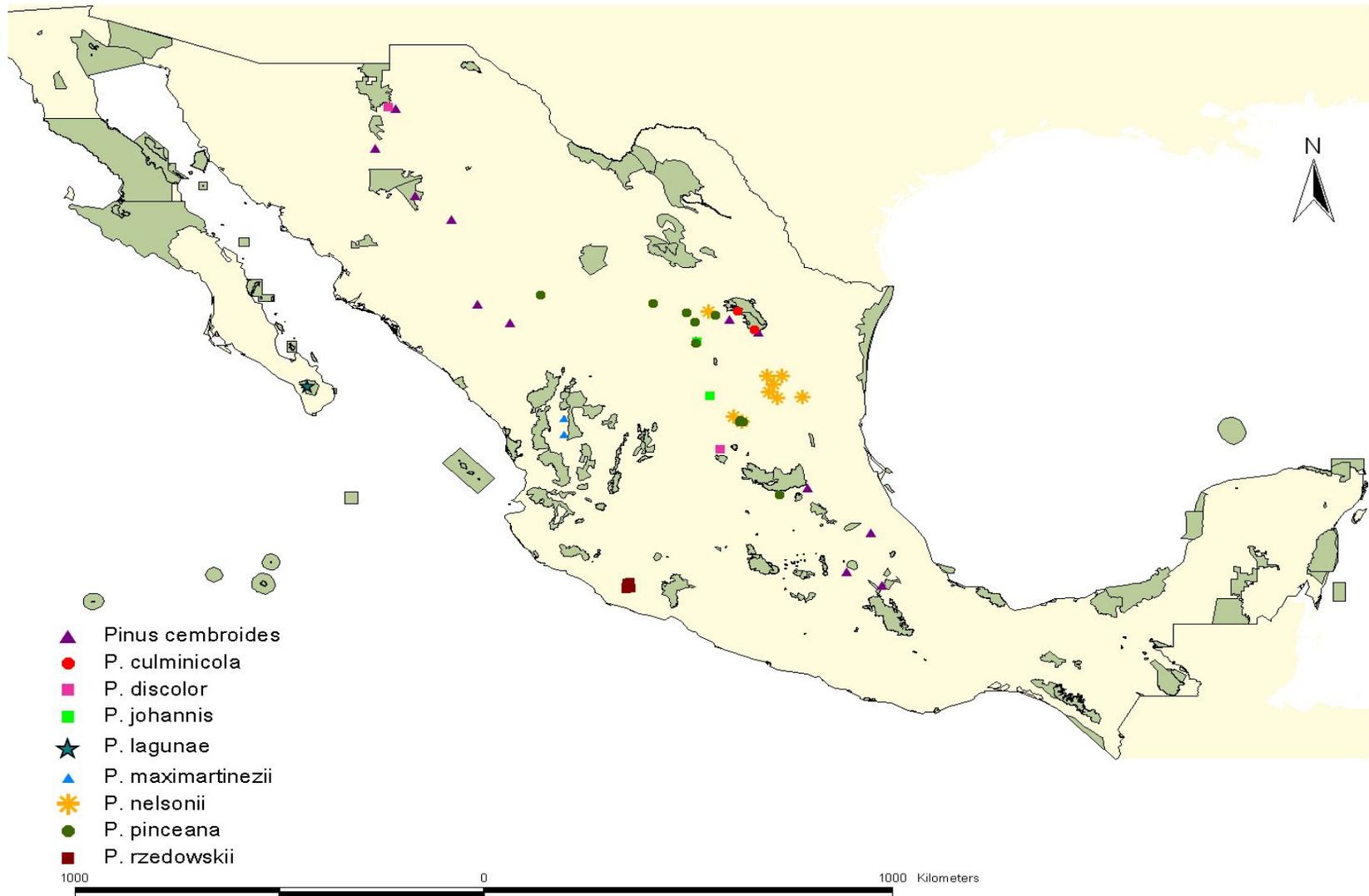


Figura 11. Distribución de los pinos piñoneros mexicanos junto con la delimitación de las Áreas Naturales Protegidas. En verde se señalan las regiones bajo algún tipo de protección legal de conservación y la simbología puntal de la distribución de Pinos por especie.

Discusión

Diversidad genética

Con los dos tipos de marcadores utilizados para determinar la variación genética en los estudios previos para el grupo, se ha encontrado alta diversidad comparado con otras coníferas de distribución amplia y restringida a pesar de su diferente tipo de herencia y de su tasa de mutación. Por ejemplo, en estudios de las especies de *Abies* en México en aloenzimas (Aguirre-Planter *et al.*, 2000; Aguirre-Planter *et al.*, 2012) se encontró una H_e de 0.802 y una F_{ST} de 0.536 muy similares a los encontrados en el presente estudio. Igualmente en *P. muricata*, de amplia distribución, y altos números demográficos (0.7 en Millar *et al.*, 1988 con aloenzimas y 0.77 en Karhu, 2006 con microsateles)

El alto porcentaje de haplotipos privados ha sido inferido como evidencia de expansiones poblacionales (Delgado, 1998; Escalante, 2001; Cuenca, 2003 y Cuenca *et al.* 2003).

Estructura genética

La diferenciación entre las poblaciones que para la mayoría podría considerarse en un nivel medio, no parece obedecer a un solo tipo de causa o proceso, sino que se debe a porcesos diferentes en cada especie.

Así, para *P. cembroides* no existe asociación entre la distancia geográfica y la diferenciación genética aparentemente debido a que el flujo genético ha mantenido a las poblaciones homogéneas (Cuenca, 2003).

En *P. nelsonii* en donde el alto flujo ancestral entre sus poblaciones, la demografía histórica y el alto número de haplotipos privados de la especie, es explicado por el paso por un cuello de botella seguido de una expansión poblacional (Cuenca *et al.* 2003).

En *P. discolor*, las diferencias genéticas se atribuyen a la introgresión con las poblaciones más cercanas de *P. cembroides* o *P. johannis*, con las que en su reciente divergencia no se han establecido las barreras de aislamiento reproductivo efectivas (Cuenca, 2003).

Para *P. johannis*, se obtienen valores altos entre las poblaciones, y pareciera seguir el patrón que se encuentra en *P. maximartinezii* y en *P. rzedowskii* en donde el alto nivel

de diferenciación entre sus poblaciones sugiere poco intercambio desde que se han mantenido separadas.

En *P. pinceana* se puede deducir un patrón de estructuración (Escalante, 2001) favorece la detección de poco flujo ancestral y/o un patrón de aislamiento por distancia en tres grupos.

A partir de la diversidad de procesos históricos que han ocurrido en las poblaciones de pinos piñoneros, las aproximaciones que evalúan la riqueza alélica o haplotípica absoluta de las poblaciones sin contemplar los eventos evolutivos que han moldeado la diversidad genética actual, podrían llevar a conclusiones erróneas sobre la conservación. El uso de índices que contemplan los modelos adecuados de mutación y la presencia de haplotipos o alelos en baja frecuencia (como D_{est} y R_{ST}), permite incorporar parte de los procesos evolutivos y dinámicas en las poblaciones que han originado la diversidad actual. Por lo anterior el uso de otro tipo de índices puede darnos inferencias más sólidas. Debido a esto, nuestra capacidad de análisis está limitada por los datos disponibles (que provienen de F_{ST}).

A pesar de esto, la distribución de la variación genética medida por H_S , nos permitió ubicar poblaciones con mayor diversidad y elaborar algunas propuestas respecto a ellas.

La diversidad genética y su distribución entre las poblaciones

La determinación a las Unidades Evolutivamente Significativas procura seleccionar a partir de diferenciación poblacional, la conservación de las regiones con mayor variación genética.

Es entonces importante considerar que a menor estructuración poblacional, la contribución y preservación de cada población es más relevante para la conservación de la diversidad genética de las especies, por ejemplo, en una especie poco variable pero con alta estructuración entre sus poblaciones (es decir, con baja heterocigosis pero en la que los alelos y sus frecuencias están repartidos distintivamente entre sus poblaciones) la pérdida de cualquiera de sus poblaciones representaría una reducción importante en toda la variación genética de la especie.

Adicionalmente hay que considerar que para la definición de UES mantener dentro de lo posible la conservación de la variación genética, delimitando prioridades para las comunidades con una alta riqueza evolutiva.

Sin embargo, el concepto de UES busca independencia entre las poblaciones, aspecto que puede ser difuminado por las evidencias del contexto histórico y/o el flujo ancestral que han dejado una “huella genética” en dos poblaciones que actualmente separadas o factores actuales como amenazas, fragmentaciones que alteran la variabilidad genética actual. Además, es importante considerar que a menor estructura, menor independencia entre las poblaciones y por tanto, mayor es la contribución a la variabilidad genética de cada población y en consecuencia, la preservación de cada una es importante.

Siguiendo estos argumentos se definieron UES en todas las especies de pinos piñoneros, ya sean poblaciones con el carácter independiente o poblaciones potenciales para delimitar planes preventivos encaminados a la conservación en un panorama de mayor amenaza.

Un segundo caso corresponde a *P. cembroides* en donde la contribución de la estructuración genética a la diversidad total de la especie hacen que las poblaciones sean muy parecidas. Sin embargo y siguiendo la priorización de las poblaciones más variables sobresalen por la cantidad de variación genética que han acumulado: Yugarí, Saltillo y Galeana.

Las definiciones de UES evidentes son de *P. culminicola*, *P. lagunae* y *P. maximartinezii*. Estas especies tienen un alto nivel de variación y pocas poblaciones, si bien para *P. culminicola* y *P. maximartinezii* la estructuración refleja que el grado de diversidad dentro de cada una de sus poblaciones es mayor a la diferenciación entre ellas.

Para *P. discolor* la poca diferenciación genética y la hipótesis de hibridación con *P. cembroides* y *P. johannis* (Cuenca, 2003) hace difícil definir UES, sin embargo, priorizando a partir del grado de variación, y los indicadores de migración se sugiere conservar la población de Colonia Juárez.

Las Lajas es la población seleccionada para *P. johannis*, dado que como se dijo en el apartado de estructuración genética, la simpatria con *P. cembroides* y la ausencia de barreras de aislamiento reproductivo absoluto, la selección de la población no simpátrica favorecería conservar la variación propia de la especie.

Las sugerencias de poblaciones propuestas como unidades de conservación en los trabajos de Cuenca (2003) y de Escalante (2001) para *P. nelsonii* y *P. pinceana* para las poblaciones genéticamente irrecuperables coincide con las poblaciones altamente variables y muy diferenciadas de entre del resto de las demás poblaciones, Miquihuana, Antonias y San Lázaro y Guadalcazar para *P. nelsonii*, y Guadalcazar y Sierra de Parras para *P. pinceana*.

Para *P. rzedowskii*, Delgado (1998) propone la protección de las poblaciones mas variables según el estudio con aloenzimas: Varaloso, El Fresno, La Alberca, Chiqueritos, Pinabate, y La Aguacatera.

Distribución potencial

Los modelos de distribución potencial para las especies de piñoneros pueden considerarse como una buena aproximación de la distribución real de las especies; pues a pesar de que los valores de presencia mínima llegan hasta el 0.094%, debe tomarse en cuenta que en este tipo de modelos no siempre se consideran las variables más determinantes para las especies y que los porcentajes bajos no presentan alta especificidad por un hábitat y/o condición climática o variable geográfica.

En los pinos piñoneros, la influencia de las variables en los cambios térmicos y precipitaciones medias anuales concuerda con lo esperado para los patrones de adaptación de especies de ambientes áridos y con poca disposición de nutrientes en el suelo. En cambio, la dependencia de los cambios de uso de suelo y tipos de vegetación en los modelos resulta determinante para las especies con mayor área de distribución como *P. cembroides* y *P. pinceana*, en contraste con las especies en donde las variables de mayor dependencia son cambios de temperatura. Esto concuerda con las especies de menor área de distribución y de difícil acceso o con pendientes pronunciadas, aspectos que hace que no sean áreas preferentes para áreas de cultivo o de uso ganadero.

Las disminuciones más importantes se presentan en *P. cembroides*, la especie más ampliamente distribuida, y en *P. culminicola* acotada a regiones montañosas de Coahuila y el centro de Nuevo León, regiones susceptibles a incendios forestales frecuentes (Díaz, 1995). Sin embargo, para el resto de las especies la reducción de áreas a partir de la comparación entre los modelos no denota una disminución drástica por el efecto antropogénico sobre su hábitat, siendo que las condiciones favorables para la distribución de las especies son poco abundantes en el país y que entonces no se puede atribuir la restricción de estas especies a los cambios en el uso de suelo de las últimas décadas.

Identificación de grupos en peligro y mecanismos de evaluación

Selección de grupos prioritarios considerando sus relaciones filogenéticas

Los resultados para la subsección *Cembroides* según las propuestas de Faith (1992; et al. 1994), da prioridad a la conservación de *P. maximartinezii*, *P. pinceana* y *P. rzedowskii* especies que tienen una alta variación genética que es atribuible a cuellos de botella seguidos de expansiones poblacionales y no a la retención de polimorfismos ancestrales.

Para el criterio de divergencias más recientes se conservaría el clado de *P. cembroides*, *P. discolor*, *P. culminicola*, *P. johannis* y *P. lagunae*. Para las relaciones filogenéticas de estas especies no se encuentra un consenso resuelto debido a que los eventos de divergencia son muy cercanos.

En la sección *Nelsoniae* al solo contar con una sola especie, es inútil seguir alguna de las dos propuestas.

La discriminación de especies prioritarias a través de sus relaciones filogenéticas carece de contexto ecológico, y es claro que, la situación ecológica actual de las especies influyen en el estado y preservación de la ellas. Y si bien, las divergencias y la preservación de grupos por su representatividad filogenética es fundamental, se debe considerar que las presiones evolutivas en su historia pueden no ser las mismas y que no es posible determinar si las divergencias ancestrales soportarán las presiones de selección futuras o si éstas, serán semejantes a las que originaron al grupo, por tanto contemplar eso esta postura para plantear los criterios de vulnerabilidad de las

especies deja de lado muchísimos aspectos de la biología, ecología y riego que presenta los taxa.

Para determinar este tipo de factores existen otro tipo de estrategias en la genética forestal que procuran analizar los genes ligados a adaptaciones favorables en un escenario previsto en el cambio climático.

Índice de rareza de Rabinowitz

La aproximación a partir de la abundancia, especificidad de hábitat y extensión del área de distribución arrojan que todas las especies de piñoneros son especies raras, en donde las áreas de endemismo se reducen para *P. culminicola* y *P. rzedowskii*.

En los dos escenarios que presenta Mastretta (2009) se puede determinar que la rareza en los piñoneros es producto de los procesos históricos por los que han atravesado las poblaciones, aspecto que hoy las hace especies en peligro y altamente vulnerables a las actividades humanas.

Métodos de evaluación, UICN y MER NOM-059-SEMARNAT

Aunque todos los métodos de evaluación concuerdan con la necesidad de asignar a las categorías de mayor riesgo a todas las especies de piñoneros, a pesar de que los criterios de evaluación no fueron los mismos.

Aún así existen aspectos importantes que restan soporte al método de la UICN hacen que una evaluación a partir de otro criterio pudiera generar cambios a otras categorías. Tal es el caso en la reclasificación de *P. cembroides* y *P. pinceana*, de las categorías de poca o menor preocupación a estados de amenaza.

El método de evaluación de especies silvestres de la NOM 059-SEMARNAT, es en su versión más reciente, el mecanismo más completo para valorar la mayoría de las interacciones que permiten el desarrollo y la dinámica ecológica de las especies.

Por supuesto, cualquiera de las evaluaciones no sólo pueden estar sesgadas sino también puede ser sobre o subestimada, si es que no se entienden los límites, los términos y las variables consideradas en la evaluación ó si se excluyen características de viabilidad ecológica y de riesgo para una especie.

Distribución con Áreas Naturales Protegidas, protección espacial.

Las Áreas Naturales Protegidas generan poca protección para las especies de piñoneros, siendo *P. lagunae* la especie más protegida, al menos espacialmente. Sin embargo, estudios precedentes señalan que incluso cuando toda la distribución de la especie está dentro de la reserva, no se llevan a cabo los planes de manejo más adecuados para la especie (Díaz, 1995).

La presencia de *P. culminicola*, y *P. discolor* (San Miguelito) representa la única porción de la distribución de ambas especies con una reglamentación de uso y protección que además, concuerda la población propuesta en este trabajo como UES dada su variación genética.

Para el resto de las especies, las ANP's no brindan protección, y el empalme de los registros de las poblaciones con los límites de estas, hacen que deba enfocarse los planes de manejo adecuados examinando la necesidad social y las características de las especies. Es importante que en el futuro se considere reconocer el porcentaje de emplame dentro del ANP's pues sería una inferencia directa para poder determinar el efecto de la protección en las poblaciones. Así la postulación de áreas de protección o áreas bajo algún programa de conservación debe considerar las necesidades y características de las especies forestales.

Conclusiones

- Los pinos piñoneros presentan una alta diversidad genética, con patrones de estructuración poblacional derivados de la historia evolutiva de las poblaciones y de los mecanismos reproductivos y/o de dispersión actuales de cada especie.
- La distribución potencial de las especies muestra que las variables climáticas restringen fuertemente su distribución a pequeñas regiones. Estas áreas de distribución en general no se han restringido, disminuido o afectado significativamente a partir de las actividades antropogénicas recientes.
- La ausencia de una correlación entre la diversidad genética y el área de distribución nos hacen sugerir que el efecto de las variables demográficas y ecológicas restringirán la dinámica y la distribución de la variación genética.
- En la definición de Unidades Evolutivamente Significativas para las especies de piñoneros vale la pena contemplar que el funcionamiento de entidades poblacionales independientes es complicado y aunque las especies cuentan con altos niveles de variación, excluir poblaciones en las decisiones de conservación a partir de la poca diferenciación entre sus poblaciones, se puede caer en la omisión de dos escenarios:
 - (1) Que exista actualmente flujo genético entre ellas o bien,
 - (2) Que los procesos de diferenciación estén en proceso de formación, ó
 - (3) Que el flujo genético sea histórico o que no pueda ser inferido por la resolución del marcador utilizado.
- La Identificación de grupos en peligro y mecanismos de evaluación debe de integrar las interrelaciones de las variables biológicas, geográficas y antropogénicas que confluyen en la situación de una especie.
- Para los piñoneros, las Áreas Naturales Protegidas no brindan suficiente protección, y para las pocas especies que se encuentran dentro de algún Área Natural Protegida su conservación depende de mecanismos políticos y sociales de manejo que se lleven a cabo, más que de la sola presencia dentro de ellas.

Perspectivas

- Resta en la parte genética, reconocer la variación a partir de marcadores nucleares, pues al estar sujetos a eventos de recombinación indicarían los intercambios genéticos en el núcleo.
- Tratar de inferir la demografía histórica, pues es importante fechar y reconocer que eventos que han reducido la distribución de las especies. A partir de marcadores genéticos con una resolución que refleje eventos más recientes, tales como secuencias con tasas de mutación más rápidas.
- En el aspecto demográfico, es importante conocer la estimación demográfica del tamaño censal y la tasa de recuperación de las poblaciones.
-
- Hay que evaluar éxito y ejercicio de los planes de manejo empleados en las Áreas Naturales Protegidas para la protección de *P. lagunae* y *P. culminicola*.
- Es urgente considerar el contexto político y social en las poblaciones y especies que se proponen como prioritarias para la protección de las especies de piñoneros.

Glosario

Alelo: forma alternativa de un gen.

Aloenzima: variante alélicas de una enzima, que produce cambios netos en la carga y peso de la secuencia aminoacídica.

Área de distribución (AOO): área geográfica en la que existe la especie, para la UICN el área de distribución no descarta las áreas intermitentes entre las poblaciones e la especie.

Disparidad: variedad de planes anatómicos.

Diversidad: número de variedades distintas.

Endemico: taxón con un área de distribución limitada a un ámbito geográfico.

Extensión del área de distribución (EOO): área conformada por la unión de los sitios de distribución, así incluye todos los sitios de presencia del taxón, para la UICN excluye las áreas intermitentes.

Haplotipo: conjunto de alelos polimorfismos en diferentes loci que se heredan en bloque.

Isoenzimas: forma isómerica de una enzima, difiere en la secuencia amino acídica pero que cataliza la misma reacción.

Nicho fundamental: Área geográfica en donde la especie puede vivir a partir de la consideración de variables climáticas, y en ausencia de todas las variables ecológicas.

Rareza: en el contexto de la biología de comunidades, se refiere a especies de baja abundancia o de distribución restringida con alta especificidad de hábitat, distinciones ecológicas o evolutivas.

Valor presencia mínima: [Minimum training presence] porcentaje mínimo de presencia obtenido en los sitios de presencia de la especie en los modelos de nicho potencial.

Abreviaturas

ADN: Ácido desoxirribonucleico

ANP: Áreas Naturales Protegidas

DOF: Diario Oficial de la Federación

MER: Método de evaluación de riesgo de extinción

msnm: Metros sobre el nivel mar

NOM: Norma Oficial Mexicana

pb: pares de bases

PCR [RCP]: Reacción en cadena de la polimerasa

UICN: Unión internacional para la Conservación de la Naturaleza

UES: Unidades Evolutivamente Significativas

Referencias

- Aguirre-Planter E., G. R., Furnier, y L. E., Eguiarte. **Low levels of genetic variation within and high levels of genetic differentiation among populations of species of *Abies* from southern México and Guatemala.** *American Journal of Botany* 2000, **87**:362-371.
- Aguirre-Planter E., J. P., Jaramillo-Correa, S. Gómez-Acevedo, D. P. Khasa, J. Bousquet y L. E. Eguiarte. **Phylogeny, diversification rates and species boundaries of Mesoamerican firs (*Abies*, *Pinaceae*) in a genus-wide context.** *Molecular Phylogenetics and Evolution* 2012, **62**:263-274.
- Andersen U., J. P. Prado-Córdova,, M. Sørensen, y J. Kollmann. **Conservation and utilization of *Abies guatemalensis* Rehder (Pinaceae) - An endangered endemic conifer in Central America.** *Biodiversity and Conservation* 2006, **15**:3131-3151.
- Arriaga L (ed.) **Estrategia para la conservación de la Sierra de La Laguna.** La Paz, BCS.: 6. CIB.; 1994.
- Applied Biosystem. **Peaks Scanner software** ver. 1.0 edition. Disponible en: http://marketing.appliedbiosystems.com/mk/get/PS1_login
- Brown, A., H. D. Young, A. G., Burdon, J. J. Christidis, L. Clarke, G. M. Coates, D. y W. B. Sherwin. **Genetic indicators for State of the Environment reporting.** Canberra: *State of the Environment Reporting Unit*, Environment Australia. 1997
- Carroll S. P., y C. W. Fox. **Conservation Biology, Evolution in action** Cambridge University Press. New York. 2008.
- Challenger A. R. D. **Factores de cambio y estado de la biodiversidad.** En: *Capital Natural de México. Volume Vol.II 2009 Estado de conservación y tendencias de cambio.*
- Comisión Nacional para el conocimiento y uso de la Biodiversidad (CONABIO) **'Uso de suelo y vegetación modificado por CONABIO.** 1999.
- Comisión Nacional de Áreas Naturales Protegidas (CONANP) **Áreas Naturales Protegidas Federales de México.** 2007
- Conkle M.T. **Genetic diversity-seeing the forest through the trees.** *New Forest* 1992, **6**:5-22.
- Conkle M. T., L. B. Nunnaly, y S. C. Hunter. **Starch gel electrophoresis of pine seed: a laboratory manual.** **USDA Forest Service General Technical Report** Berkeley, California: PSW-64; 1982.
- Crandall K. A., O.R. Bininda-Emonds, G.M. Mace, y R.K. Wayne. **Considering evolutionary processes in conservation biology.** *Trends in Ecology and Evolution*, 2000, **15**: 290-295.
- Crow J. y W. F. Dove. **Twenty-five years ago in Genetics: The infinitive allele Model.** *Perspectives Anecdotal, Historical and Critical Commentaries on Genetics* Genetics Society of America 1989: 631-634.

Cuenca A., A. E. Escalante, y D. Piñero. **Long distance colonization, isolation by distance, and historical demography in a relictual Mexican pinyon pine (*Pinus nelsonii* Shaw) as revealed by paternally inherited genetic markers (cpSSRs).** *Molecular Ecology* 2003a, **12**:2087-2097.

Cuenca A. **Evidencia de dos linajes genéticos en *Pinus cembroides* revelada por microsatélites de cloroplasto.** *Tesis de Maestría*. Universidad Nacional Autónoma de México, Posgrado en Ciencias Biológicas; 2003b.

Delgado P, D. Piñero, A. Chaos, N. Perez-Nasser, y E. R. Alvarez-Buylla. **High Population Differentiation and Genetic Variation in the Endangered Mexican Pine *Pinus rzedowskii* (Pinaceae).** *American Journal of Botany* 1998, **86**:669-676.

Delgado V. P. **Estructura demográfica y genética de una especie del genero *Pinus* (*Pinus rzedowskii* Madrigal et Caballero), endémica del estado de Michoacan, México.** *Tesis de maestría*. Universidad Nacional Autónoma de México, Facultad de Ciencias; 1997.

Diario Oficial de la Federación. **Norma Oficial Mexicana NOM-059- ECOL-2001, Protección ambiental-Especies nativas de México de flora y fauna silvestres-Categorías de riesgo y especificaciones para su inclusión, exclusión o cambio-Lista de especies en riesgo.**

Diario Oficial de la Federación. **Modificación a la Norma Oficial Mexicana NOM-059- ECOL-2001, Protección ambiental-Especies nativas de México de flora y fauna silvestres-Categorías de riesgo y especificaciones para su inclusión, exclusión o cambio-Lista de especies en riesgo.** *Volume Segunda sección*, Secretaría de Medio Ambiente y Recursos Naturales.

Díaz S. C. **Dinámica poblacional y análisis dendrocronológico de una especie de conífera endémica, *Pinus lagunae* M.-F. Passini de Baja California Sur** *Tesis de maestría*. Universidad Nacional Autónoma de México; 1995.

Dizon, A. E., C. Lockyer, W. F. Perrin., D. P. DeMaster, y J. Sisson. **Re-thinking the stock concept: a phylogeographic approach.** *Conservation Biology* 1992 **6**: 24-36.

Donahue J. K., W. S. Dvorak, E. A. Gutiérrez, y M. B. Kane. ***Abies guatemalensis*: a two year status report.** *Bulletin of Tropical Forestry CAMCORE School of Forest Resources* 1985, **3**.

Dunham J, M. Peacock, C. R. Tracy, J. Nielsen, y G. Vinyard. **Assessing extinction risk: integrating genetic information.** *Conservation Ecology* 1999, **3**:2 Disponible en: <http://www.ecologyandsociety.org/vol3/iss1/art2/>

Eckenwalder J. E. **Conifers of the World.** Portland; Timberpress. 2009.

Escalante A. E. **Estructura genética de poblaciones de *Pinus pincheana* usando como marcadores moleculares microsatelites de cloroplasto (cpssr's)** *Tesis de Licenciatura*. Universidad Nacional Autónoma de México, Facultad de Ciencias; 2001.

Eguiluz-Piedra E. **Origen y evolución del género *Pinus*.** *Dasonomía Mexicana* 1985, **3**: 5-31.

Estoup A., y J. P., Cornuet. **Homoplasy and mutation model at microsatellite loci and their consequences for population genetics analysis.** *Molecular Ecology* 2002, **11**: 1591-1604.

Excoffier L, y H. Lischer. **Arlequin suite ver 3.5: a new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows.** *Molecular Ecology Resources* 2010, **10**: 564-567.

Faith D. P. **Conservation evaluation and phylogenetic diversity.** *Biological Conservation* 1992, **61**: 1-10.

Faith D. P. **Phylogenetic pattern and the quantification of organismal biodiversity** *Philosophical Transactions: Biological Sciences* 1994, **345**:45-58.

Farjon A., y B. T. Styles. **Pinus (Pinaceae)**, New York, USA: Flora Neotropica Monograph; 1997, 75.

Farjon A. **Pinaceae: drawings and descriptions of the genera Abies, Cedrus, Pseudolarix, Keteleeria, Nothotsuga, Tsuga, Cathaya, Pseudotsuga, Larix and Picea:** Königstein: Koeltz Scientific Books.; 1990.

Farjon, A. **A Handbook of the World's Conifers.** Leiden, Netherlands, Brill Academic Publishers. 2010

Flores Mata, J., L. Jiménez López, X. Madrigal Sánchez, F. Moncayo Ruiz y T. F. Takaki. **Mapa y descripción de los tipos de vegetación de la República mexicana.** Dirección de Agrología, Secretaría de Recursos Hidráulicos, México. 1971.

Frankel H. O. y J. J., Bourdon **The conservation of plant biodiversity.** UK: Cambridge University Press 1995.

Frankel H. O. y M. E. Soulé. **Conservation and evolution.** New York: Cambridge University Press; 1981.

Freeman A. R., R. Streiff, T. Labbe, R. Bacillieri, H. Steinkellner, y J. Glössl **An estimator for pairwise relatedness using molecular markers.** *Genetics*, 2002, **160**, 1203–1215.

Gaston K.J. **Rarity.** Population and Community biology Chapman & Hall series London; 1994: 205.

Graham A. **Studies in Neotropical Paleobotany. XIII. An oligo-Miocene palynoflora from Simojovel (Chiapas, Mexico).** *American Journal of Botany* 1999, **86**: 17–31.

Griekspoor M. y P. Groothuis **4peaks.** ver, 1.7 2006. Disponible en: <http://www.mekentosj.com/science/4peaks>

Gernandt D. S., A. Liston, y D. Piñero. **Variation in the nrDNA ITS of Pinus subsection Cembroides: implications for molecular systematic studies of pine species complexes.** *Molecular Phylogenetics and Evolution* 2001, **21**:449-467.

Gernandt D. S., G. Geada-López, S. Ortiz-García y A. Liston. **Phylogeny and classification of *Pinus***. *Taxon* 2005a, **54**:29-42.

Gernandt D. S., O. Z. Flores, y I. Goyenechea. **Inferencia filogenética mediante secuencias de DNA: un ejemplo con los pinos piñoneros**. En: *La sistemática, base del conocimiento de la biodiversidad Universidad Autónoma del Estado de Hidalgo*. Pachuca 2005b:

Gillespie J. H. **Population Genetics: A concise guide** John Hopkins; 2004.

González-Elizondo M., M. S. González-Elizondo, L. Ruacho-González y M. Molin-Olvera. ***Pinus maximarinezii* Rzed. (Pinaceae), primer registro para Durango, segunda localidad de la especie**. *Acta Botanica Mexicana* 2011, **96**: 33-48.

Groom M. J., G. K. Meffe, y C. R. Carroll (ed.) **Principles of conservation biology**. Sunderland, Mass.: Sinauer Associates; 2005.

Harper J. L. **The meanings of rarity, in the Biological of aspects of rare plants Conservation** En: H.Singe *The biological aspects of rare plants conservation* John Wiley & Sons New York. 1981 190-203.

Hartl, D. L., y A. G. Clark. **Principles of Population Genetics**, 2nd ed. Sinauer Assoc., Sunderland, Mass. 1989.

Hawksworth D. K. y F. G. Bailey. **Pinyons of the Chihuahuan Desert Region**, *Phytologia*, 1979, **44** 129–133.

Hedrick P. W. **Genetics of population**: Jones and Bartlett; 2003.

Hijmans R. J. C, J. L. Parra, P. G Jones y A. Jarvis. **Very high resolution interpolated climates surfaces for global land areas**. *International Journal of Climatology* 2005, **25**.

Hilborn R. T., E. Quinn y D. E. Rogers. **Biocomplexity and fisheries sustainability**. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 2003, **100**: 6564–6568.

Hillis D. M., C. Moritz, y B. K. Mable (eds.) **Molecular systematics**. Sunderland, Mass; 1996.

Höglund J. **Evolutionary Conservation Genetics** Oxford University Press, Norfolk; 2009.

Hudson, R. R., D. D. Boos,. y N. L. Kaplan. **A statistical test for detecting geographic subdivision**. *Molecular Biology and Evolution*, 1992, **9**, 138-151.

Hughes, J. B., G. C. Daily, y P. R. Ehrlich. **Population diversity: its extent and extinction**. *Science* 1997, **278**: 689-692.

Jaramillo-Correa J. P., E. Aguirre-Planter, D. P. Khasa, L. E. Eguiarte, D. Piñero, G. R., Furnier, y J. Bousquet. **Ancestry and divergence of subtropical montane forest isolates: molecular biogeography of the genus *Abies* (Pinaceae) in southern México and Guatemala**. *Molecular Ecology* 2008, **17**: 2476-2490.

- Karhu A., C. Vogl, G. F. Moran, J. C. Bell, y O. Savolainen. **Analysis of microsatellite variation in *Pinus radiata* reveals effects of genetic drift but no recent bottlenecks.** *Journal of Evolutionary Biology*, 2006 **19**: 167–175.
- Keiman A. F. **Niveles y patrones de variación isoenzimática en el género *Abies* del Norte de México.** *Tesis de Licenciatura*. Universidad Autónoma de México, Facultad de Ciencias; 2007
- Lande R. **Genetics and demography in biological conservation.** *Science* 1988, **241**: 1455–1460.
- Lande, R. y D. W., Schemske. **The evolution of self-fertilization and inbreeding depression in plants. I. Genetic models.** *Evolution* 1985, **39**: 24-40.
- Ledig F. T., M. Capó-Arteaga, P. D. Hodgskiss, H. Sbay, C. Flores-López, M. T. Conkle, y B. Bermejo-Velázquez. **Genetic diversity and the mating system of a rare Mexican piñon, *Pinus pinceana*, and a comparison with *Pinus maximartinezii* (Pinaceae).** *American Journal of Botany* 2001, **88**: 1977-1987.
- Leopold A. S. **Vegetation zones of Mexico.** *Ecology* 1950 **31**: 507-518.
- Liston A., W. A., Robinson, D. Piñero y E. R. Alvarez-Buylla. **Phylogenetics of *Pinus* (Pinaceae) based on nuclear ribosomal DNA internal transcribed spacer region sequences.** *Molecular Phylogenetics and Evolution* 1999, **11**: 95–109.
- Liu, T.-S., 1971. **A Monograph of the genus *Abies*.** National Taiwan University Press. 609.
- López Mata L. **Regeneración, crecimiento y dinámica poblacional del pino azul *Pinus maximartinezii* Rzedowski.** Informe Proyecto H140 CONABIO.
- López Mata L, y I. G. Galván Escobedo. **Extracción de semillas de *Pinus maximartinezii* y sus consecuencias poblacionales.** *Biodiversitas* 2011, **98**:1-7.
- Luck G. W., G. C. Daily, y P. R. Ehrlich. **Population diversity and ecosystem services.** *Trends in Ecology and Evolution* 2003, **18** :331-336.
- Lynch M. **Design and analysis of experiments on random drift and inbreeding.** *Genetics* 1988, **120**:791-807.
- Lynch M., J. Conery, y R. Burger. **Mutation Accumulation and the Extinction of Small Populations.** *The American Naturalist* 1995, **146**:489-518.
- Malusa J. **Phylogeny and biogeography of the pinyon pines (*Pinus* subsect. *Cembroides*).** *Systematic Botany* 1992, **17**: 42–66.
- Martínez M. **Los Abies de México.** *Anales del Instituto de Biología de México* 1948, **19**:11-104.

- Mastretta A. **Las poblaciones solitarias: fragmentación, diferenciación y rareza de un juniper ribereño y sus implicaciones para la conservación.** Tesis de Licenciatura. Universidad Nacional Autónoma de México, Facultad de Ciencias; 2009.
- Meffe G. K., y C. R. Carroll. **Principles of conservation biology.** Sunderland, Mass.: Sinauer Associates; 1994.
- Millar C. I. **Early evolution of pines.** En: *Ecology and Biogeography of Pinus* Richardson M. D. Cambridge University Press; 1998: 519.
- Miranda F, y E. Hernández Xolocotzi. **Los tipos de vegetación de México y su clasificación.** *Boletín de la Sociedad Botánica de México* 1963, **28**: 29-179.
- Mitton J. B.: **Conifers.** En: *Isozymes in plant genetics and breeding* Tanksley S.D., T. J. Orton El Servier.
- Molina-Freaner F., D. Piñero, N. Perez-Nasser, y E. Alvarez-Buylla. **Do rare pines need different conservation strategies? Evidence from three Mexican species.** *Canadian Journal of Botany* 2001, **79**:131-138.
- Moreno-Letelier A. C. **Sistema de apareamiento y variación genética en *Pinus maximartinezii* Rzedowskii.** Tesis de Licenciatura. Universidad Nacional Autónoma de México, Facultad de Ciencias; 2002.
- Moritz C. **A molecular perspective on the conservation of diversity.** En: *The biology of biodiversity* Ed. Kato M. Springer. 2000.
- Navascués M. E. **Chloroplast microsatellites: measures of genetic diversity and the effect of homoplasmy.** *Molecular Ecology* 2005, **14**:1333-1341.
- Nei, M. y S. Kumar. **Molecular evolution and phylogenetics.** Oxford University Press, New York. 2000
- Otha T. y M. Kimura **A model of mutation appropriate to estimate the number of electrophoretically detectable alleles in a genetic population.** *Genetic Research.* 1973 **22** : 201-204.
- Phillips S. J., R.P. Anderson, y R. E. Schapire: **Maximum entropy modeling of species geographic distributions.** *Ecological Modelling* 2006, **190**:231-259.
- Perry, J. P. **The pines of Mexico and Central America.** Portland, OR: Timber Press. 1991
- Pettit R. J., E. A. Mousadik, y O. Pons. **Identifying populations for conservation on the basis of genetic markers.** *Conservation Biology*, 1998 **12**, 844–855.
- Piñero D., *et al.* **La diversidad genética como instrumento para la conservación y el aprovechamiento de la biodiversidad: estudios en especies mexicanas.** In: *Capital Natural de México* CONABIO, México, 2008: 437-494

- Piñero D., et al. **La variabilidad genética de las especies: aspectos conceptuales y sus aplicaciones y perspectivas en México.** En: *Capital Natural de México. Volume vol. I: Conocimiento actual de la biodiversidad.* CONABIO, México, 2009: 415-435
- Price R. A., A. Liston y S. H. Strauss. **Phylogeny and systematics of *Pinus*.** In: Richardson DM (ed) *Ecology and Biogeography of Pinus.* Cambridge University Press, Cambridge, 1998: 49-68.
- Provan J., N., N.J Soranzo, D. Wilson, B. Goldstein, y W. Powell. **A low mutation rate for chloroplast microsatellites** *Genetics* 1999 **153**, 943-947
- Rabinowitz D. S., T. Cairns y T. Dillon. **Seven forms of rarity and their frequency in the flora of the British Isles.** Sinauer 1986 186-204.
- Rabinowitz D. **Seven forms of rarity.** In: *The biological aspects of rare plant conservation* In: H. Singe *Conservation Biology: The science of Scarcity and diversity* 1981 205-217.
- Rambaut, A. **Se-AL: Sequence Alignment Editor**, ver. 2.0a11. 2002. Disponible en: <http://tree.bio.ed.ac.uk/software/seal>
- Richardson D.M., y P.W. Rundel, **Ecology and biogeography of *Pinus*: an introduction.** In: *Ecology and Biogeography of Pinus* Richardson M. D. Cambridge University Press; 1998: 519.
- Romero M., A., M., E García. y M. F. Passini, ***Pinus cembroides* s.l. y *Pinus johannis* del Altiplano Mexicano : una síntesis.** *Acta Botanica Gallica* 1996, **143**: 681-693.
- Romero A. M., E. García: **Phenetic analysis of the Mexican midland Pinyon pines *Pinus cembroides* and *Pinus johannis*.** *Botanical Journal of the Linnean Society* 2000, **133**: 181-194.
- Rushforth K. D. **Two new species of *Abies* (Pinaceae) from western Mexico.** *Notes RBG Edinb* 1989, **46**: 101-109.
- Ryder O. A. **Species conservation and systematics: the dilemma of subspecies.** *Trends in Ecology & Evolution* 1986, **1**:9-10.
- Rzedowski J. **Vegetación de México.** Ciudad de México: Limusa; 1978.
- Sánchez Colón S, A. Flores Martínez, I.A. Cruz-Leyva y A. Velázquez: **Estado y transformación de los ecosistemas terrestres por causas humanas.** En: *Capital Natural de México. Volume vol. II: Estado de conservación y tendencias de cambio.* CONABIO, México. 75-129.
- Shaal B.A., D.A. Hayworth, K.M. Oisen, J.T. Rauscher y W.A. Smith. **Phylogeographic studies in plants: problems and prospectives.** *Molecular Ecology* 1998, **7**:465-474.
- Sherwin W.B., y C. Moritz. **Managing and monitoring genetic erosion.** In: *Genetics, Demography and Viability of Fragmented Populations.* Young A., G. M. Clarke Ed. Cambridge University Press. New York. 2000 74-100.

Slatkin, M. **A measure of population subdivision based on microsatellite allele frequencies.** *Genetics*. 1995. 139: 457-462

Soule M. E. **Viable populations for conservation:** Cambridge University Press.; 1987.

St. Clair J. B., y W. B. Critchfield. **Hybridization of a Rocky Mountain fir (*Abies concolor*) and a Mexican fir (*Abies religiosa*).** *Canadian Journal For Research* 1988, **18**: 640-643.

Suzán, H., G. Sánchez, J. G. Martínez, S. Villa, y M. Franco. **Population structure of *Pinus nelsonii* Shaw, an endemic pinyon pine in Tamaulipas, México.** *Forest Ecology and management* 2002,165: 193-203.

Unión Internacional para la Conservación de la Naturaleza (IUCN). **Standards and Petitions Subcommittee. Guidelines for Using the IUCN Red List Categories and Criteria.** Version 8.1. The Standards and Petitions Subcommittee. 2010 Disponible en: <http://intranet.iucn.org/webfiles/doc/SSC/RedList/RedListGuidelines.pdf>.

Tang-Shui L. **A Monograph of the Genus *Abies*.** Taipei: National Taiwan University. 1971.

Templeton A. R. **Nested clade analyses of phylogeographic data: testing hypotheses about gene flow and population history.** *Molecular Ecology*. 1998 7: 381–397.

Unión Internacional Para la Conservación de Naturaleza (UICN) SSC. **IUCN Red List Categories and Criteria:** , Version 3.1. Switzerland and Cambridge, UK; 2001.

Vázquez-Lobo A. **Filogenia de hongos endófitos del género *Pinus* L.: Implementación de técnicas moleculares y resultados preliminares.** *Tesis de Licenciatura*. Universidad Nacional Autónoma de México, Facultad de Ciencias; 1996.

Vendramin G., P. Rossi, y M. Morgante. **A set of primers for the amplification of 20 chloroplast microsatellites in Pinaceae.** *Molecular Ecology* 1996, **5**:111-114.

Vié J.-C., C. Hilton-Taylor, C. Pollock, J. Ragle, J. Smart, S.N. Stuart, y R. Tong. **The IUCN Red List: a key conservation tool.** . En: *The 2008 Review of the UICN Red List of Threatened Species*

Weir B. S. **Estimating F-Statistic for the analysis of population structure.** *Evolution* 1984, **38**: 1370-1658

Wright, S. **The genetical structure of populations.** *Annals of Eugenics*.1951,15: 323-354.

Anexo A

Descripciones taxonómicas de los pinos piñoneros y las diferentes clasificaciones del grupo .

Pinus cembroides Zuccarini.

Lc (UICN)

Pr (NOM059-SEMARNAT 2010)

Árbol con una altura promedio de 15 m, con diámetro en tronco entre 0.1 hasta 0.8 m, de corteza color marrón oscuro y textura escamosa, de copa densa, conformada por ramas de escaso follaje. Las ramificaciones surgen desde baja altura y se arreglan irregularmente formando una copa abierta; las hojas varían entre 3 a 5 cm de longitud, agrupadas de 2, 3 o 4 por fascículo, con estomas en ambas caras de la hoja y son de tonos verdes opacos a amarillentos (Farjon y Styles 1997; Eckenwalder, 2009). Las semillas miden de 1 a 1.5 cm, son ovoides, de testa café tenue a gris y megagametofito rosado (Romero *et al.* 2000). Según estudios demográficos, es la especie con mayor extracción de semillas para su comercialización (Suzán, 2002).

Pinus cembroides es la especie con distribución más amplia de la subsección, con 13 poblaciones, que habitan en un intervalo altitudinal entre 800 a 2800 msnm, extendiéndose desde Sonora, Jalisco, Guanajuato, Puebla, Veracruz e Hidalgo, hasta el Sur de los Estados Unidos (Perry, 1991; Farjon y Styles, 1997; Styles, 1998; Romero *et al.*, 2000). Generalmente habita zonas áridas con una larga estación seca que va desde noviembre hasta mayo, con abundantes lluvias de verano y heladas en diciembre y enero, con precipitación anual promedio entre los 300 y 700 mm (Perry, 1991; Farjon y Styles, 1997). Las poblaciones en la Sierra Madre Oriental se encuentran en suelos predominantemente calizos, mientras que en las poblaciones de la Sierra Madre Occidental las poblaciones se encuentran en suelos de origen ígneo (Malusa, 1992; Romero, 1996). *P. cembroides* se puede encontrar asociado con *P. nelsonii*, *P. pinceana*, *P. arizonica*, *P. engelmanni*, *P. leiophylla*, y *P. pseudostrobus*, *Quercus*, *Yucca*, *Agave* y *Juniperus* (Perry, 1991; Farjon y Styles, 1997).

Pinus culminicola Andresen y Beaman.

Pe (UICN)

-- (NOM-059 SEMARNAT)

Arbustos de 1 a 5 m de altura, diámetro en tronco entre 15 a 25 cm. Las ramificaciones surgen a muy baja altura, copa irregular, pero densa, conformada por ramas largas. La corteza es de color gris o café pardo y de textura escamosa, dividida en placas irregulares en el adulto. Las hojas son rígidas y de forma curva, tienen de 3 a 5 cm de longitud, varían del verde azulado a verde grisáceo, se agrupan en fascículos de 5 hojas y persisten de 2 a 5 años (Eckenwalder, 2009; Perry, 1991).

Se distribuye sólo en las regiones montañosas de Coahuila y el centro de Nuevo León, en un rango altitudinal entre los 3000 y los 3700 msnm, con suelos calcáreos y con largas temporadas de sequía, e incendios frecuentes.

Pinus discolor Bailey y Hawksworth.

-- (UICN)

-- (NOM-059 SEMARNAT)

Árbol de 10 m de altura, con ramificaciones a bajas alturas y ramas arregladas de forma ascendente formando una copa abierta o medianamente densa. Los fascículos agrupan de 2 a 5 hojas, aunque generalmente son sólo 3, y se mantienen persistentes por 4 a 7 años; de longitud tiene entre 2.5 a 6 cm de largo y de color verde grisáceo en la superficie abaxial, y blanco en la adaxial (Eckenwalder, 2009).

Se encuentra cercanamente emparentado con *P. culminicola* y *P. johannis*, sin embargo a partir de las descripciones de Hawksworth y Bailey (1979), se le asignó la categoría de especie, debido principalmente a diferencias con *P. johannis* en el tronco, la coloración de las acículas, el tiempo de liberación del polen y en la concentración de terpenos (Perry, 1991).

Se encuentra distribuido en un rango altitudinal entre los 1700 a 3000 msnm en Arizona, Nuevo México en los E.U. y en el Norte de México. En México, se reconocen dos poblaciones, ambas en la Sierra Madre Occidental, en hábitats áridos, secos y de suelo con poco sustrato con rocas desnudas (Farjon y Styles, 1997). Se le puede

encontrar asociado a *Quercus*, *Juniperus*, *Agave*, *Yucca*, *Opuntia*, y ocasionalmente a *P. cembroides*. En el estudio de Cuenca (2003) se reconoce que estas poblaciones presentan una alta diversidad genética, con variantes haplotípicas también encontradas en *P. cembroides* y *P. johannis*.

Pinus johannis Robert.

-- (UICN)

Pr (NOM-059 SEMARNAT)

Arboles o arbustos de alturas entre 2 a 4 m, con tronco con múltiples bifurcaciones, de corteza oscura y textura escamosa en el estadio maduro. Cada fascículo agrupa de dos a tres hojas; estas son flexibles, con estomas sólo en la superficie ventral (Eckenwalder, 2009). En México solo se reconocen cinco poblaciones, todas ubicadas en zonas áridas de la Sierra Madre Oriental, de suelos extremadamente pobres en sustrato, con precipitaciones menores a los 300 mm anuales.

Las consideraciones de conservación no han sido establecidas debido a que su posición filogenética no es lo suficientemente clara. Actualmente se realizan estudios de su diversidad genética (Flores-Rentería *et al.*, en preparación), que además de clarificar el rango de la especie, evaluarán el grado de diversidad genética, dado que estudios precedentes sugieren hibridación con *P. discolor* (Cuenca, 2003).

Pinus lagunae Passini.

-- (UICN)

Pr (NOM-059 SEMARNAT)

Especie endémica de la Sierra de la Laguna en Baja California Sur, se distribuye en un área de 20,000 ha, en altitudes entre 1600 a 2050 msnm, en suelos de roca granítica pobres en sustrato. Son árbol de 15 a 21 m de altura con diámetro en tronco de 0.8 m, de copa redondeada y abierta, arreglo en ramas delgadas con abundante follaje. De corteza marrón oscuro en el árbol maduro, de textura rugosa, dividida en placas rectangulares (Eckenwalder, 2009). Sus acículas son persistentes por dos a cuatro años, flexibles, de 4 a 8 cm de longitud, de color verde grisáceo con líneas individuales de estomas en haz y envés.

Generalmente se encuentra asociado a *Quercus devia*. Estudios demográficos (Díaz *et al.*, 1995) señalan que no ha habido reclutamiento uniforme, siendo los primeros estadios los de más baja supervivencia, mientras que en el estadio arbóreo las causas de mortalidad se deben a incendios y plagas de insectos descortezadores. Por su parte en análisis de diversidad genética (Molina-Freaner *et al.*, 2001; Cuenca, 2003) se han encontrado una alta variación que se encuentran heterogéamente distribuidos entre su población.

Esta especie se encuentra dentro de la Reserva de la Biosfera Sierra de la Laguna, en donde se han establecido planes de manejo *in situ* (Arriaga *et al.*, 1994); sin embargo, el estudio de Díaz (1995) señala que la situación demográfica de la especie no es la adecuada para formalizar un aprovechamiento continuo, autosostenible y a largo plazo rentable.

Pinus maximartinezii Rzedowski.

Pe (UICN)

P (NOM-059 SEMARNAT)

Árbol que alcanza alturas entre 10 a 15 m, con un diámetro en tronco entre 0.3 a 0.6 m, de copa estrecha, con ramas pendientes de escaso follaje. Acículas flexibles agrupadas en fascículos de 3 a 5, marrón pardo en las secciones terminales de las ramas. Corteza rojiza y suave en juveniles torna a agrietarse con un tono gris en la madurez (Eckenwalder, 2009). La producción de conos y semillas ocurre durante los meses de septiembre a noviembre cada dos años (López-Mata, 1998). Las semillas pueden medir hasta 25 mm de largo, por 12.8 mm de ancho; se consumen localmente, pero mayoritariamente se exportan a los Estados Unidos y Japón (López-Mata, 1998).

Se distribuye en suelos calcáreos, rocosos y secos, muy cercanos a cañadas. Hasta la fecha se han encontrado sólo dos poblaciones Juchipila, Zacatecas y El Mezquital, Durango (Gonzalez-Elizondo *et al.*, 2011)

Estudios demográficos indican que gracias a su estabilidad demográfica, y a la tasa de reclutamiento se garantiza el incremento poblacional a pesar de la cosecha de semillas (López-Mata, 1998). Sin embargo, el hábitat de distribución se encuentra seriamente amenazado por aumento de la erosión del suelo, el sobrepastoreo y los incendios

inducidos.

Pinus pinceana Gordon.

Nt (UICN)

Pr (NOM-059 SEMARNAT)

Árbol de altura de 10 a 12 m, con un diámetro en tronco de 0.3 m, de copa grande y redondeada, las ramas presentan un arreglo irregular, a menudo muy largas y colgantes. La corteza en los juveniles es gris y lisa, mientras que en el árbol maduro alcanza un color marrón con placas planas rectangulares (Eckenwalder, 2009). Las acículas se agrupan en fascículos de 3 o 4, con una longitud de 6 a 14 cm, son de color verde grisáceo. Las semillas de color café amarillento, sin alas de 10 a 12 mm de longitud por 5 o 6 mm de anchura con testa engrosada. Se aprovecha como recurso maderable.

Los estudios de variación genética denotan que *P. pinceana* presenta una alta variación, distribuida heterogéneamente en sus poblaciones (Escalante, 2001). Además, a partir los análisis de distribución se encontró que la diferenciación genética aumenta con respecto a la separación espacial entre las poblaciones. El mismo estudio ha establecido tres regiones prioritarias para la conservación en el Norte, el centro y el Sur de la Sierra Madre Oriental.

Pinus rzedowskii Madrigal y Caballero.

Pe (UICN)

Pr (NOM-059 SEMARNAT)

Árbol que alcanza alturas entre los 25 y los 60 m, y con un diámetro en tronco de 0.3 a 0.6 m, de corteza color marrón grisáceo con placas rectangulares y textura escamosa. La copa es piramidal en juveniles y estrecha e irregular en adultos, las ramas son delgadas y de poco follaje cerca de la puntas. Las acículas están organizadas en roseta de tres a cinco en cada fascículo, son persistentes durante dos o tres años, y su color varía del verde amarillento al café rojizo (Eckenwalder, 2009).

La especie es endémica al estado de Michoacán, cuenta una distribución muy fragmentada y con tamaños demográficos muy pequeños (Delgado *et al.*, 1998).

Pinus nelsonii

-- (UICN)

Pr (NOM-059 SEMARNAT)

Especie distribuida en pequeñas poblaciones aisladas en la Sierra Madre Oriental, en un intervalo altitudinal entre 1900 y 3100 msnm, una región montañosa de suelos áridos (Farjon, 1996; Cuenca, 2001). Los árboles alcanzan alturas de 10 m, con un diámetro en tronco de hasta 30 cm. La corteza juvenil es suave, de color gris claro, mientras que en la forma adulta tiene escamas en la base, con gris oscuro con manchas marrón. Sus ramas suelen ser delgadas y de poco follaje, sobre todo en las ramas terminales (Eckenwalder, 2009).

Las acículas varían entre cinco y diez cm de longitud, de color verde pardo, y se agrupan en fascículos de tres, pero se mantienen semifusionadas dando la impresión de que son una sola hoja (Perry, 1991). Poseen uno o dos canales resiníferos (Eckenwalder, 2009).

La especie tiene una variación genética elevada (Cuenca, 2001), sin un patrón claro de estructura genética al no existir barreras al flujo génico. Dada la homogeneidad de sus poblaciones, se puede inferir que en su historia evolutiva *P. nelsonii* ha sufrido una expansión reciente (de 29 500 a 78 600 años).

Es la segunda semilla económicamente más explotada (Suzán, 2002). Sin embargo, la especie se encuentra clasificada como una especie vulnerable sujeta a protección especial aspecto que pretende propiciar su recuperación y conservación así como de las especies asociadas.

Tabla A.1 Clasificación de los taxa de los pinos piñoneros según diferentes autores:

Farjon (1984)	Perry et al. (1991)	Malusa et al. (1992)	Farjon y Styles (1997)	Price et al. (1998)	Eckenwalder (2009)	Farjon (2010)										
<i>P. cembroides</i> var. <i>edulis</i> var. <i>monophylla</i> var. <i>parryana</i>	Subseccion Cembroides	Subsección Cembroides	Subsección Cembroides	Subsección Cembroides	Subsección Cembroides	Subsección Cembroides	<i>P. cembroides</i> subsp. <i>cembroides</i> subsp. <i>orizabensis</i>	<i>P. cembroides</i>	<i>P. cembroides</i> subsp. <i>cembroides</i> var. <i>cembroides</i> subsp. <i>cembroides</i> var. <i>bicolor</i> subsp. <i>orizabensis</i> subsp. <i>lagunae</i> subsp. <i>orizabensis</i>	<i>P. cembroides</i> subsp. <i>cembroides</i> subsp. <i>orizabensis</i>	<i>P. cembroides</i> subsp. <i>cembroides</i> subsp. <i>orizabensis</i>	<i>P. cembroides</i> subsp. <i>cembroides</i> var. <i>bicolor</i> (sin. <i>P. johannis</i> , <i>P. culminicola</i>) subsp. <i>lagunae</i> var. <i>lagunae</i> subsp. <i>orizabensis</i>				
													<i>P. discolor</i>	<i>P. discolor</i>	<i>P. discolor</i>	<i>P. discolor</i>
													<i>P. lagunae</i>	<i>P. lagunae</i>	<i>P. lagunae</i>	<i>P. lagunae</i>
													<i>P. johannis</i>	<i>P. johannis</i>	<i>P. johannis</i>	<i>P. johannis</i>
<i>P. culminicola</i>	Subseccion Paracembra	Subsección Cembroides	Sección Parryanae	Subsección Cembroides	Subsección Cembroides	Sección Parrya	<i>P. culminicola</i>	<i>P. culminicola</i>	<i>P. culminicola</i>	<i>P. culminicola</i>	<i>P. culminicola</i> var. <i>culminicola</i> var. <i>johannis</i> var. <i>remota</i>	<i>P. culminicola</i> var. <i>culminicola</i> var. <i>johannis</i> var. <i>remota</i>	<i>P. culminicola</i> var. <i>culminicola</i> var. <i>johannis</i> var. <i>remota</i>	<i>P. culminicola</i> var. <i>culminicola</i> var. <i>johannis</i> var. <i>remota</i>		
	Seccion Paracembra		Subsección Nelsoniae				<i>P. maximartinezii</i>	<i>P. maximartinezii</i>	<i>P. maximartinezii</i>	<i>P. maximartinezii</i>	<i>P. maximartinezii</i>	<i>P. maximartinezii</i>	<i>P. maximartinezii</i>			

Continúa →

→ **Continuación**

Tabla A.1 Clasificación de los taxa de los piños piñoneros según diferentes autores

Farjon (1984)	Perry (1991)	Malusa (1992)	Farjon y Styles (1997)	Price et al. (1998)	Eckenwalder (2009)	Farjon (2010)
<i>P. rzedowskii</i>	<i>P. rzedowskii</i>	Subsección <i>Rzedowskiae</i> <i>P. rzedowskii</i>	Subsección <i>Cembroides</i> <i>P. rzedowskii</i>	Sección <i>Rzedowskianae</i> <i>P. rzedowskii</i>	<i>P. rzedowskii</i>	<i>P. rzedowskii</i>
	Subsección <i>Pinceana</i>	<i>P. pinceana</i>	<i>P. pinceana</i>	Subsección <i>Cembroides</i> <i>P. pinceana</i>	<i>P. pinceana</i>	<i>P. pinceana</i>
		<i>P. nelsonii</i>	<i>P. nelsonii</i>	Subsección <i>Nelsoniae</i> <i>P. nelsonii</i>	<i>P. nelsonii</i>	<i>P. nelsonii</i>
		Subsección <i>Nelsoniae</i>	Subsección <i>Nelsoniae</i>	Subsección <i>Nelsoniae</i> <i>P. nelsonii</i>	<i>P. nelsonii</i>	Subsección <i>Nelsoniae</i> <i>P. nelsonii</i>

Anexo B

Georeferencias y mapa de distribución de las poblaciones de las especies de piñoneros Mexicanos.

Tabla B.1 Referencias de las poblaciones de las especies mexicanas de piñoneros.

	Población	Edo.	Longitud	Latitud	Altitud
<i>Pinus cembroides</i>					
1	El Seco (Candelaria)	P	-98.151	19.084	2348
2	Ajalpan	P	-97.388	18.751	2387
3	Frijol Colorado	V	-97.638	20.027	2790
4	Babícora	Ch	-108.51	29.287	2301
5	Panalachic	Ch	-107.644	28.145	2302
6	San Buenaventura	Ch	-108.069	30.261	1368
7	Yugarí	Ch	-106.849	27.584	2195
8	Saltillo	C	-100.7301	25.173	1988
9	El Chícharo	D	-105.5628	25.092	2161
10	Tepehuanes	D	-106.265	25.529	2059
11	Galeana	NL	-100.096	24.865	1713
12	El Madroño	Q	-99.016	21.107	2477
13	Mazapil	Z	-101.463	24.665	2823
<i>Pinus culminicola</i>					
14	Vieja	NL	-100.547	25.355	2934
15	Cerro del Potosí	NL	-100.175	24.891	2047
<i>Pinus discolor</i>					
16	Colonia Juárez	Ch	-108.223	30.2813	1975
17	Sierra de San Miguelito	SLP	-100.939	22.0278	2145
<i>Pinus johannis</i>					
18	La Amapola	SLP	-101.163	23.300	2369
19	Las Lajas	SLP	-101.454	24.615	2823
<i>Pinus lagunae</i>					
20	Sierra de la Laguna	BCS	-110.016	23.553	1720

Corresponde Edo al estado siendo: BCS Baja alifornia Sur, Ch Chihuahua, C Coahuila, D Durango, NL Nuevo León P Puebla, Q Queretaro, SLP San Luis Potosí, T Tamaulipas, V Veracruz, y Z Zacatecas.

→ Continúa

→ **Continuación**

Tabla B.1 Referencias las poblaciones de las especies mexicanas de piñoneros.

Pinus maximartinezii

21	Juchipila	Z	-104.368	22.751	2212
22	El Mezquital	D	-104.363	22.363	2135

Pinus nelsonii

23	Peña Nevada	Q	-99.901	23.802	2164
24	San Lázaro	NL	-99.565	23.807	2179
25	Miquihuana	T	-99.750	23.585	1961
26	Antonias	T	-99.853	23.400	2103
27	Tula	SLP	-99.678	23.264	1703
28	Palmillas	T	-99.122	23.296	968
29	Membrillo	SLP	-100.438	22.689	2018
30	Tapona	Q	-100.625	22.823	1957

Pinus pinceana

31	Tolantongo	H	-98.95	20.7	1870
32	Dos de Abril	C	-101.666	25.316	1800
33	Sierra de Parras	C	-102.02	25.433	2450
34	Sierra la Mina	Z	-101.483	25.083	2300
35	Cañón de la Laja	Z	-101.466	24.566	2500
36	Cañón la Yesera	Q	-100.433	22.666	1900
37	San Joaquín	Q	-99.633	20.916	2080
38	Huizache	SLP	-100.488	22.705	1480
39	Cuauhtemoc	C	-102.405	25.537	2250
40	Guadalcazar	SLP	-100.500	22.666	1539
41	El Palmito	D	-104.881	25.741	2000

Pinus rzedowskii

42	Vaca Pinta	M	-102.967	18.665	2149
43	El Varaloso	M	-102.980	18.685	2480
44	La soledad	M	-102.971	18.794	2100
45	Fresno	M	-102.995	18.667	2450
46	Alberca	M	-103.005	18.652	2340
47	Chiqueritos	M	-102.926	18.821	2380
48	P. Varaloso	M	-102.909	18.677	2300
49	Pinabete	M	-103.006	18.666	2340
50	Aguacatera	M	-103.011	18.682	1714

Corresponde Edo al estado siendo : BCS Baja alifornia Sur, Ch Chihuahua, C Coahuila, D Durango, NL Nuevo León P Puebla, Q Queretaro, SLP San Luis Potosí, T Tamaulipas, V Veracruz, y Z Zacatecas.

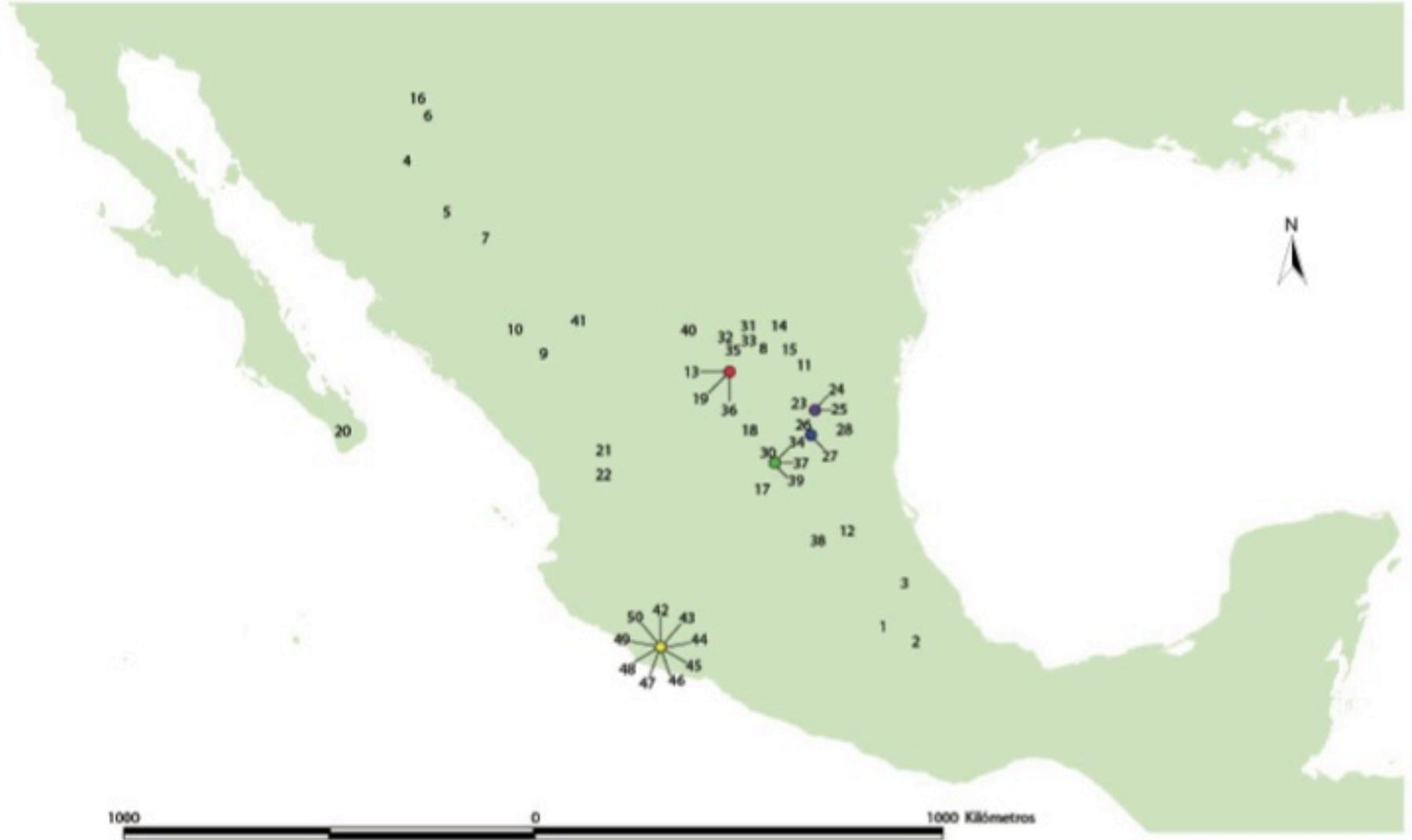


Figura B.1 Mapa de las poblaciones de los pioneros Mexicanos. El número corresponde al valor numerado en la primera columna de la Tabla B.1

Anexo C

Características, diversidad y distribución del género *Abies*

Dentro de la familia *Pinaceae*, el género *Abies* agrupa cuarenta especies distribuidas en las regiones boreales en altitudes entre 1700 y 3500 msnm del hemisferio Norte (Farjon, 2010). En México los bosques de *Abies* abarcan sólo el 0.16-0.5% del territorio Figura B.1 (Leopold, 1950; Flores *et al.*, 1971 y Rzedowski, 1986).

El origen del grupo ocurrió a principios del Eoceno en Norteamérica aproximadamente hace unos 50 millones de años (Liu, 1971).

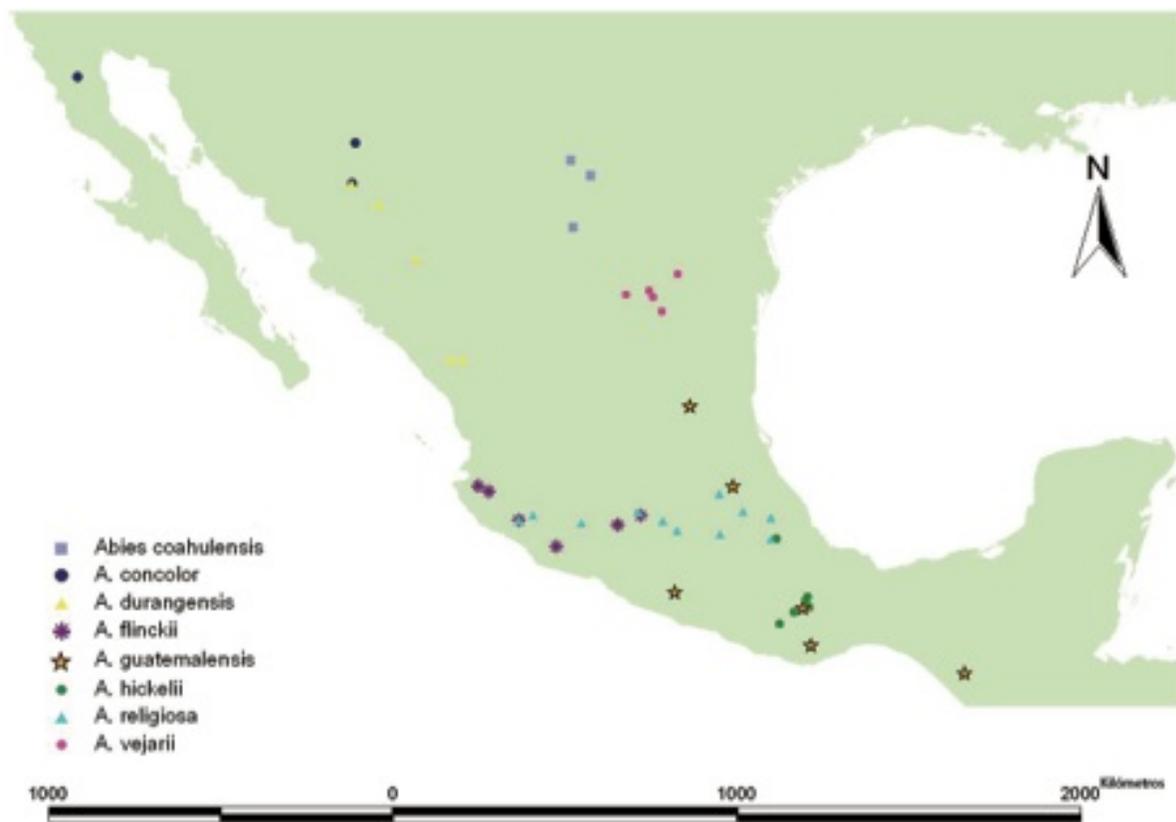


Figura C.1 Mapa de las poblaciones de los abetos estudiados en México.

Árboles perenes, de copa cónica; con tronco de corteza oscura y resinosa, compuesta por placas escamosas gruesas e irregulares, y madera suave; con ramas cortas y horizontales. Hojas lineares, de grosor variable con envés y as diferenciables según su opacidad. Monoicos, los estróbilos se producen durante la misma estación y permanecen inmaduros hasta la siguiente primavera, el polen es grande en

comparación con los del género *Pinus*.

Las relaciones filogenéticas todavía no muestran un consenso claro en el grupo. Varios estudios han sugerido hibridación en los linajes (Liu, 1971; St. Clair, 1988). Morfológicamente, el número de canales resiníferos, la distribución de hojas, el ápice y la base del limbo de la hoja han sido tomados como los caracteres diagnósticos para la discriminación de especies. Sin embargo análisis recientes (Aguirre-Planter *et al.*, 2012) establecen las relaciones filogenéticas para las especies distribuidas en Mesoamérica a nivel molecular a partir fragmentos de cloroplasto.

Abies concolor Gordon G. y Glendinning

Distribuida en el Sur y Suroeste de Estados Unidos y el Norte de México, en un rango altitudinal entre 600-3350 msnm (Martínez, 1948; Farjon, 1990). Árbol de 60 m de altura, con un diámetro en tronco de 2 m de corteza gris oscuras que tiende a enrojecer y a la descamación en el estadio adulto. Hojas resinosas entre 2 y 6 cm de longitud de color verde azulado, y entre 7 y 12 filas de estomas por en el as y entre 4 y 8 en el envés.

Abies durangensis Martínez M.

Árbol de hasta 40 m de altura, con diámetro en tronco de 1.5 m, de corteza gris oscura que tiende al enrojecimiento y a la descamación en el estado adulto. Copa cónica conformada por ramas de abundante follaje con arreglo angular con hojas de 2.55 a 5 cm de longitud de color verde brillante, con un canal resinífero.

Se distribuye a lo largo de la Sierra Madre Occidental en un rango altitudinal entre los 2000 y los 2900 msnm (Martínez, 1948; Farjon, 1990).

Abies durangensis var. *coahuilensis* Rushforth

Árbol que en el estadio adulto alcanza alturas entre 20 y 30 m, con un diámetro en tronco de 30 cm, de corteza gruesa, rugosa y de color oscuro. Hojas ligeramente resinosas, de color verde brillante con la hipodermis más gruesa que en *A. durangensis* estomas escasos en el as y organizadas en dos bandas por el envés.

Generalmente habita en cañadas de Coahuila en el Norte de la Sierra Madre Oriental en altitudes cercanas a 2270 msnm generalmente se encuentra asociado con *Pseudotsuga lindleyana*, *Pinus strobiformis* y *Cupressus lusitanica* (Farjon 1990)

Abies flinckii Rushforth

Árbol que alcanza alturas en la madurez entre 45 m y un diámetro en tronco de 1 m. Las ramificaciones del tronco surgen de forma horizontal al tronco. De corteza café oscura a rojiza en los estados juveniles, de textura rugosa y divide en placas gruesas. Hojas con arreglo espiralado, lineares, con una longitud máxima de 5.5 cm, de verde oscuro en el as y opáco en el envés en donde generalmente se arreglan los estomas en 8 a 10 líneas, junto con dos canales resiníferos. La distribución se restringe al Oeste del estado de Jalisco.

La delimitación de esta especie ha resultado muy controversial, incluso existen sugerencias que este grupo es el resultado de una hibridación entre *A. guatemalensis* y *A. hickelii* o otras que lo señalan como un sinónimo de *A. guatemalensis*.

Abies guatemalensis Rehder.

Árbol que alcanza alturas entre 35 a 45 m, con un tronco de diámetro de de 1.5 m, de corteza café grisácea y escamosa en el estadio adulto.

Su distribución abarca las regiones montañosas del Sur y Centro de México, el Salvador, Honduras y Guatemala (Martínez, 1948; Donahue *et al.*, 1985; Andersen *et al.*, 2006) en altitudes entre 2000 y 4000 msnm.

Abies hickeli Flous y H. Gaussen

Especie endémica de hasta treinta metros de altura, y de 70 a 90 cm en tronco. De corteza grisácea y agrietada dividida en placas cuadrangulares. Ramas, ascendentes formando una copa irregular, dispuestas perpendicularmente unas de otras. Hojas lineares de color verde brillante en el as y glauco en el envés con tres o cuatro canales resiníferos.

Si distribución es muy fragmentada el la porción Este de la Faja Volcánica Transmexicana y el Sur de la Sierra Madre del Sur en altitudes entre los 2500 y los 3000 msnm (Martínez, 1948; Farjon, 1990).

Abies religiosa (Humboldt, Bonpland y Kunth) Schlechtendal y Chamisso

Alcanza alturas entre 25 y 60 m, y un diámetro en tronco de hasta 2 m. La corteza es suave y gris en los juveniles, mientras que en los adultos se torna café oscura y de textura rugosa. Copa cónica conformada en la parte inferior por ramas ascendentes y en parte superior ramas con arreglo horizontal. Las hojas con un canal resinífero a cada lado y estomas en cinco líneas en el as. Se distribuye en la Faja Volcánica Transmexicana arriba de los 2000 msnm (Martínez, 1948). En donde generalmente esta asociado a *Pseudotsuga lindleyana*, *P. montezumae*, y *P. hartwegii*.

Abies vejarii, Martinez M.

Árbol que alcanza 40 m de altura y diámetro de 1.5 m cuando adulto, la corteza es de color café grisáceo con de textura rugosa. De copa cónica, con arreglo horizontal de las ramas con hojas con arreglo espiralado, con dos canales resiníferos vestigiales, y diez líneas de estomas en el as,

Especie endémica a la Sierra Madre Oriental desde Coahuila hasta el oeste de Tamaulipas en un rango altitudinal entre 2800 a 3300 msnm.

Tabla C.1 Referencias las poblaciones de las especies de oyameles distribuidos en México.

Población	Longitud	Latitud	Altitud
<i>A. concolor</i>			
1 San Pedro Martir	-115.463	31.043	3069
2 Pinos Altos	-108.212	29.324	2400
3 Arroyo las Garrochas	-108.301	28.255	2730
<i>A. durangensis</i>			
4 Pinos Altos	-105.741	23.668	2190
5 Creel	-106.606	26.272	2730
6 Cerro Las Iglesias	-107.618	27.710	3030
7 Paraje Sta. Bárbara	-105.419	23.689	2910
8 Los Bancos	-108.312	28.253	2970
<i>A. durangensis</i> var. <i>coahuilensis</i>			
9 Sierra de La Madera	-102.585	28.866	2280
10 Rincón de María	-102.049	28.459	1710
11 Sierra del Carmen	-102.510	27.109	2430
<i>A. guatemalensis</i>			
12 Ixtepeji	-96.5	17.166	2800
13 Miahuatlán	-96.3	16.183	2500
14 El Porvenir	-92.27	15.455	3330
15 Carrizal del Bravo	-99.85	17.583	2670
16 Sierra del Pino	-99.45	22.450	1170
17 Agua Blanca	-98.333	20.350	2310
<i>A. flinckii</i>			
18 El Caracol	-100.75	19.583	2300
19 Los Sauces	-101.35	19.333	2250
20 Dos aguas	-102.95	18.766	2500
Cumbre de			2100
21 Guadalupe	-104.716	20.200	2100
22 Cuale	-105.000	20.350	2490
23 El terrero	-103.933	19.450	2500
<i>A. hickeli</i>			
24 Llano Grande	-96.366	17.166	2600
25 Ixtlán de Juarez	-96.433	17.366	2904
26 El portillo	-96.400	17.450	2530
27 El Tlacuache	-97.116	16.733	2600
28 San Miguel Aloapan	-96.400	17.450	2500
29 Tlaxiaco	-96.750	17.050	3000
30 Xometla	-97.200	18.96	2910

→ Continúa

→ **Continuación**

Tabla C.1 Referencias las poblaciones de las especies de oyameles distribuidos en México

<i>A. religiosa</i>				
31	Nevado de Toluca	-99.800	19.183	3240
32	La Cañada	-100.183	19.433	2950
33	Puerta Garnica	-100.816	19.666	2880
34	Sierra Manatlán	-103.950	19.450	2800
35	Nevado de Colima	-103.583	19.583	3330
36	Volcán Atlitzin	-97.350	18.966	3060
37	Cofre de Perote	-97.350	19.516	3510
38	Tlaxco	-98.083	19.683	2760
39	El Chico	-98.700	20.150	2940
40	Volcán Popocatepetl	-98.683	19.083	3330
41	Tarcítaro	-102.316	19.383	3030
<i>A. vejarii</i>				
42	Jame	-99.796	25.888	2850
43	Mesa de las Tablas	-100.210	24.917	2880
44	Los Lirios	-100.547	25.448	2700
45	Cerro del Potosí	-101.138	25.340	2100
46	Zaragoza	-100.429	25.287	2610

Las inferencias que se han obtenido Keiman (1997), Aguirre-Planter (2000, 2012) y Jaramillo-Correa (2008) denotan que los niveles de variación genética son comparablemente bajos respecto a otras especies del género (Aguirre-Planter *et al.*, 2000). Sin embargo la alta diferenciación entre poblaciones sugiere la ausencia de flujo génico (Keiman, 1997); y de manera consecuente, tener altos grados de entrecruzamientos endogámicos en las poblaciones.

Tabla C.2 Variación y diferenciación genética poblacional para las especies de oyameles a partir de distintos marcadores genéticos.

Especie	Aloenzimas		Microsatelites		Secuencias		[n]	Autor
	H_T	F_{ST}	H_T	F_{st}	H_T	F_{ST}		
<i>Abies concolor</i>	0.07	0.27					16	Keiman, 1997
			0.92	0.11			3	Aguirre-Planter <i>et al.</i> , 2012
<i>A. durangensis</i>	0.06	0.19					16	Keiman, 1997
			0.81	0.16			3	Aguirre-Planter <i>et al.</i> , 2012
<i>A. durangensis</i> var. <i>coahuilensis</i>	0.06	0.03					16	Keiman, 1997
			0.79	0.13			3	Aguirre-Planter <i>et al.</i> , 2012
<i>A. flinckii</i>	0.11	0.27					14	Aguirre-Planter <i>et al.</i> , 2000
					0.80	0.15	20	Jaramillo-Correa <i>et al.</i> , 2008
<i>A. guatemalensis</i>	0.06	0.12					14	Aguirre-Planter <i>et al.</i> , 2000
					0.93	0.20	20	Jaramillo-Correa <i>et al.</i> , 2008
<i>A. hickelii</i>	0.1	0.02					14	Aguirre-Planter <i>et al.</i> , 2000
					0.93	0.17	20	Jaramillo-Correa <i>et al.</i> , 2008
<i>A. religiosa</i>	0.25	0.10					14	Aguirre-Planter <i>et al.</i> , 2000
					0.90	0.15	20	Jaramillo-Correa <i>et al.</i> , 2008
<i>A. vejarii</i>	0.07	0.10					16	Keiman, 1997
			0.90	0.12			3	Aguirre-Planter <i>et al.</i> , 2012

Donde H_T es la heterocigosis obtenida; F_{ST} corresponde al índice de diferenciación genética;

Históricamente, se puede inferir a partir de los índices de diferenciación genética obtenidos en el trabajo de Aguirre-Planter (*et al.*, 2000) que la poca diferenciación entre las poblaciones se debe a que han estado sometidas a cuellos de botella, que coinciden con la evidencia paleoclimática de Pleistoceno, y/o han colonización por efecto fundador lo cual restringe la variación genética actual debido a tamaños efectivos reducidos.

Como señala Keiman (1997) existe la posibilidad que el aislamiento geográfico o errores en la clasificación taxonómica puedan ser artefactos actuales para malinterpretar la diferenciación por especie y subestimar el aislamiento reproductivo entre las poblaciones entendidas según la clasificación taxonómica del grupo.

La distribución fragmentada y la alta diferenciación entre las poblaciones, ha generado que estudios hayan en el genero hayan señalado que cada comunidad representa una riqueza evolutiva irrecuperable (Keiman, 1997), además del rol ecológico que representan en el hábitat y como recurso económico en su comunidad los métodos de evaluación de riesgo al peligro de extinción colocan a la mayoría de las especies en alguna categoría de riesgo (ver Tabla C.3).

Tabla C.3 Categorías de riesgo en las especies de oyameles distribuidos en México.

	NOM 059-SEMARNAT 2010		UICN (2011)	
<i>Abies concolor</i>	Sujetas a protección especial	Pr	Menor preocupación	LC
<i>A. durangensis</i>			Menor preocupación	LC
<i>A. durangensis</i> var. <i>coahuilensis</i>				
<i>A. flinckii</i>	Sujetas a protección especial	Pr		
<i>A. guatemalensis</i>	Peligro de extinción	P	Vulnerable [A1d]	VU
<i>A. hickelii</i>	Peligro de extinción	P	Vulnerable [A1d]	VU
<i>A. religiosa</i>			Menor preocupación	LC
<i>A. vejarii</i>	Amenazada	A	Menor preocupación	LC

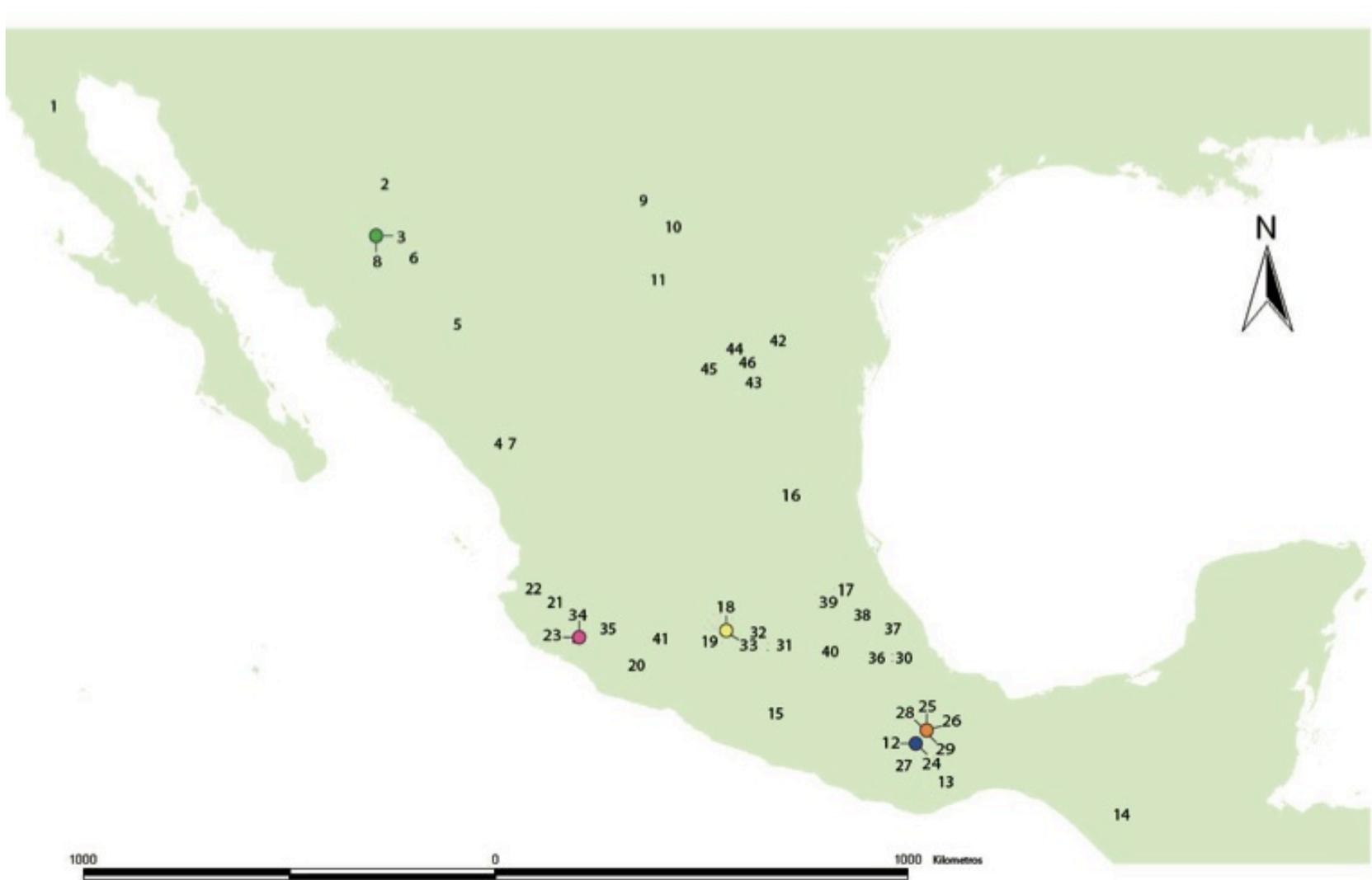


Figura C.2 Mapa de las poblaciones de los abetos mexicanos. El número corresponde al valor numerado en la primera columna de la Tabla C.

Anexo D

Protocolo de extracción de ADN CTAB 2% *mini-prep* modificado por Vázquez-Lobo (1996):

1. Moler en mortero 1 gr (aprox 4 cm) de tejido con Nitrógeno líquido, hasta obtener un polvo fino, procurando eliminar al máximo las fibras.
2. Al tejido ya pulverizado agregar 1 mL de buffer de CTAB 2x (This-HCl 100 mMn pH 8, NaCl 1.4 M, EDTA 20 mM, CTAB 2% y b-ME 0.3% (este último se agrega el día de la extracción).
3. Recuperar todo en un tubo eppendorf de 2 ml y centrifugar a 10 000 rpm durante 8 minutos a 20°C.
4. Eliminar el sobrenadante y resuspender con 600 µl de buffer CTAB 2X. Incubar en un baño a 60°C durante 10 minutos (agitando las muestras cada 3 minutos).
5. Agregar a cada tubo 600 µl de cloroformo:octanol 24:1, agitar hasta homogenizar y centrifugar a 7000 rpm durante 15 minutos a 4°C. El sobrenadante debe quedar trasparente.
6. Trasladar el sobrenadante a un tubo nuevo (con una pipeta de 200 µl) evitando tomar material de la disfase.
7. Precipitar el ADN con 2/3 del volumen final de isopropanol frío (600 µl aprox volumen final, agregar 400 µl isopropanol). Dejar reposar en frío de 30 minutos a 12 horas.
8. Centrifugar a 13,000 rpm durante 5 minutos a 4°C. Eliminar el sobrenadante.
9. Limpiar el pellet: agregar 0.5 ml de etanol 70% frío y centrifugar a 13 000 rpm durante 2 minutos a 4°C.
10. Eliminar el sobrenadante y repetir el paso anterior.
11. Eliminar el sobrenadante y dejar a secar (evaporación del etanol) los pellets en la campana de flujo (10 minutos aprox).
12. Eliminar el sobrenadante y resuspender el pellet con 200 µl de H₂O.
13. Una vez que el pellet se disuelve las muestras de ADN para su conservación se refrigeran a -20°C.

Anexo E

Frecuencias haplotípicas y alélicas reportadas para cada especie.

Tabla E.1 Frecuencias haplotípicas en trece poblaciones de *Pinus cembroides* (Cuenca, 2003)

Locus	Población															Total (n=260)		
	H	1	2	3	AO (n=20)	CO (n=20)	FO (n=20)	BC (n=20)	CHC (n=20)	GC (n=20)	MC (n=20)	NC (n=20)	PC (n=20)	SC (n=20)	SBC (n=20)		TC (n=20)	YC (n=20)
1	156	144	96	1					2	1						1		5
2	156	144	97			1	1		1	2	1		1		1	2		10
3	157	144	96		1	5	2	3	2	3	3		1	2	1	2		25
4	157	144	97	12	16	12	11	14	10	10	12	14	9	17	13	9		159
5	157	144	98		1				2	1		2	1	1		1		9
6	157	145	96			1												1
7	157	145	97		1		5	1			1		1				2	11
8	158	144	96			1					1							2
9	158	144	97	7					1	2	2	4	2		2	2		22
10	156	144	98														1	1
11	157	144	95						1								1	2
12	157	144	99					1					1					2
13	157	147	94							1								1
14	158	143	97										1		1			2
15	158	144	98										2					2
16	158	145	98				1											1
17	159	144	97					1	1							1		3

Corresponde H al número de haplótipo, mientras que Locus 1, 2 y 3 corresponden a los microsatélites Pt30204, Pt79951 y Pt110048 (Vendramin *et al.* 1996) respectivamente.

Las abreviaciones de las poblaciones corresponden a Ajalpan (AO), Candelaria (CO) y Frijol Colorado (FO), Babícora (BC), El Chicharo (CH), Galeana (GC), Mazapil (MC), Madroño (NC), Panalachic (PC), Saltillo (SC), San Buenaventura (SBC), Tepehuanes (TC) y Yugarí (Y).

Tabla E.2 Frecuencias haplotípicas en dos poblaciones de *Pinus culminicola* (Wegier, no publicado)

H	Locus			Población		Total (n=42)
	1	2	3	V (n= 20)	P (n=22)	
1	157	146	93	2	3	5
2	158	143	97	3		3
3	158	146	92		2	2
4	158	146	93	1	10	11
5	159	146	93		1	1
6	160	145	92	1		1
7	159	144	93	1		1
8	159	144	92	1		1
9	158	144	95	1		1
10	158	143	93	1		1
11	158	145	97	1		1
12	158	144	93	4		4
13	157	144	93	4		4
14	157	145	92		2	2
15	158	145	92		2	2
16	158	145	93		2	2

Corresponde H al número de haplotipo, mientras que Loci 1, 2 y 3 corresponden a los microsatélites Pt30204, Pt79951 y Pt110048 (Vendramin *et al.* 1996) respectivamente. Las abreviaciones de las poblaciones corresponden a La Vieja (V) y Cerro del Potosí (P)

Tabla E.3 Frecuencias haplotípicas en dos poblaciones de *Pinus discolor* (Cuenca, 2003)

H	Locus			JD (n=20)	SMD (n=20)	Total (n=40)
	1	2	3			
1	156	144	96		1	1
2	157	144	94		1	1
3	157	144	96		1	1
4	157	144	97	1		1
5	157	146	93		1	1
6	157	146	94	1	1	2
7	157	146	97		1	1
8	158	146	93		1	1
9	158	146	94	4	10	14
10	158	146	95	6		6
11	158	146	96	1		1
12	159	146	94	6	3	9
13	159	146	97	1		1

Corresponde H al número de haplotipo, mientras que Loci 1, 2 y 3 corresponden a los microsatélites Pt30204, Pt79951 y Pt110048 (Vendramin *et al.* 1996) respectivamente. Las abreviaciones de las poblaciones corresponden a Colonia Juárez (JD) y Sierra de San Miguelito (SMD).

Tabla E.4 Frecuencias haplotípicas en tres poblaciones de *Pinus johannis* (Cuenca, 2003)

H	Locus			AJ	LJ	MJ	Total
	1	2	3	(n=20)	(n=20)	(n=20)	(n=60)
1	157	146	93			1	1
2	157	146	94	1			1
3	157	146	96	1			1
4	158	146	92		1	1	2
5	158	146	93		8	9	17
6	158	146	94	12	10	6	28
7	158	146	95	6		1	7
8	158	146	96			1	1
9	158	147	94			1	1
10	159	146	94		1		1

Corresponde H al número de haplotipo, mientras que Loci 1, 2 y 3 corresponden a los microsatélites Pt30204, Pt79951 y Pt110048 (Vendramin *et al.* 1996) respectivamente. Las abreviaciones de las poblaciones corresponden a La Amapola (AJ), Las Lajas (LJ) y Mazapil (MJ).

Tabla E.5 Frecuencias haplotípicas para *Pinus lagunae*, Sierra de la Laguna (Cuenca, 2003).

H	Locus			SL
	1	2	3	(n=25)
1	156	144	96	5
2	157	144	96	17
3	158	144	96	2
4	158	147	94	1

Corresponde H al número de haplotipo, mientras que Loci 1, 2 y 3 corresponden a los microsatélites Pt30204, Pt79951 y Pt110048 (Vendramin *et al.* 1996) respectivamente.

Tabla E.6 Frecuencias haplotípicas para dos poblaciones de *Pinus maximartinezii*

H	Locus					Ju	Me	Total
	1	2	3	4	5	(n=20)	(n=20)	(n=40)
1	156	90	146	87	156	3	1	4
2	156	89	146	87	156	2		2
3	156	92	146	87	156	3		3
4	155	90	147	87	155	2		2
5	157	92	146	87	157	2		2
6	156	87	146	87	156	1		1
7	158	92	146	87	158	1		1
8	155	88	146	87	155	1		1
9	155	97	147	87	155	1		1
10	156	94	146	87	156	3		3
11	156	90	147	87	156	1		1
12	156	90	146	87	156		5	5
13	156	89	146	87	156		3	3
14	156	92	146	87	156		4	4
15	155	90	147	87	155		2	2
16	157	92	146	87	157		1	1
17	156	87	146	87	156		1	1
18	158	92	146	87	158		1	1
19	155	88	146	87	155		1	1
20	155	97	147	87	155		1	1

Corresponde H al número de haplótipo, mientras que Loci 1, 2, 3, 4 y 5 corresponden a los microsatélites Pt30204, Pt63718, Pt79951 y Pt110048 (Vendramin *et al.* 1996) respectivamente. Las abreviaciones de las poblaciones corresponden a Juchipila (Ju) y El Mezquital (Me).

Tabla E.7 Frecuencias haplotípicas de *Pinus nelsonii* en nueve poblaciones (Cuenca *et al.* 2003)

H	Loci				Población										Total
	1	2	3	4	LD (n=30)	LT (n=23)	PM (n=18)	M (n=20)	PN (n=28)	SL (n=24)	P (n=26)	T (n=17)	A (n=46)		
1	158	146	153	93	27	20	12	1	16	6	11	9	12	114	
2	158	146	153	95	1			1	1					3	
3	158	146	153	92	1			1						2	
4	159	146	153	93	1	1	4		3	3	4	1	6	23	
5	159	145	153	93		1		1					1	3	
6	158	147	153	93		1	1	2	2	6	1			13	
7	157	145	153	95			1	1						2	
8	157	146	153	93				7	2	4	3	2	12	30	
9	158	145	153	93				3	1	1		1	6	12	
10	159	145	153	95				1						1	
11	157	146	153	95				1						1	
12	158	147	153	95				1				1		2	
13	158	145	154	93					1				1	2	
14	159	146	153	95					1					1	
15	159	147	153	93					1				2	3	
16	158	146	152	93						1	1			2	
17	157	145	154	93						1				1	
18	157	147	153	93						1		1	1	3	
19	158	147	153	94						1				1	
20	160	146	153	93							3	1	1	5	
21	160	146	153	94							1			1	
22	157	146	152	93							1			1	
23	158	146	153	94							1	1		2	
24	158	145	153	94									1	1	
25	158	148	153	93									1	1	
26	157	146	154	93									1	1	
27	159	147	153	94									1	1	

Corresponde H al número de haplótipo, mientras que Loci 1, 2, 3 y 4 corresponden a los microsatélites Pt30204, Pt71936, Pt3678 y Pt63718 (Vendramin *et al.* 1996) respectivamente. Las abreviaciones de las poblaciones corresponden a Los Duraznillos (LD), La Tapona (LT), Puerto Membrillo (PM), Miquihuana (M), Peña Nevada (PN), San Lázaro (SL), Palmillas (P), Tula (T) y Antonias (A).

Tabla E.8 Frecuencias haplotípicas de seis poblaciones de *Pinus pincea* (Escalante, 2001)

H	Locus				Población						Total
	1	2	3	4	SP (n=31)	C (n=31)	H (n=30)	HG (n=20)	SJ (n=15)	T (n=26)	
1	154	144	93	92	19	18	1				38
2	155	144	93	92	8	13					21
3	152	144	91	96		1					1
4	154	145	91	92			4	6			10
5	149	150	91	93			1		14	26	41
6	154	144	91	92			15	7			22
7	148	150	91	92			1				1
8	155	144	91	92			7	5			12
9	155	145	91	92			1				1
10	150	145	91	92				1			1
11	155	144	91	93				1			1
12	150	150	91	93					1		1
13	154	144	93	94	2						2
14	154	144	93	93	2						2

Corresponde H al número de haplotipo, mientras que Loci 1, 2, 3 y 4 corresponden a los microsatélites Pt30204, Pt71936, Pt79951 y Pt110048 (Vendramin *et al.* 1996) respectivamente. Las abreviaciones de las poblaciones corresponden a Sierra de las Parras (SP), Cuahémoc (C), Huizache (H), Guadalcázar (HG), San Joaquín (SJ) y Tolantongo (H).

Tabla E.9 Frecuencias haplotípicas de *Pinus rzedowskii* en dos de sus poblaciones

H	Locus					Al	Ch	Total
	1	2	3	4	5	(n=11)	(n=20)	(n=31)
1	156	145	93	153	145	1		1
2	155	146	92	153	146	2		2
3	155	146	93	151	146	1		1
4	158	145	93	152	145	1		1
5	155	146	92	151	145	1		1
6	160	146	92	153	145	1		1
7	158	146	93	150	146	1		1
8	155	146	93	150	146	1		1
9	157	145	92	151	145	1		1
10	151	146	93	151	145	1		1
11	155	145	92	153	145		1	1
12	155	146	93	154	146		1	1
13	154	146	92	154	145		1	1
14	154	146	93	153	145		1	1
15	158	146	92	152	145		1	1
16	155	146	92	153	145		2	2
17	155	146	92	151	145		3	3
18	155	146	93	152	145		1	1
19	154	146	93	150	145		1	1
20	155	146	91	151	145		2	2
21	155	146	91	154	145		1	1
22	151	146	92	153	145		1	1
23	155	146	92	154	146		1	1
24	154	146	93	151	145		2	2
25	155	146	92	151	146		1	1

Corresponde H al número de haplotipo, mientras que Loci 1, 2 y 3 corresponden a los microsatélites Pt30204, Pt36418, Pt63718, Pt71936 y Pt110048 (Vendramin *et al.* 1996) respectivamente. Las abreviaciones de las poblaciones corresponden a La Alberca (Al) y Chiqueritos (Ch).

Tabla E.10 Frecuencias alélicas de *Pinus maximartinezii* en la población Juchipila, Zacatecas (Ledig *et al.*, 1999)

Loci	Alelo		n
	1	2	
<i>Ald2</i>	0.615	0.385	96
<i>Got3</i>	0.24	0.76	96
<i>Lap2</i>	0.49	0.51	96
<i>Mnrl</i>	0.589	0.411	96
<i>Mpi</i>	0.761	0.239	71
<i>Pgi2</i>	0.552	0.448	96
<i>Pgm</i>	0.995	0.005	96
<i>6Pgl</i>	0.568	0.432	96
<i>Skdl</i>	0.786	0.214	96
<i>Tpil</i>	0.561	0.439	82

Los alelos 1 y 2 corresponden a la frecuencia de los electromorfos de las isoenzimas aldolasa (Ald-2), glutamato oxaloacetato transaminasa (Got-3), Leucino aminopeptidasa (Lap-2), Mediadona reductasa (Mnrl), fosfomanosa isomerasa (Mpi), fosfoglucoasa isomerasa (Pgi-2), fosfoglucomutasa (Pgm), fosfogluconolactonasa 3 (6-Pgl) , Shimiko deshidrogenasa (Skdl), fosfotriosa isomerasa (Tpil).

Tabla E.11 Frecuencias alélicas de *Pinus pinceana* en ocho poblaciones

Locus	Alelo	Población							
		Cap (n=34)	DdA (n=30)	Zap (n=50)	Fern (n=22)	Mina (n=32)	Laja (n=36)	Yes (n=14)	Ord (n=60)
<i>Aco-1</i>	1	0.767	0.533	0.66	0.591	0.563	0.722	1	0.981
	2	0.067		0.04		0.094	0.167		
	3	0.167	0.467	0.3	0.409	0.344	0.111		0.019
<i>Adh-1</i>	1	0.588	0.667	0.54	0.727	0.469	0.389	0.714	0.8
	2	0.412	0.333	0.4	0.227	0.5	0.528		0.2
	3			0.06	0.045	0.031	0.083	0.286	
<i>Ald-1</i>	1	0.55	0.556	0.625	0.7	0.55	0.438	1	0.796
	2	0.15	0.333	0.325	0.1	0.25	0.563		0.204
	3	0.3	0.111	0.05	0.2	0.2			
<i>Ald-2</i>	1	0.964	0.962	0.955	1	0.857	0.929	0.929	0.891
	2	0.036	0.038	0.045		0.107	0.071	0.071	0.109
	3					0.036			
<i>Cadh</i>	1	1	1	1	1	1	1	0.714	1
	2							0.286	
<i>Cat</i>	1	1	1	0.94	1	1	1	1	1
	2			0.06					
<i>Fest</i>	1	0.294	0.533	0.34	0.273	0.313	0.529	0.143	0.017
	2	0.706	0.467	0.66	0.636	0.688	0.441	0.857	0.983
	3				0.091		0.029		
<i>Gdh</i>	1	1	1	1	1	1	1	1	0.983
	2								0.017
<i>Got-1</i>	1	1	1	1	0.909	1	0.941	1	1
	2				0.091		0.059		
<i>Got-2</i>	1	0.844	0.967	0.88	0.8	0.867	0.867	1	1
	2	0.125		0.06	0.05	0.133	0.133		
	3				0.1				
	4			0.06					
	5	0.031	0.033		0.05				

Continúa →

Continuación →									
<i>Got-3</i>	1	0.882	0.967	0.92	0.909	0.969	0.941	1	1
	2	0.088		0.08	0.091	0.031	0.029		
	3	0.029					0.029		
	4		0.033						
<i>ldh-2</i>	1	1	1	1	1	1	1	0.857	0.931
	2							0.071	0.069
	3							0.071	0
<i>Lap-1</i>	1	1	1	0.958	1	1	1	1	1
	2	0	0	0.042					
<i>Lap-2</i>	1	0.219	0.429	0.354	0.611	0.5	0.472		0.04
	2	0.563	0.571	0.5	0.167	0.5	0.417		0.3
	3	0.156		0.104	0.056		0.056	1	0.62
	4	0.063		0.042	0.167		0.056		
	5								0.04
<i>Mdh-2</i>	1	0.588	0.767	0.74	0.864	0.594	0.917	0.214	0.833
	2	0.412	0.233	0.26	0.136	0.406	0.083	0.786	0.167
<i>Mdh-3</i>	1	1	0.967	0.9	0.955	0.906	1	0.571	0.983
	2			0.06	0.045	0.063			
	3			0.04		0.031		0.429	0.017
	4		0.033						
<i>Mnr-1</i>	1	0.941	0.933	0.92	0.955	0.844	0.889	0.857	0.967
	2	0.059	0.067	0.08	0.045	0.156	0.111	0.143	0.033
<i>Mnr-2</i>	1	1	1	1	1	0.969	1	1	0.983
	2					0.031			0.017
<i>6pg-1</i>	1	0.7	0.833	0.881	0.85	0.893	0.962	0.357	0.587
	2	0.133	0.167	0.048	0.05	0.036	0	0.643	0.239
	3	0.033			0.1		0.038		
	4	0.133		0.071		0.071			0.174
<i>Pgi-2</i>	1	0.647	0.633	0.76	0.909	0.844	0.861	0.643	0.867
	2	0.294	0.367	0.24	0.091	0.156	0.139		
	3	0.029						0.357	0.133
	4	0.029							

Continúa →

Anexo F

Estimaciones de tamaños efectivos de las especies de pinos piñoneros distribuidos en México.

A partir del parámetro Θ_H y la relación con el tamaño efectivo poblacional (Ecuación 7) y la tasa de mutación por sitio por generación (Ecuación 8) propuesto para datos de microsatélites propuesto por Ohta y Kimura (1973) bajo un modelo *stepwise*.

$$\Theta_H = \frac{1}{(1 - Ne)^2} - 1 \quad (7)$$

$$\Theta_H = Ne\mu \quad (8)$$

Considerando la relación de estas dos definiciones se obtuvo un estimado del tamaño efectivo poblacional (Ecuación 9) considerando la tasa de mutación (μ) 5.5×10^{-5} por sitio por generación (Provan, 1999).

$$Ne = \frac{\Theta_H}{\mu} \quad (9)$$

Tabla F.1. Tamaño efectivo a partir del número de loci polimórficos.

	Θ_{HOM}	# loci polimórficos	Tasa de mutación (μ) *	Ne
<i>Pinus cembroides</i>	1.13	3	0.000165	3425.15
<i>P. culminicola</i>	7.94	3	0.000165	24072.73
<i>P. discolor</i>	3.56	3	0.000165	10796.97
<i>P. johannis</i>	2.10	3	0.000165	6370.61
<i>P. lagunae</i>	0.77	3	0.000165	2354.55
<i>P. maximartinezii</i>	19.63	4	0.0002	49077.50
<i>P. nelsonii</i>	6.24	4	0.00022	14181.82
<i>P. pinceana</i>	3.75	4	0.0002	9382.50
<i>P. rzedowskii</i>	63.59	5	0.000275	115618.18

Anexo G

Mapas de las distribuciones potenciales de las especies de pinos piñoneros.

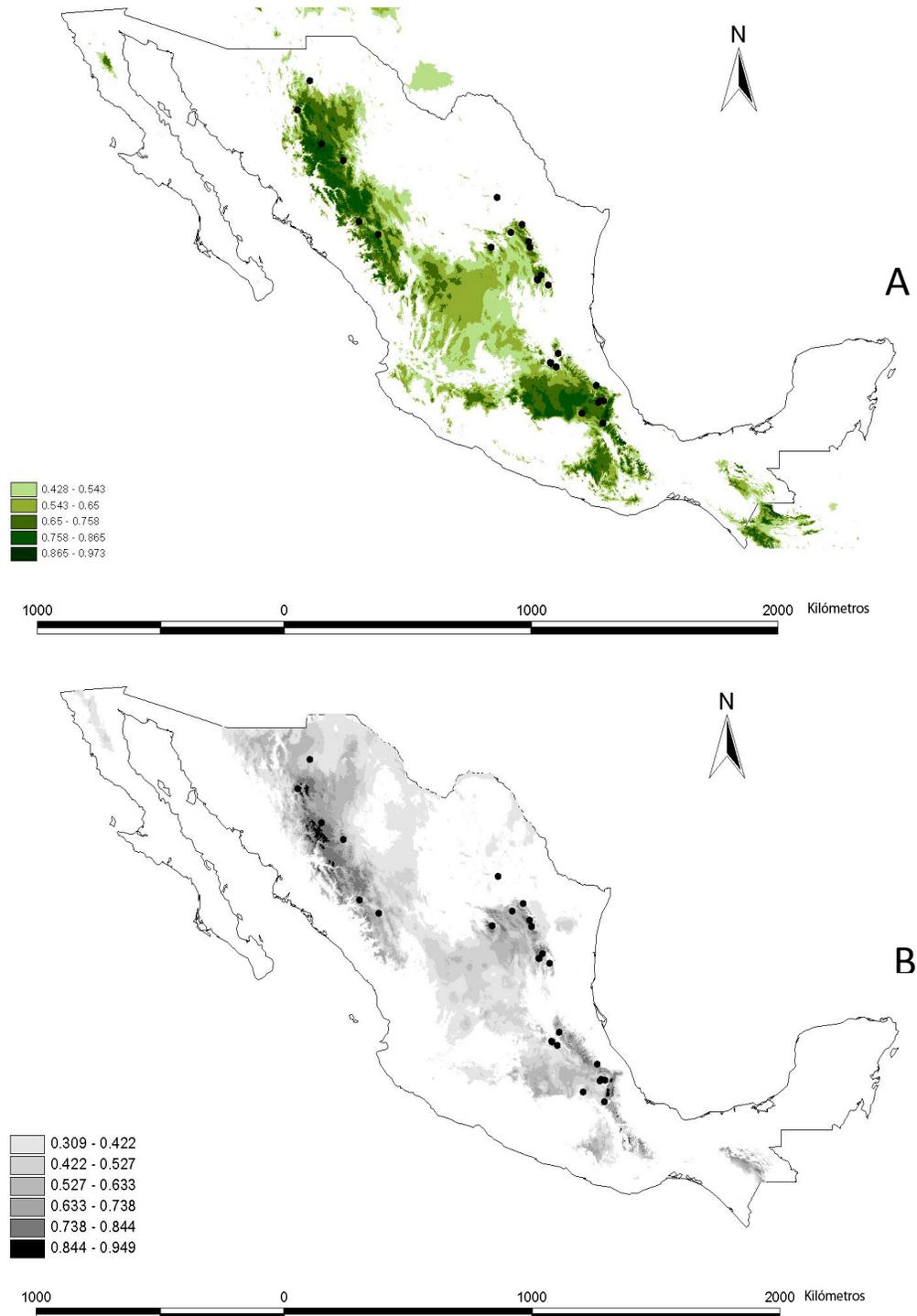


Figura G.1 Distribución potencial de *P. cembroides*. [A] Modelamiento con las variables climáticas. [B] Modelamiento con características climáticas y uso de suelo del país. En ambos la probabilidad mínima mostrada equivale al valor mínimo en el que se ubica una población referenciada. Los círculos negros corresponden a las georeferencias de las poblaciones registradas para la especie.

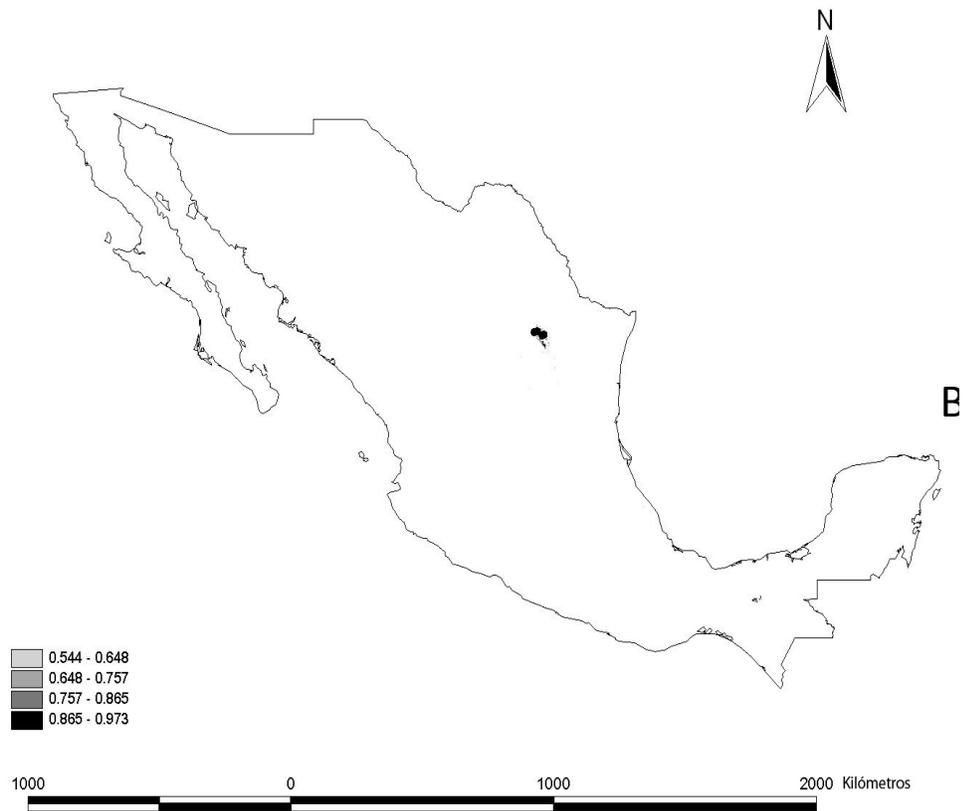
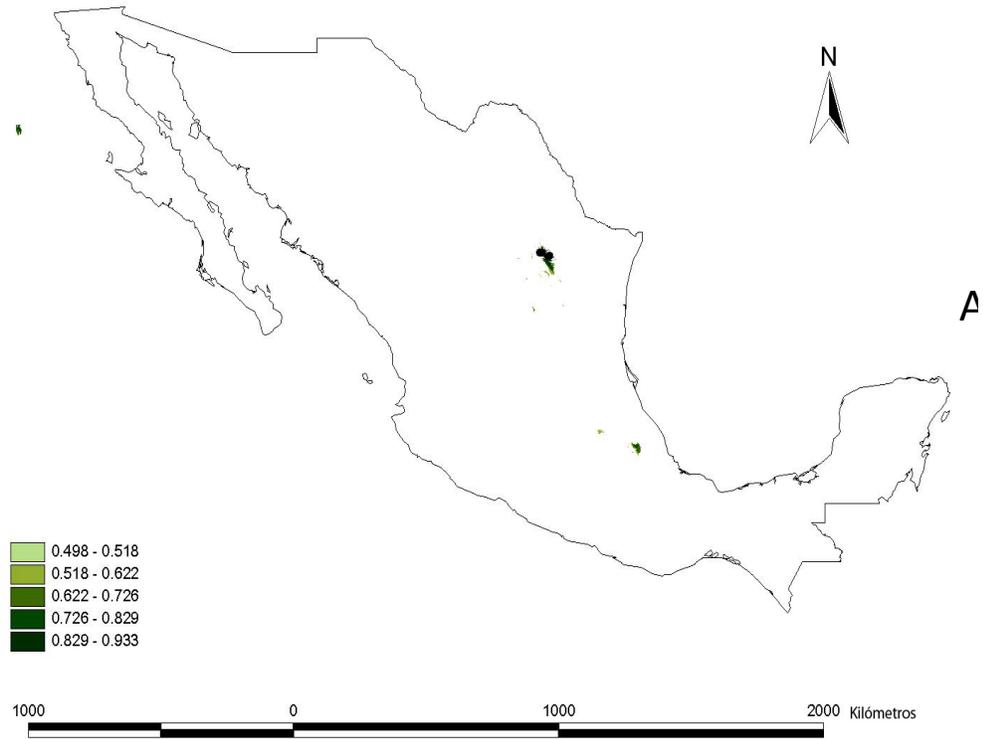


Figura G.2 Distribución potencial de *P. culminicola*. [A] Modelamiento con las variables climáticas. [B] Modelamiento con características climáticas y uso de suelo del país. En ambos la probabilidad mínima mostrada equivale al valor mínimo en el que se ubica una población referenciada. Los círculos negros corresponden a las georeferencias de las poblaciones registradas para la especie.

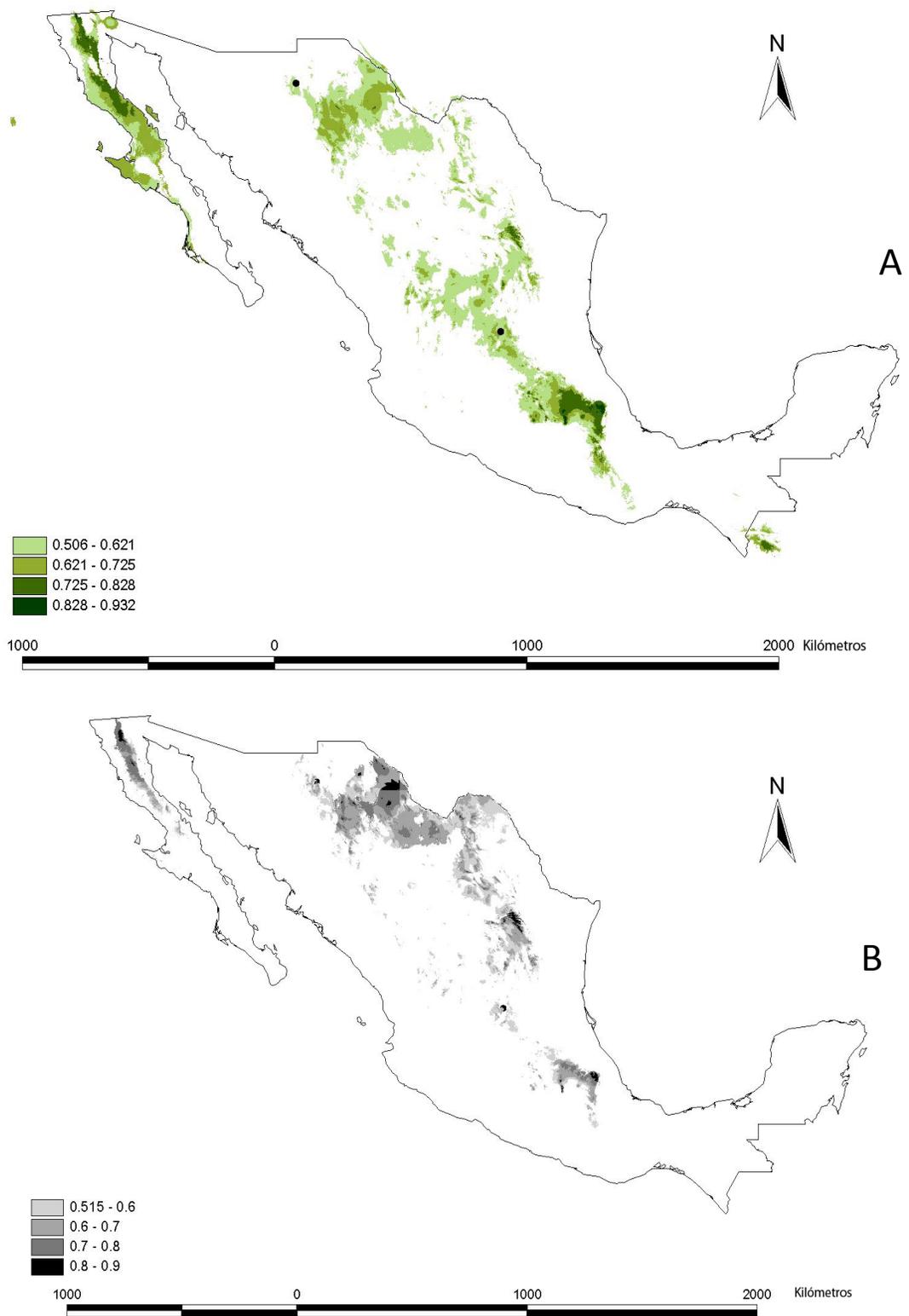


Figura G.3 Distribución potencial de *P. discolor*. [A] Modelamiento con las variables climáticas. [B] Modelamiento con características climáticas y uso de suelo del país. En ambos la probabilidad mínima mostrada equivale al valor mínimo en el que se ubica una población referenciada. Los círculos negros corresponden a las georeferencias de las poblaciones registradas para la especie.

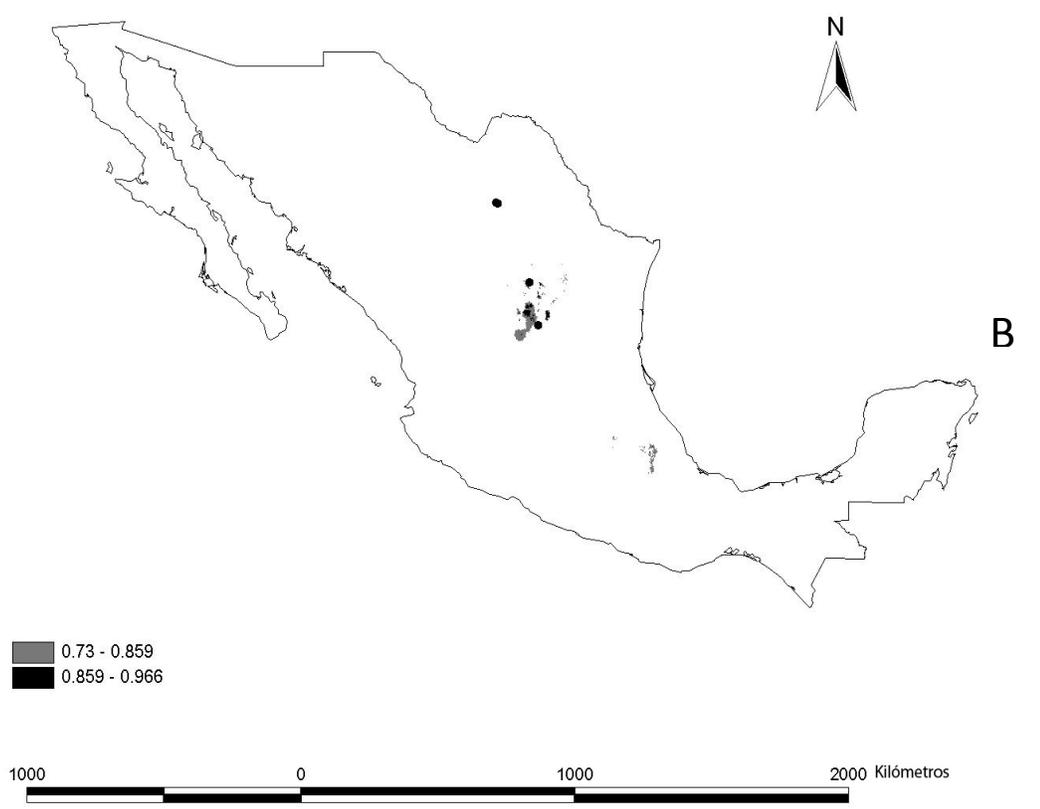
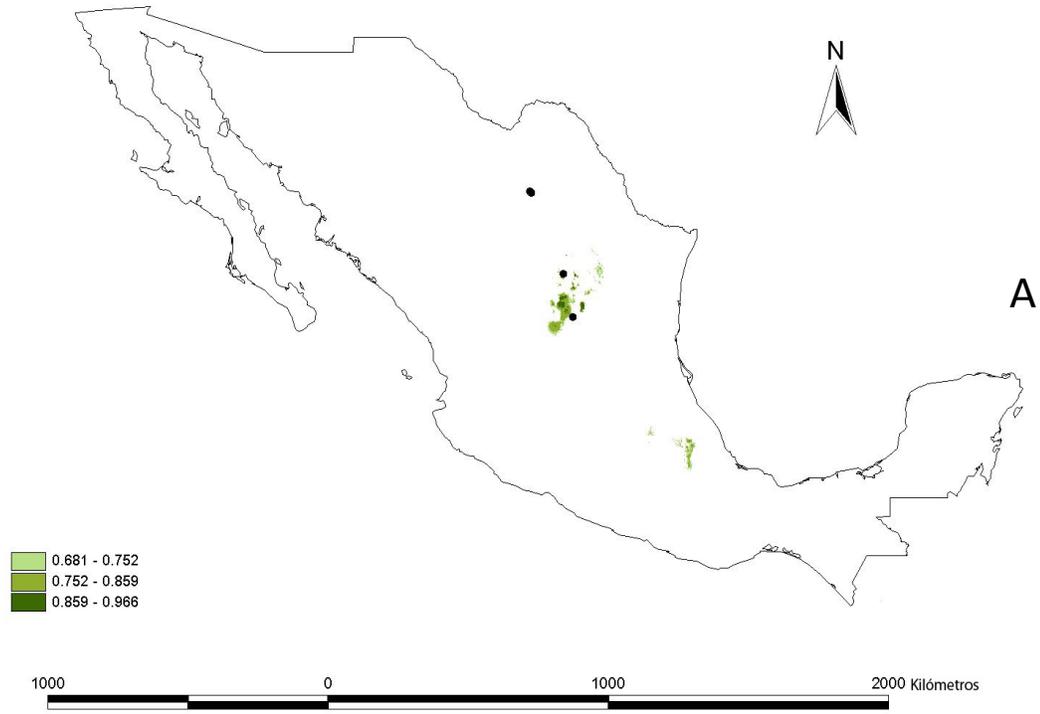


Figura G.4 Distribución potencial de *P. johannis*. [A] Modelamiento con las variables climáticas. [B] Modelamiento con características climáticas y uso de suelo del país. En ambos la probabilidad mínima mostrada equivale al valor mínimo en el que se ubica una población referenciada. Los círculos negros corresponden a las georeferencias de las poblaciones registradas para la especie.

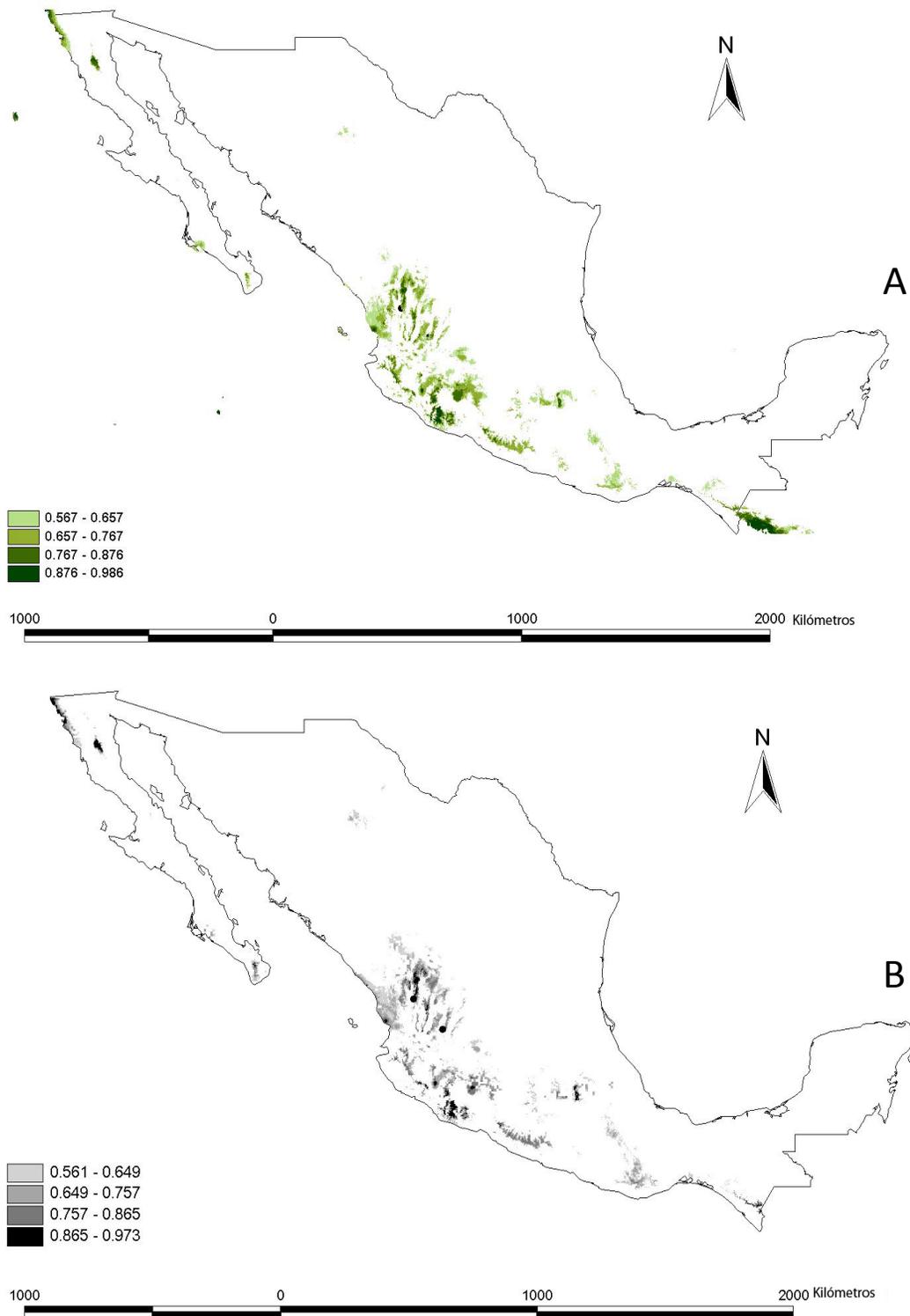


Figura G.5 Distribución potencial de *P. maximartinezii*. [A] Modelamiento con las variables climáticas. [B] Modelamiento con características climáticas y uso de suelo del país. En ambos la probabilidad mínima mostrada equivale al valor mínimo en el que se ubica una población referenciada. Los círculos negros corresponden a las georeferencias de las poblaciones registradas para la especie.

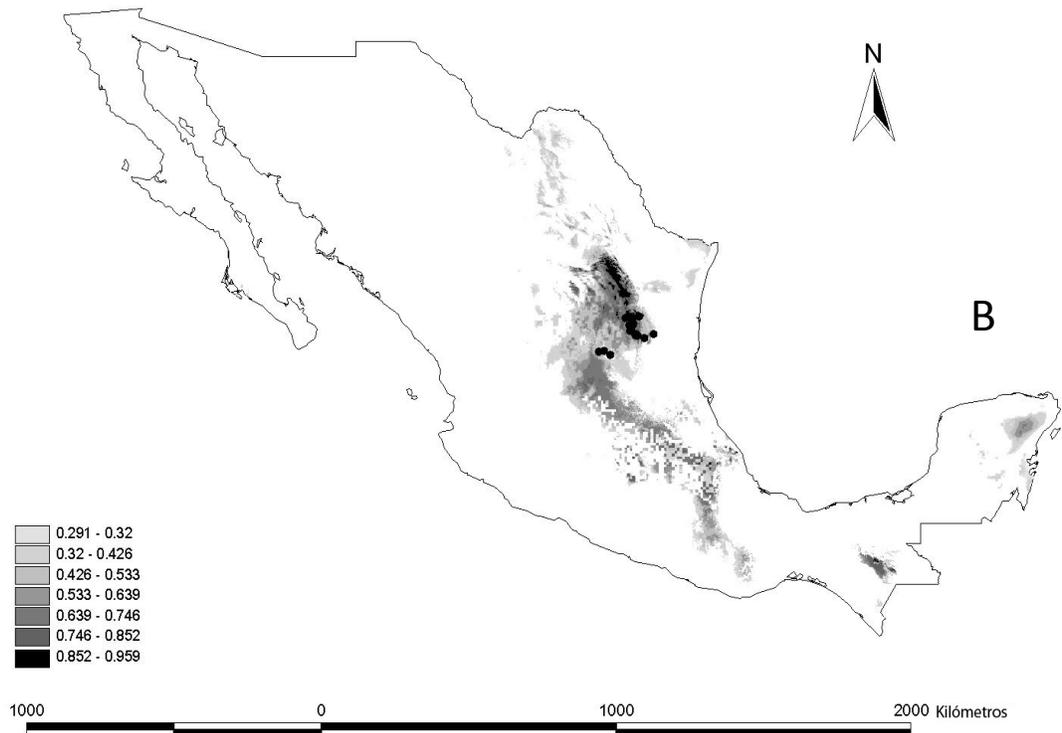
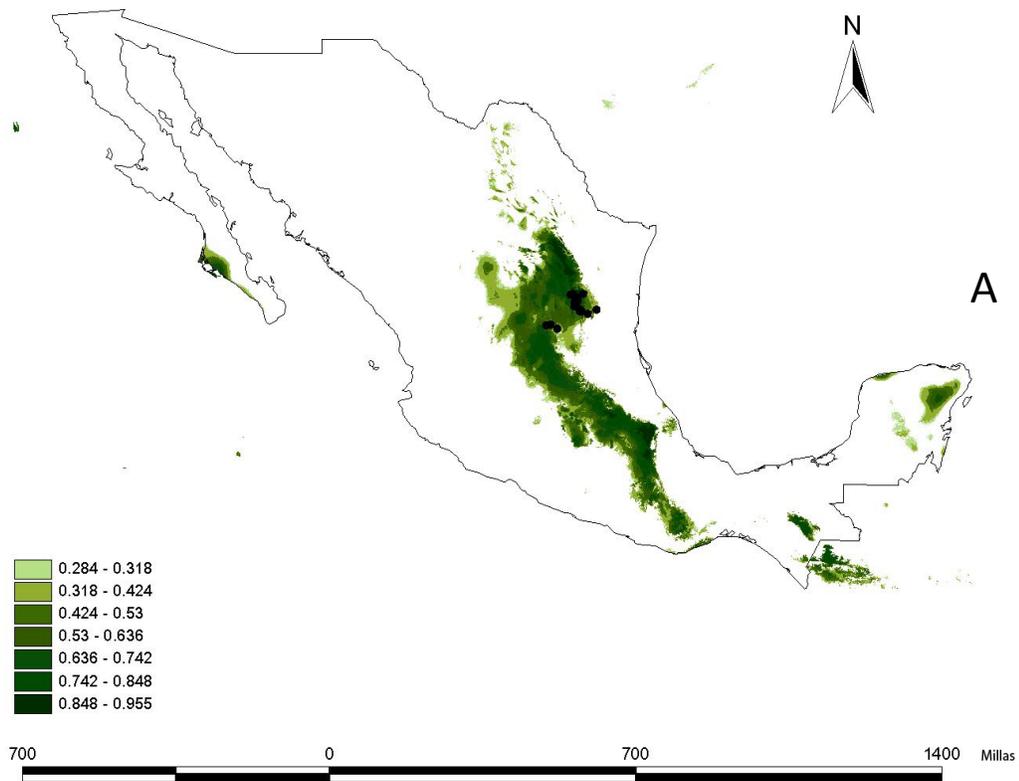


Figura G.6 Distribución potencial de *P. nelsonii*. [A] Modelamiento con las variables climáticas. [B] Modelamiento con características climáticas y uso de suelo del país. En ambos la probabilidad mínima mostrada equivale al valor mínimo en el que se ubica una población referenciada. Los círculos negros corresponden a las georeferencias de las poblaciones registradas para la especie.

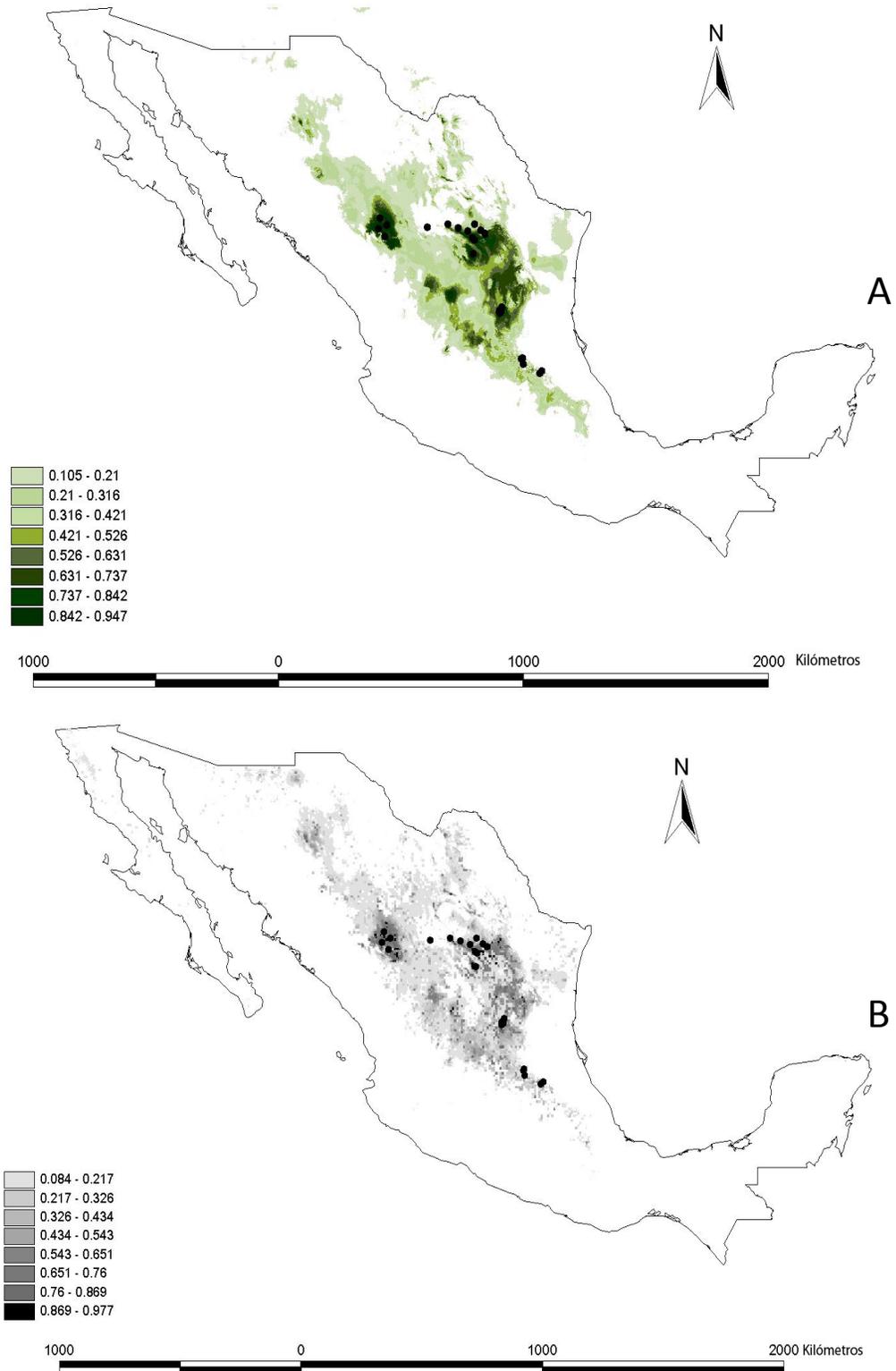


Figura G.7 Distribución potencial de *P. pinceana*. [A] Modelamiento con las variables climáticas. [B] Modelamiento con características climáticas y uso de suelo del país. En ambos la probabilidad mínima mostrada equivale al valor mínimo en el que se ubica una población referenciada. Los círculos negros corresponden a las georeferencias de las poblaciones registradas para la especie.

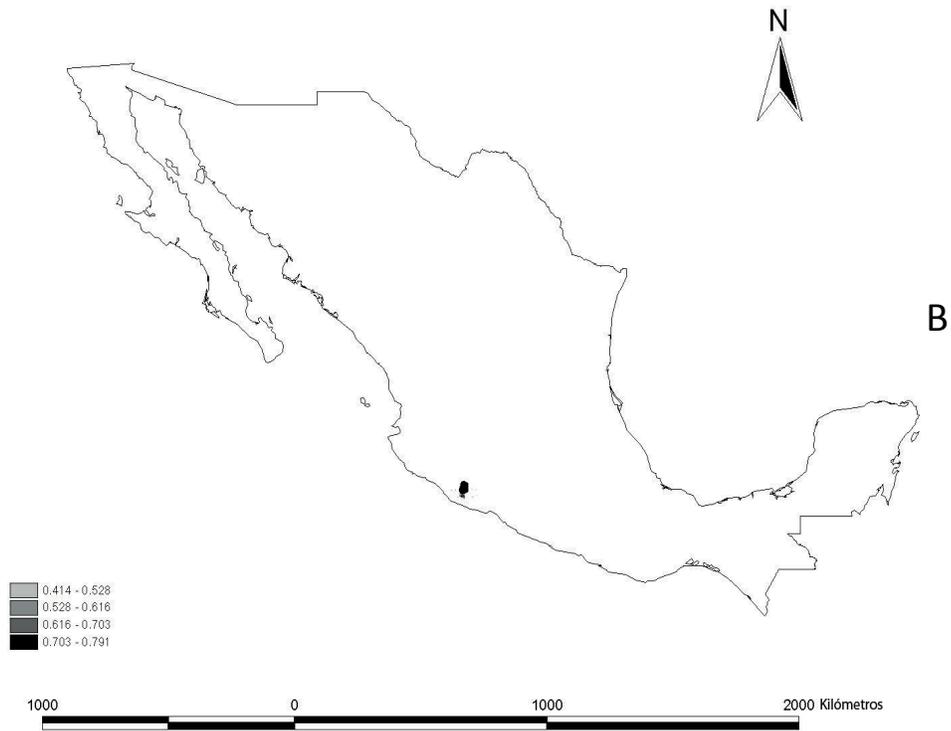
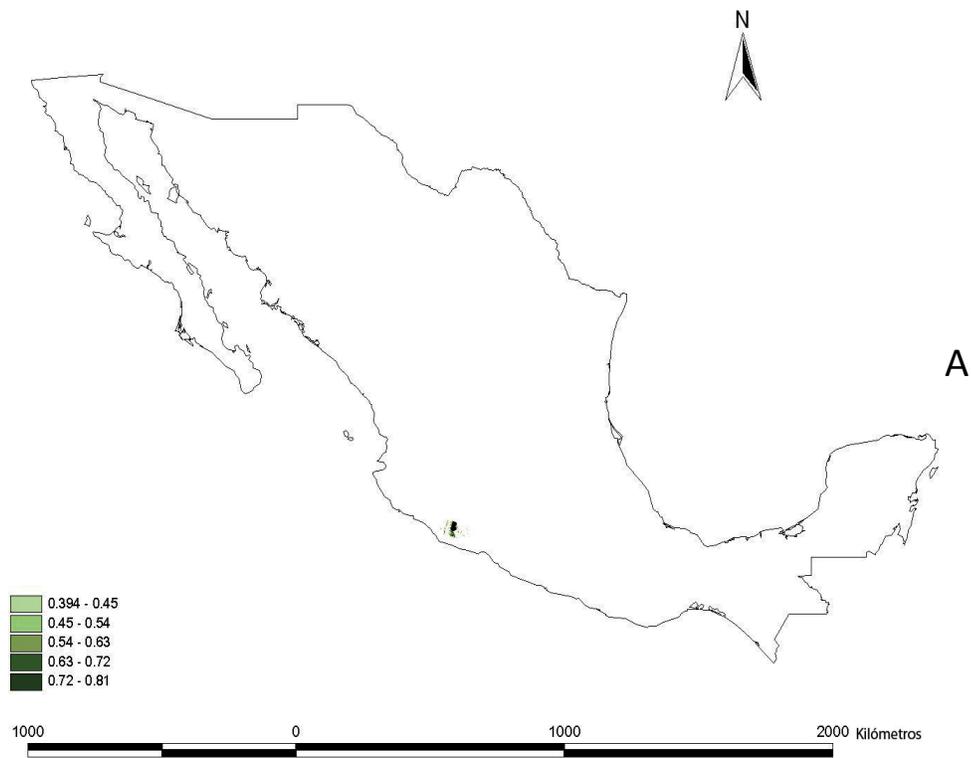


Figura G.8 Distribución potencial de *P. rzedowskii*. [A] Modelamiento con las variables climáticas. [B] Modelamiento con características climáticas y uso de suelo del país. En ambos la probabilidad mínima mostrada equivale al valor mínimo en el que se ubica una población referenciada. Los círculos negros corresponden a las georeferencias de las poblaciones registradas para la especie.

Tabla G.1 Valores de presencia mínima para la restricción probabilística de los modelos

Especie	Valor de presencia mínima	
	Variables climáticas	Climáticas y caracterización de suelo
<i>Pinus cembroides</i>	0.428	0.309
<i>P. culminicola</i>	0.498	0.544
<i>P. discolor</i>	0.506	0.516
<i>P. johannis</i>	0.681	0.730
<i>P. maximartinezii</i>	0.567	0.561
<i>P. nelsonii</i>	0.284	0.291
<i>P. pinceana</i>	0.094	0.084
<i>P. rzedowskii</i>	0.394	0.414

Anexo H

Mapas de las distribuciones potenciales de las especies de género *Abies* distribuidas en México.

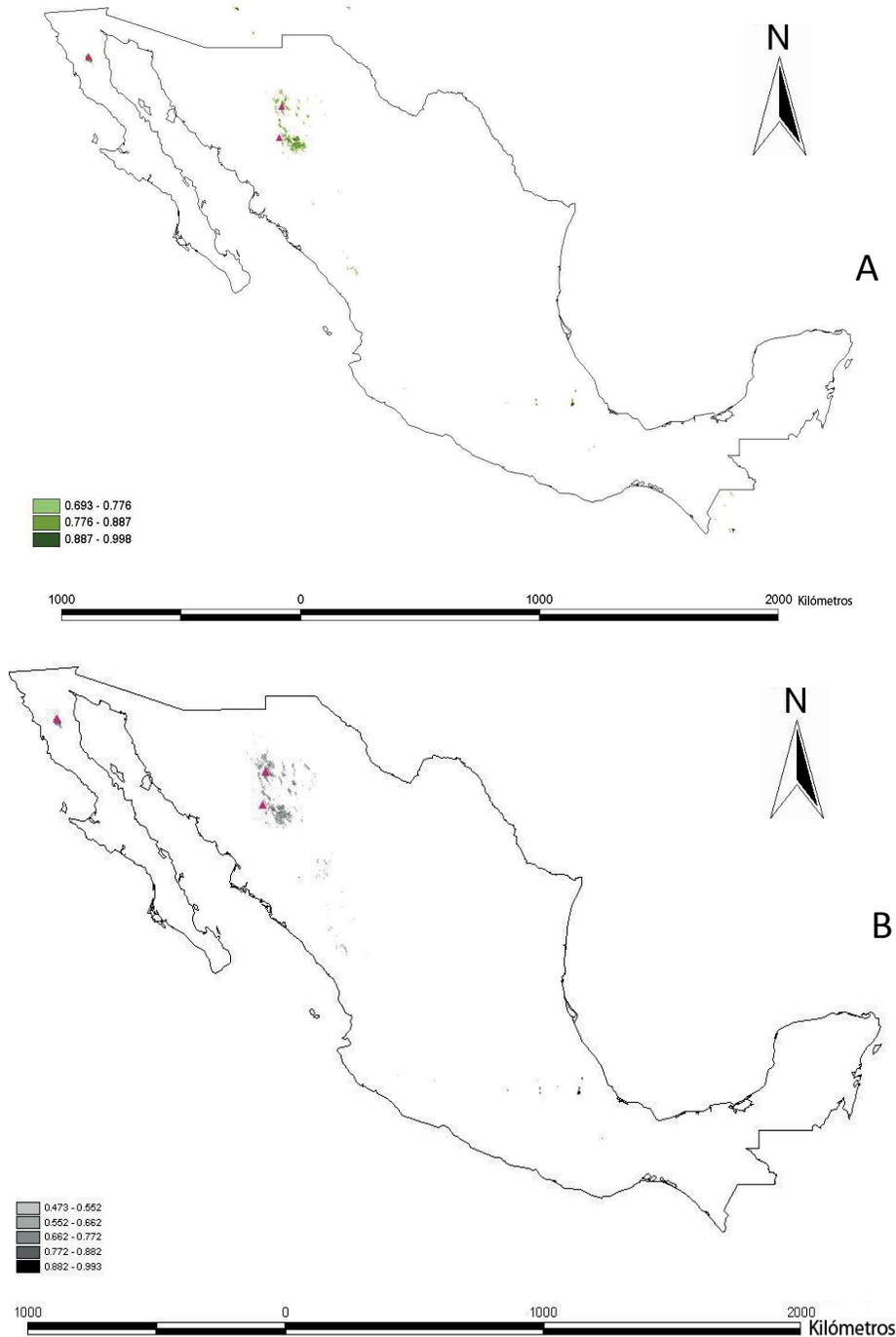


Figura H.1 Distribución potencial de *A. concolor*. [A] Modelamiento con las variables climáticas. [B] Modelamiento con características climáticas y uso de suelo del país. En ambos la probabilidad mínima mostrada equivale al valor mínimo en el que se ubica una población referenciada. Los triángulos rosas corresponden a las georeferencias de las poblaciones registradas para la especie.

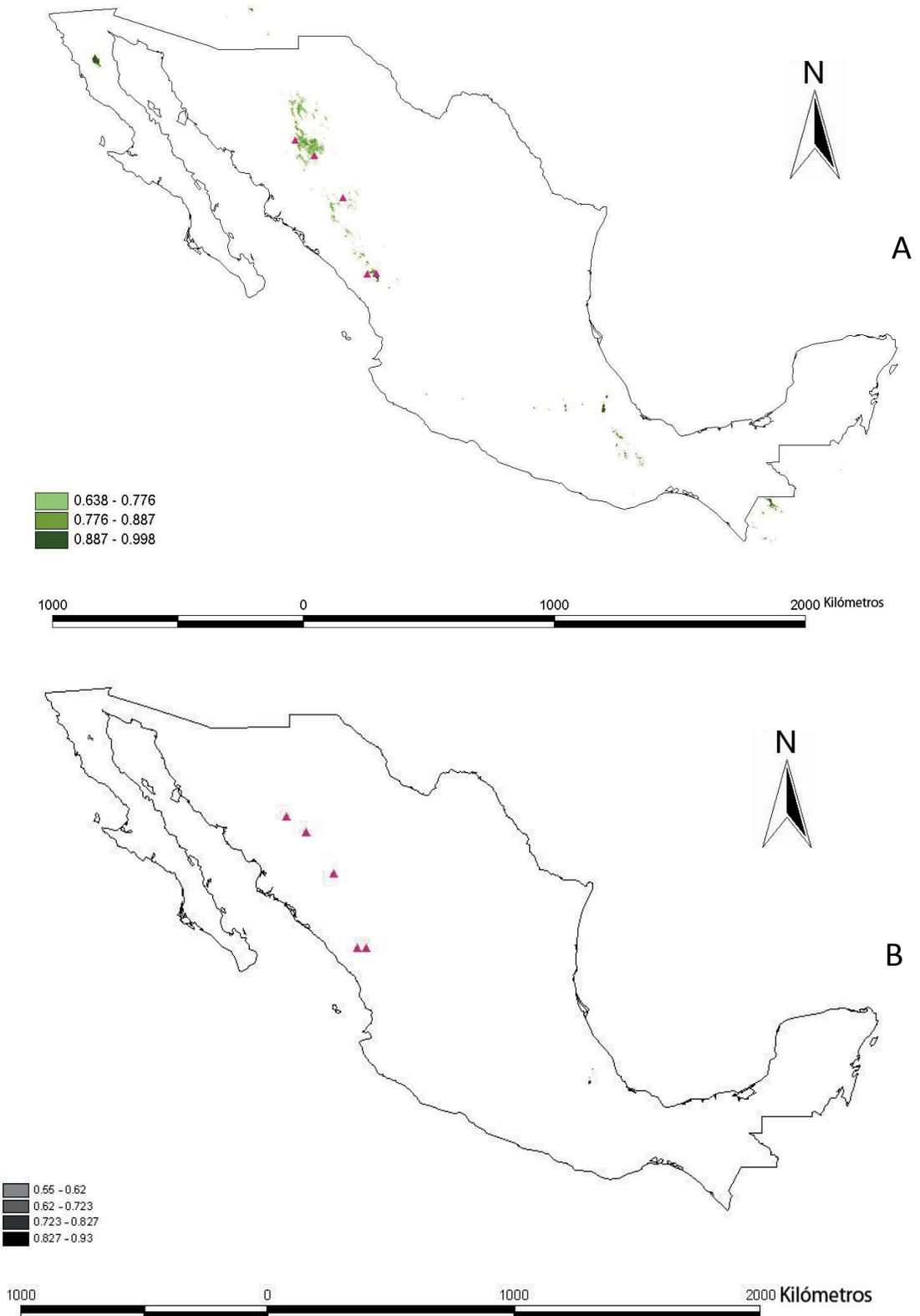


Figura H.2 Distribución potencial de *A. durangensis*. [A] Modelamiento con las variables climáticas. [B] Modelamiento con características climáticas y uso de suelo del país. En ambos la probabilidad mínima mostrada equivale al valor mínimo en el que se ubica una población referenciada. Los triángulos rosas corresponden a las georeferencias de las poblaciones registradas para la especie.

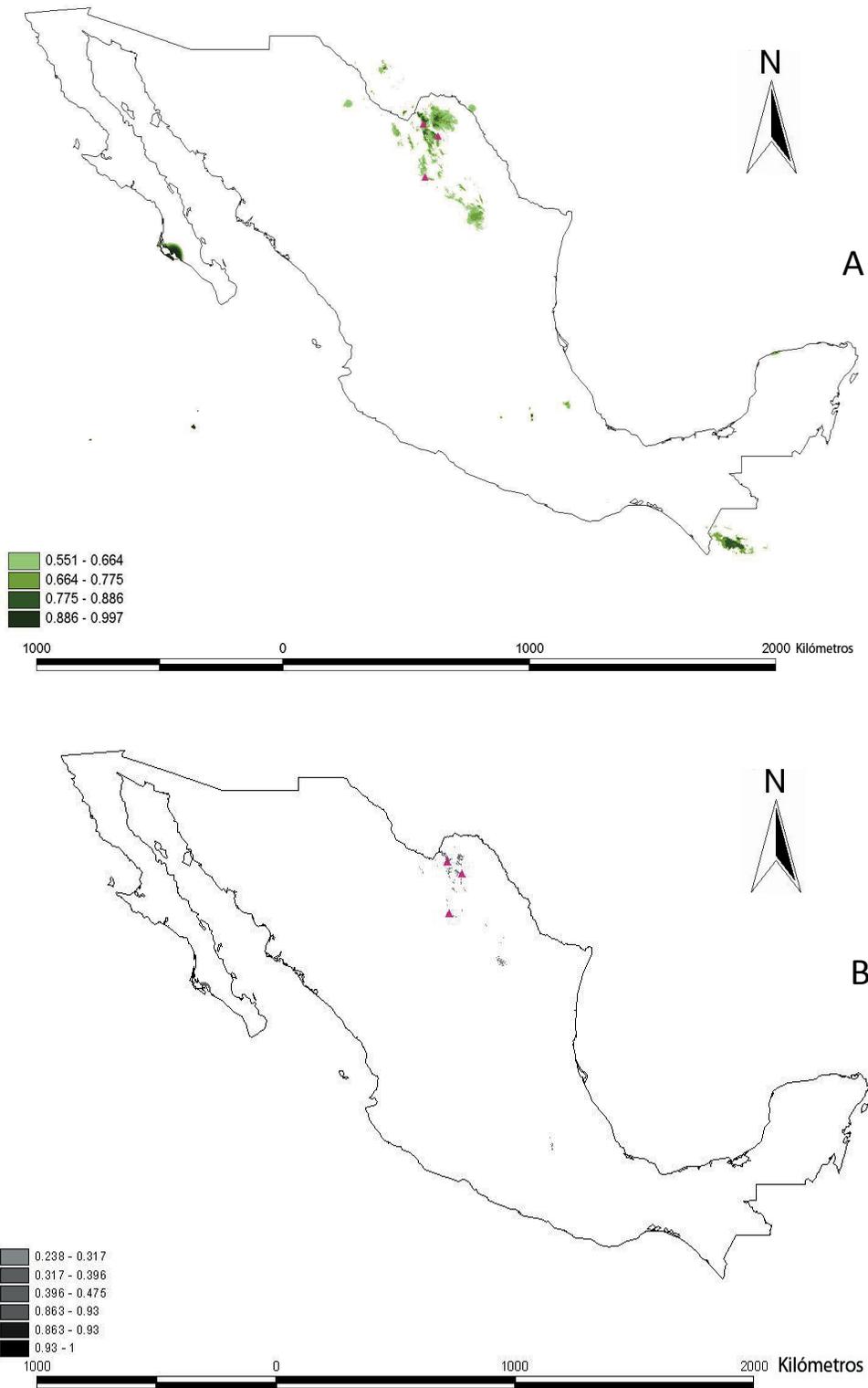


Figura H.3 Distribución potencial de *A. durangensis* va. *coahuilensis*. [A] Modelamiento con las variables climáticas. [B] Modelamiento con características climáticas y uso de suelo del país. En ambos la probabilidad mínima mostrada equivale al valor mínimo en el que se ubica una población referenciada. Los triángulos rosas corresponden a las georeferencias de las poblaciones registradas para la especie.

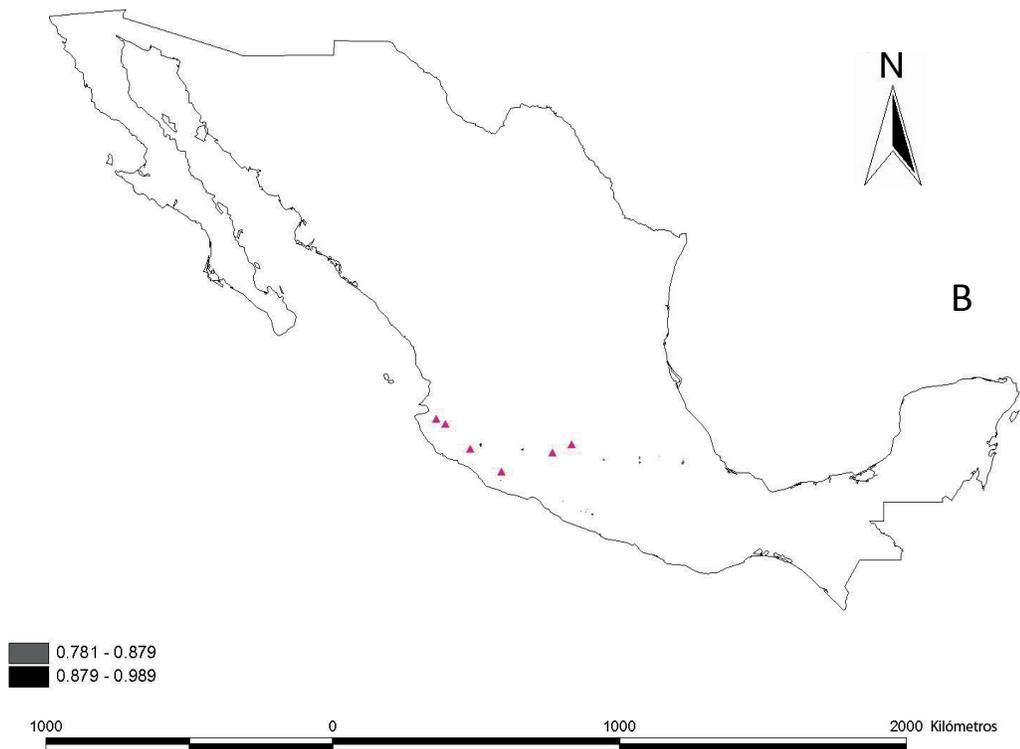
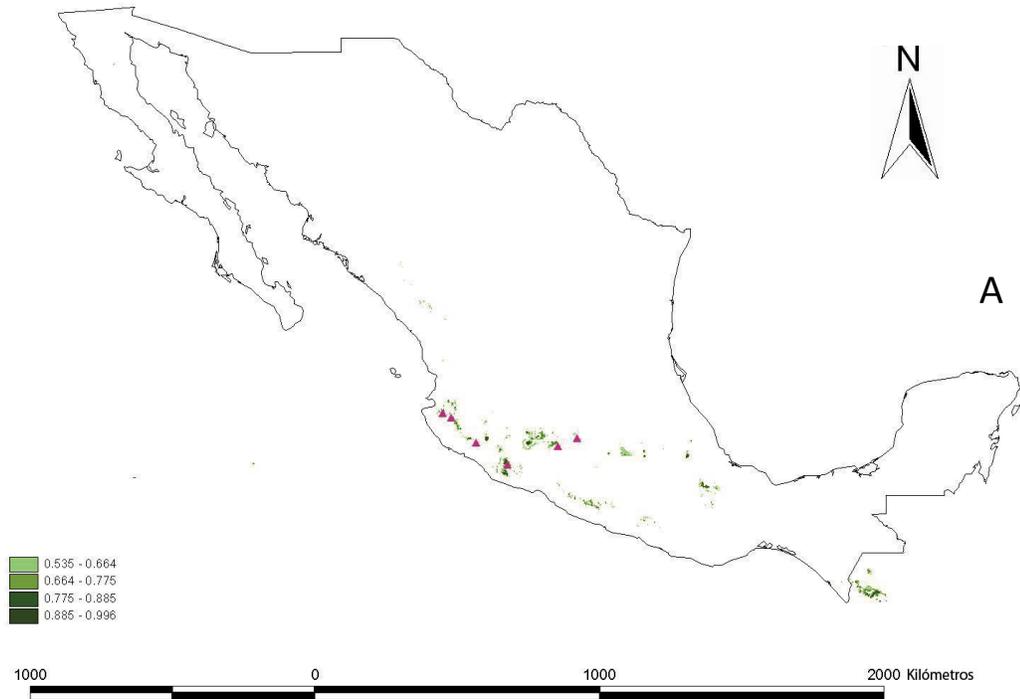


Figura H.4 Distribución potencial de *A. flinckii*. [A] Modelamiento con las variables climáticas. [B] Modelamiento con características climáticas y uso de suelo del país. En ambos la probabilidad mínima mostrada equivale al valor mínimo en el que se ubica una población referenciada. Los triángulos rosas corresponden a las georeferencias de las poblaciones registradas para la especie.

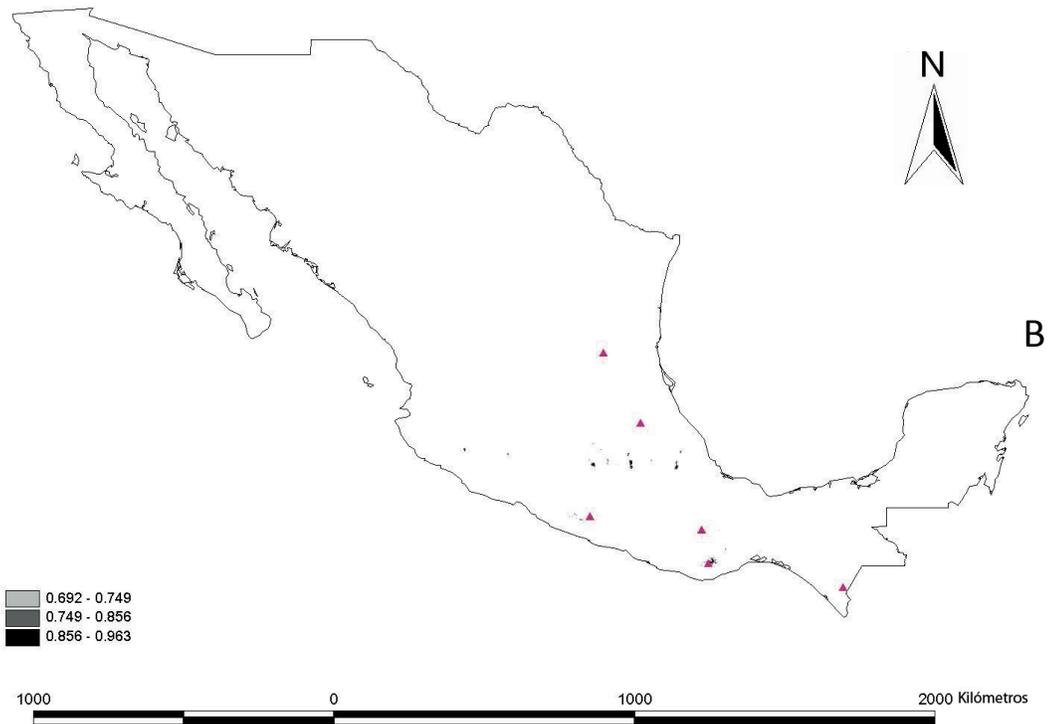
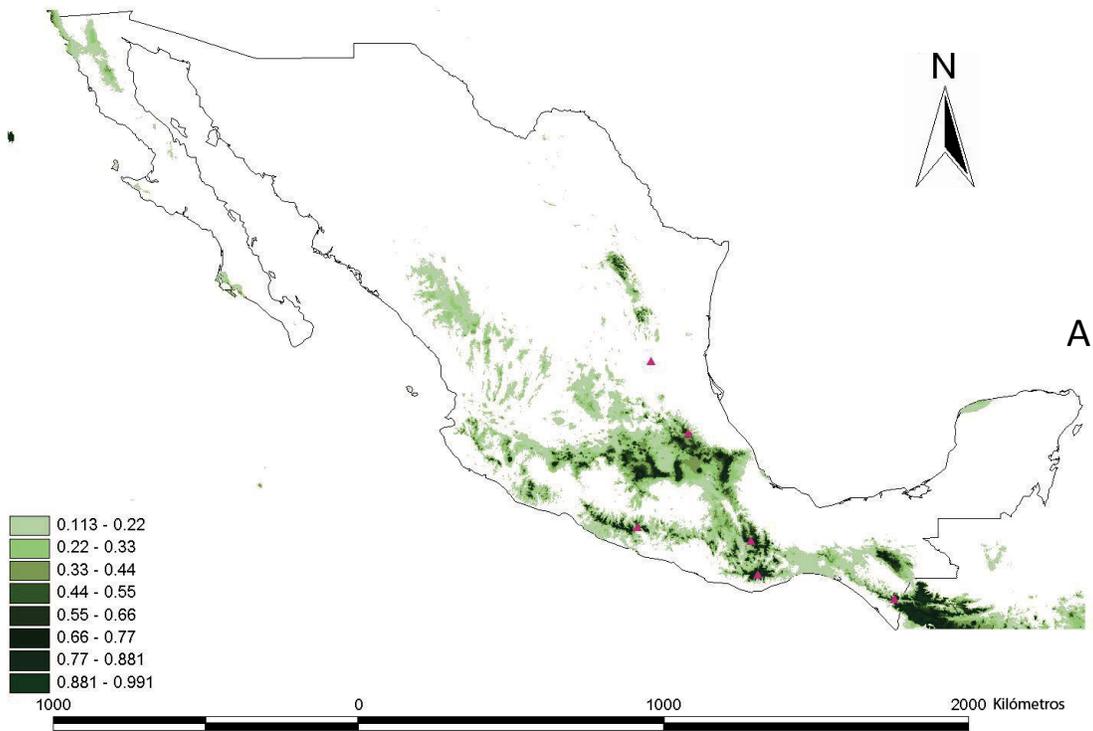


Figura H.5 Distribución potencial de *A. guatemalensis*. [A] Modelamiento con las variables climáticas. [B] Modelamiento con características climáticas y uso de suelo del país. En ambos la probabilidad mínima mostrada equivale al valor mínimo en el que se ubica una población referenciada. Los triángulos rosas corresponden a las georeferencias de las poblaciones registradas para la especie.

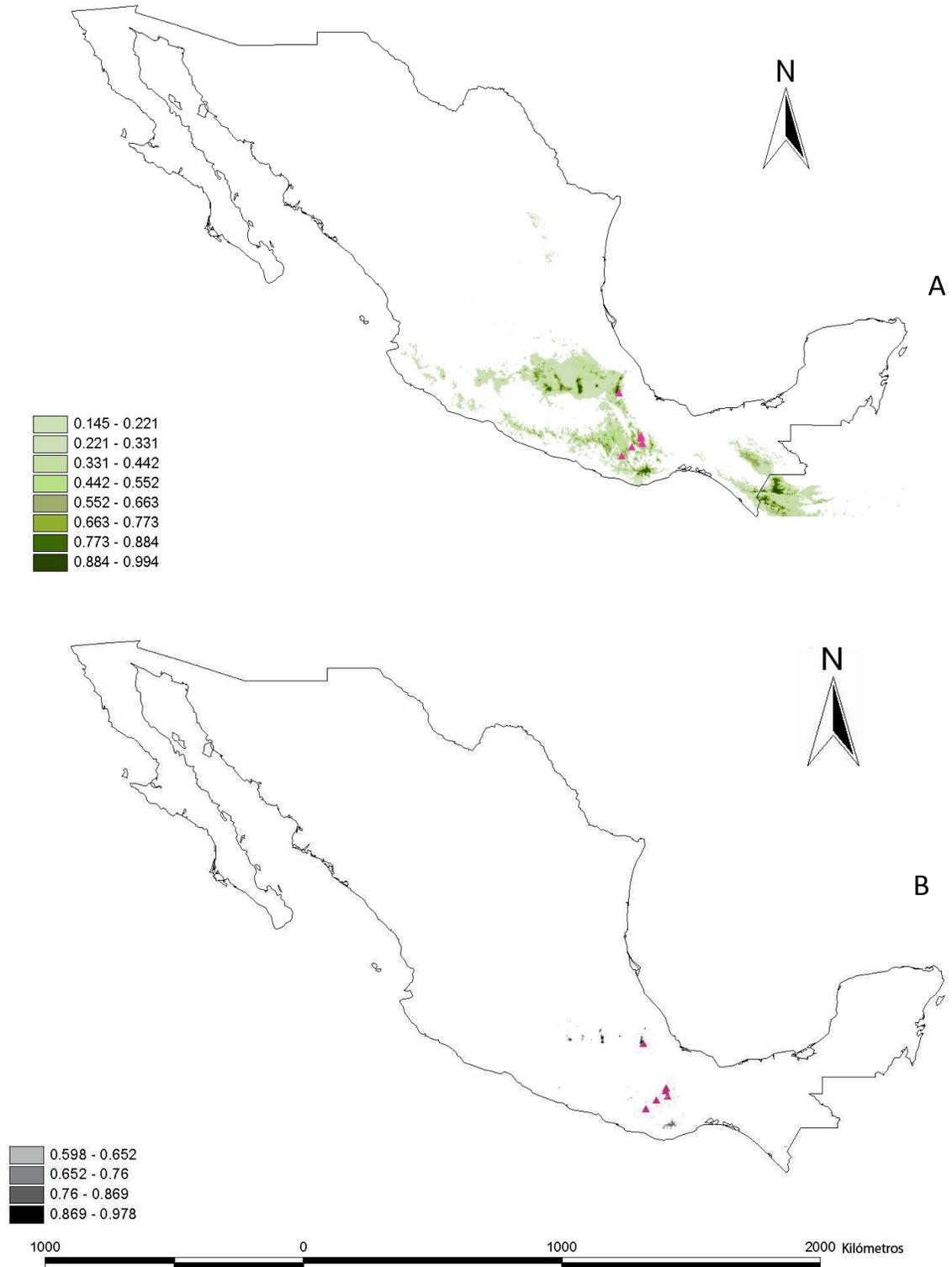


Figura H.6 Distribución potencial de *A.hickelii*. [A] Modelamiento con las variables climáticas. [B] Modelamiento con características climáticas y uso de suelo del país. En ambos la probabilidad mínima mostrada equivale al valor mínimo en el que se ubica una población referenciada. Los triángulos rosas corresponden a las georeferencias de las poblaciones registradas para la especie

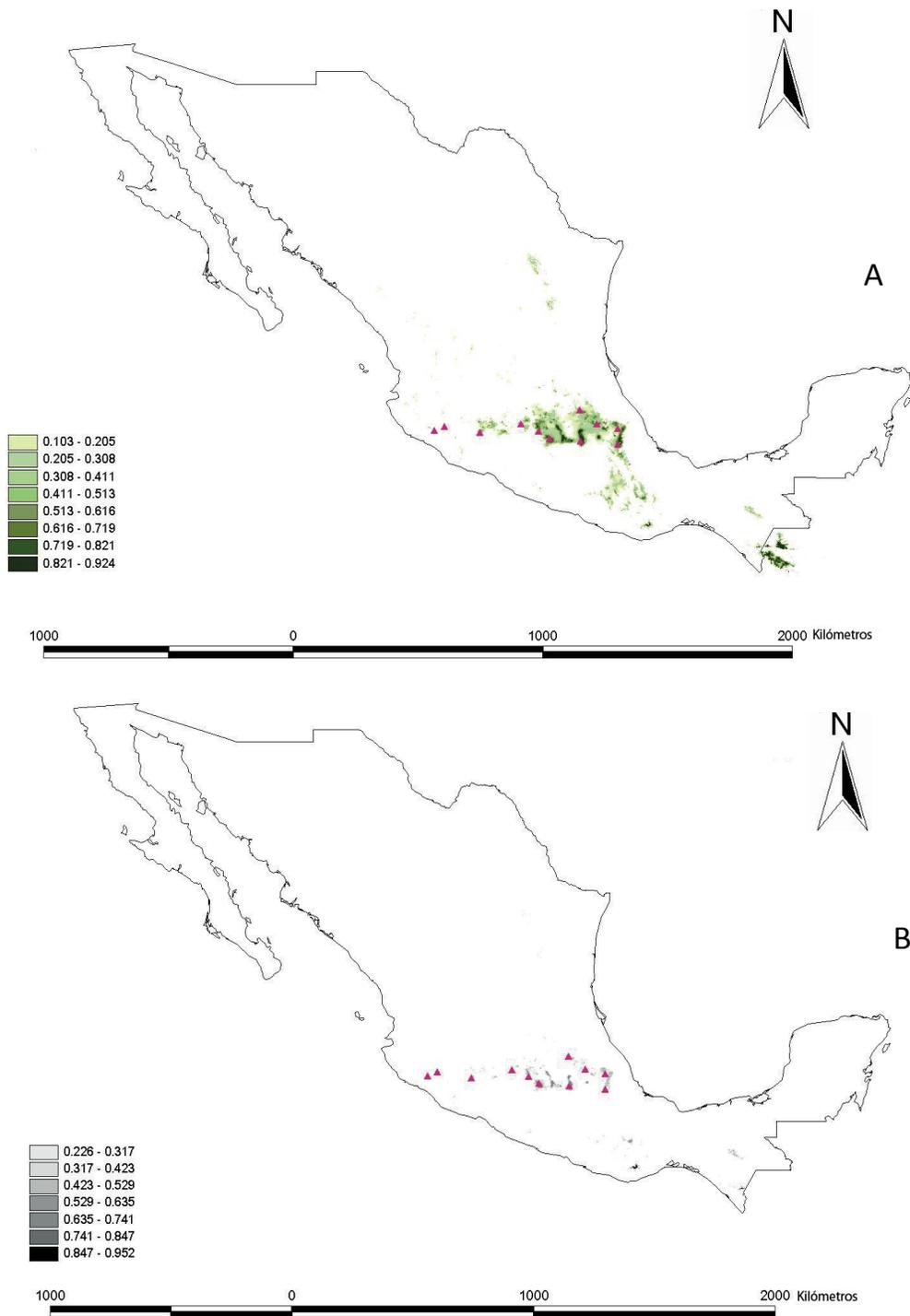


Figura H.7 Distribución potencial de *A. religiosa*. [A] Modelamiento con las variables climáticas. [B] Modelamiento con características climáticas y uso de suelo del país. En ambos la probabilidad mínima mostrada equivale al valor mínimo en el que se ubica una población referenciada. Los triángulos rosas corresponden a las georeferencias de las poblaciones registradas para la especie

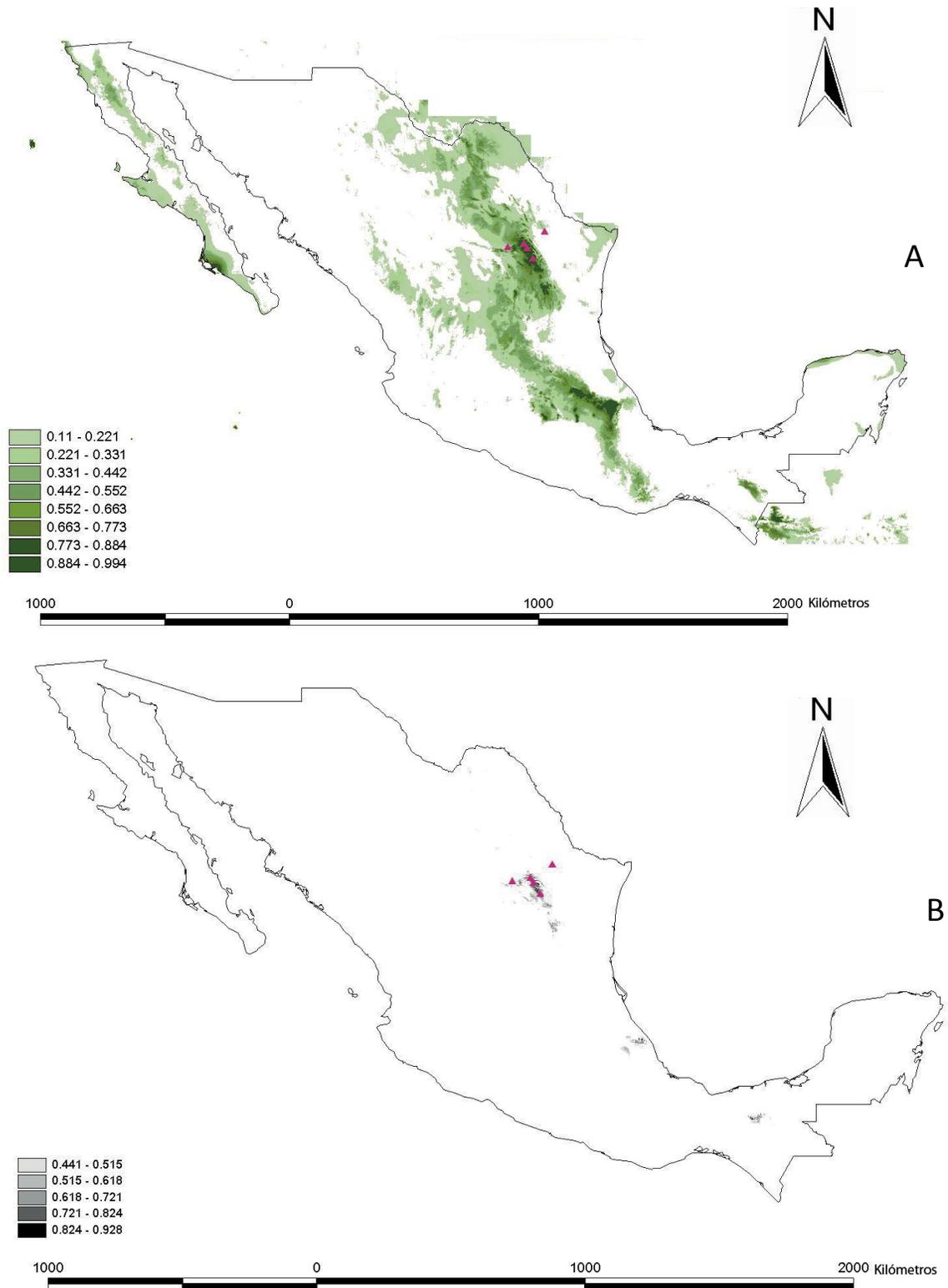


Figura H.8 Distribución potencial de *A vejarii*. [A] Modelamiento con las variables climáticas. [B] Modelamiento con características climáticas y uso de suelo del país. En ambos la probabilidad mínima mostrada equivale al valor mínimo en el que se ubica una población referenciada. Los triángulos rosas corresponden a las georeferencias de las poblaciones registradas para la especie.

Tabla H.1 Valores de presencia mínima para la restricción probabilística de los modelos

Especie	Valor de presencia mínima	
	Variables climáticas	Climáticas y caracterización de suelo
<i>Abies concolor</i>	0.693	0.473
<i>A. durangensis</i>	0.638	0.556
<i>A. durangensis var. coahuilensis</i>	0.551	0.863
<i>A. flinckii</i>	0.535	0.781
<i>A. guatemalensis</i>	0.113	0.692
<i>A. hickelii</i>	0.145	0.598
<i>A. religiosa</i>	0.103	0.226
<i>A. vejarii</i>	0.073	0.441

Tabla H.2 Áreas de distribución con el modelamiento de nicho y porcentaje de reducción contemplando los dos modelos.

	Área de distribución potencial [km ²]	Área de distribución potencial con uso de suelo [km ²]	% de reducción
<i>Abies concolor</i>	43655.1731	918.54	97.89
<i>A. durangensis</i>	13,127.30	398.46	96.96
<i>A. durangensis var. coahuilensis</i>	37,118.46	10,897.96	70.64
<i>A. flinckii</i>	10,749.39	398.46	96.29
<i>A. guatemalensis</i>	357,907.74	1,682.71	99.52
<i>A. hickelii</i>	32,393.89	2,144.40	93.38
<i>A. religiosa</i>	68,504,816.50	13,632.88	99.98
<i>A. vejarii</i>	77,076.88	9,185.54	88.08

En los modelos que consideraron exclusivamente las variables climáticas influyeron de mayoritariamente la precipitación media anual y la precipitación media en el mes más seco. Mientras que para los modelos que consideraron las variables climáticas y la caracterización del suelo influyo las características del suelo y la vegetación y la precipitación media anual.

Anexo I

Método de Evaluación del Riesgo de Extinción de las Especies Silvestres en México para especies de plantas. [MER NOM-059 SEMARNAT 2010]

El valor correspondiente se presenta entre paréntesis. Los cuatro criterios tienen la misma ponderación, siendo el valor máximo para cada uno de ellos 1. La sumatoria de los puntos en cada criterio debe ser normalizada con el puntaje máximo para ese criterio, de tal forma que el valor máximo sea 1.

I. Índice de rareza

Criterio A. Características de la distribución geográfica

1) Extensión de la distribución (los porcentajes se determinaron considerando la extensión territorial de los biomas en el país). La extensión de la distribución debe considerar el área de ocupación (el área dentro de su extensión de presencia que es ocupada por el taxón, ya que esta última puede contener hábitats no adecuados, UICN, 1994) y no sólo la extensión de presencia (área contenida dentro de los límites continuos o imaginarios más cortos que pueden dibujarse para incluir todos los sitios conocidos en los que un taxón se halla presente).

- a) El área de distribución es menor o igual a 1 km² **(4)**
- b) El área de distribución ocupa más de 1 km² pero $\leq 1\%$ del Territorio Nacional **(3)**
- c) El área de distribución ocupa $>1-\leq 5\%$ del Territorio Nacional **(2)**
- d) El área de distribución ocupa $>5-\leq 40\%$ del Territorio Nacional **(1)**
- e) El área de distribución ocupa $>40\%$ del Territorio Nacional **(0)**

2) Número de poblaciones o localidades conocidas existentes (en el caso de localidades se trata de puntos (3 mm de diámetro) que pueden ser discernibles en un mapa a una escala de 1:4 000 000).

- a) 1-3 **(3)**
- b) 4-8 **(2)**
- c) 9-25 **(1)**
- d) Mayor o igual que 26 **(0)**

3) Número de provincias biogeográficas (CONABIO, 1997) en las que se encuentra el taxón (o que abarcaba su distribución histórica). El mapa que debe ser utilizado para determinar las provincias biogeográficas donde se presenta un taxón es el de la Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad (1997), "Provincias biogeográficas de México", escala 1:4 000 000, México.

- a) 1 **(3)**
- b) 2-3 **(2)**
- c) 4-5 **(1)**
- d) Mayor o igual que 6 **(0)**

4) Representatividad de la distribución del taxón en el Territorio Mexicano. Se refiere a la importancia que pueden tener las poblaciones mexicanas dentro de la distribución geográfica de la especie.

- a) Distribución periférica o extralimital **(1)**
- b) Distribución no periférica o extralimital **(0)**

Subtotal del Criterio A = Suma del puntaje obtenido / 11

Criterio B. Características del hábitat.

- 1) ¿En cuántos tipos de vegetación se presenta? (*sensu* Rzedowski, 1978)
El mapa que debe ser utilizado para determinar el o los tipos de vegetación donde se presenta un taxón es el de Vegetación Potencial de Rzedowski (1990). IV.8.2. *Atlas Nacional de México*. Vol II. Escala 1:4 000 000. Instituto de Geografía, UNAM. México
- a) 1 **(3)**
 - b) 2 **(2)**
 - c) 3 **(1)**
 - d) Mayor o igual que 4 **(0)**
- 2) ¿El taxón tiene un hábitat especializado? Se refiere a la presencia del taxón sólo en un hábitat especializado permanente (si el hábitat es especializado pero temporal ver inciso 4).
- a) Sí **(1)**
 - b) No **(0)**
- 3) ¿La permanencia de la población es dependiente de un hábitat primario?
- a) Sí **(1)**
 - b) No **(0)**
- 4) ¿La permanencia de la población requiere de regímenes de perturbación particulares o está asociada a etapas transitorias en la sucesión?
- a) Sí **(1)**
 - b) No **(0)**
- 5) Amplitud del intervalo altitudinal que ocupa el taxón.
- a) Menor que 200 m **(3)**
 - b) 200 m - < 500 **(2)**
 - c) 500 m - <1000 m **(1)**
 - d) Mayor o igual que 1000 m **(0)**

Subtotal del Criterio B = Suma del puntaje obtenido / 9

Criterio C. Vulnerabilidad biológica intrínseca.

C-1. Demografía.

- 1) Número total de individuos (si no se tienen estimaciones asignar un valor de 0).
- a) Menor o igual que 500 **(3)**
 - b) 501 – 5,000 **(2)**
 - c) 5,001 – 50,000 **(1)**
 - d) Mayor o igual que 50,001 **(0)**
- 2) Reclutamiento (si no existe información, asignar un valor de 0). Se refiere al fenómeno

en el que nuevos individuos se unen a la población, y muchas veces hace referencia a los individuos derivados de un proceso de reproducción sexual.

- a) Hay observaciones de reclutamiento en todas las poblaciones **(0)**
- b) Hay observaciones de reclutamiento en algunas poblaciones **(2)**
- c) Hay observaciones de la ausencia de reclutamiento en todas las poblaciones **(4)**

3) Atributos demográficos (si no existe información, asignar un valor de 0).

- a) ¿Hay evidencia de densodependencia en la reproducción?
Sí **(1)**
No **(0)**
- b) ¿Hay clonalidad (capacidad de generar nuevos individuos independientes por medio de reproducción asexual)? Algunos estudios sugieren que la clonalidad permite la permanencia de algunas especies
Sí **(0)**
No **(1)**
- c) ¿Hay evidencia de decrecimiento de las poblaciones en el país?
Sí **(1)**
No **(0)**
- d) ¿Hay evidencia de una varianza muy grande en la fecundidad? En algunas especies los individuos reproductivos muy grandes contribuyen desproporcionadamente a la fecundidad de la población.
Sí **(1)**
No **(0)**
- e) ¿El taxón es dioico, los individuos son dicógamos o autoincompatibles?
Sí **(1)**
No **(0)**
- f) ¿La floración es sincrónica o gregaria?
Sí **(1)**
No **(0)**
- g) ¿El taxón produce pocos propágulos (en comparación con otros miembros de su linaje)?
Sí **(1)**
No **(0)**

C-2. *Genética* (donde no existe información asignar un valor de 0).

Para asignar valores en esta sección, se deberá evaluar los criterios 1 y 2 cuando se cuente con información molecular, de lo contrario evaluar los criterios 3 y 4 que son estimaciones indirectas.

1) Variación molecular (heterocigosis). Se refiere a la cantidad de variación genética detectada usando indicadores de diversidad genética o heterocigosis. Su nivel depende

del marcador utilizado. Por ejemplo, para isoenzimas se considera baja variación una heterocigosis esperada menor de 10% mientras que para microsatélites de cloroplasto en coníferas una diversidad haplotípica menor a 20% se considera un valor bajo.

- a) Baja (= 10%) (1)
- b) Alta (> 10%) (0)

2) Estructura genética molecular (*Fst*, *Gst*, proporción de la variación genética encontrada entre poblaciones). Este estimador es menos sensible al marcador utilizado y en este caso se consideran niveles bajos a aquellos por debajo de 20%. Se recomienda comparar los valores con especies cercanas. (si sólo existe una población asignar un valor de 1).

- a) Baja (= 20%) (0)
- b) Alta (> 20%) (1)

3) Cantidad de variación genética (estimada indirectamente mediante otros caracteres). Cuando no se cuente con información genética molecular se puede estimar la cantidad de variación genética evaluando la variación en caracteres morfológicos, susceptibilidad a patógenos, etc.

- a) Baja (1)
- b) Alta (0)

4) Nivel de diferenciación entre poblaciones (estimada indirectamente mediante otros caracteres). Cuando no haya estimadores de diferenciación genética, se puede usar el grado de diferenciación fenotípica (morfológica, fisiológica, de susceptibilidad a patógenos, etc.). También se ha encontrado en Plantas una relación entre la tasa de entrecruzamiento y el grado de diferenciación poblacional, de tal forma que si la especie preferentemente se autofecunda, probablemente tenga una alta diferenciación y viceversa (si sólo existe una población asignar un valor de 1).

- a) Baja (0)
- b) Alta (1)

C-3. Interacciones bióticas especializadas. ¿Se ha observado (o inferido) la presencia de las siguientes interacciones bióticas en el taxón? (si no existe información, asignar un valor de 0).

1) ¿El taxón requiere una “nodriza” para su establecimiento?

- a) No (0)
- b) Sí (1)

2) ¿El taxón requiere un hospedero o forofito específico (en el caso de holoparásitas o hemiparásitas y epífitas o hemiepífitas, respectivamente)?

- a) No (0)
- b) Sí (1)

3) ¿El taxón requiere un polinizador específico?

- a) No (0)
- b) Sí (1)

- 4) ¿El taxón tiene un dispersor específico?
- a) No **(0)**
 - b) Sí **(1)**
- 5) ¿El taxón presenta mirmecofilia obligada?
- a) No **(0)**
 - b) Sí **(1)**
- 6) ¿El taxón presenta dependencia estricta de la micorriza?
- a) No **(0)**
 - b) Sí **(1)**
- 7) ¿El taxón sufre una afectación importante por depredadores, patógenos (incluyendo competencia muy intensa con especies alóctonas o invasoras)?
- a) No **(0)**
 - b) Sí **(1)**

Subtotal del Criterio C = Suma del puntaje obtenido / 23

II. INDICE DE IMPACTO ANTROPOGENICO

Criterio D. Impacto de la actividad humana

- 1) ¿Como afecta al taxón la alteración antrópica del hábitat?
- a) Es beneficiado por el disturbio **(-1)**
 - b) No le afecta o no se sabe **(0)**
 - c) Es perjudicado por el disturbio **(1)**
- 2) ¿Cuál es el nivel de impacto de las actividades humanas sobre el hábitat del taxón (impacto = fragmentación, modificación, destrucción, urbanización, pastoreo o contaminación del hábitat y se refiere tanto a la intensidad como a la extensión)?
- a) El hábitat remanente no permite la viabilidad de las poblaciones existentes **(4)**
 - b) El impacto es fuerte y afecta a todas las poblaciones **(3)**
 - c) El impacto es fuerte en algunas o moderado en todas las poblaciones **(2)**
 - d) El impacto es moderado y sólo afecta algunas poblaciones **(1)**
 - e) No hay impacto significativo en ninguna población **(0)**
- 3) ¿Existe evidencia (mediciones, modelos o predicciones) que indique un deterioro en la calidad o extensión del hábitat como efecto de cambios globales (e.g., sensibilidad a cambio climático) o se prevé un cambio drástico en el uso del suelo?
- a) No **(0)**
 - b) Sí **(1)**
- 4) ¿Cuál es el impacto del uso sobre el taxón? Se refiere tanto a la intensidad como a la extensión; el uso puede implicar la extracción, la cosecha de propágulos o la remoción de parte de la biomasa de un individuo. El uso por la población humana de ciertas especies es un factor de riesgo que puede llevarlas a la extinción, pero hay muy distintas

intensidades de uso. El impacto de uso puede ser observado en el decremento o remoción de algunas poblaciones o en la disminución del vigor de los individuos, que podría tener efectos negativos en su fecundidad, dependiendo de la forma de extracción.

- a) El impacto de uso implica la remoción de las poblaciones **(4)**
- b) El impacto de uso es fuerte y afecta a todas las poblaciones **(3)**
- c) El impacto de uso es fuerte en algunas o moderado en todas las poblaciones **(2)**
- d) El impacto de uso es moderado y sólo afecta algunas poblaciones **(1)**
- e) No hay impacto de uso significativo en ninguna población **(0)**

5) ¿El es cultivado o propagado *ex situ*? (a nivel nacional o internacional). La propagación disminuye la presión de colecta sobre muchas especies de importancia comercial, además de que el material cultivado puede llegar a ser fuente de especímenes en programas de conservación *ex situ*.

- a) Sí **(-1)**
- b) No **(0)**

Subtotal del Criterio D = Suma del puntaje obtenido / 10

Después de normalizar el valor, la asignación de categorías sigue el siguiente esquema

-  Probablemente extinta en el medio silvestre: taxón que sólo sobrevive en cultivo o en cautiverio.
-  En peligro de extinción: Siguiendo el manual cuantitativo puntajes normalizados ≤ 2 . Siendo especies con un área de distribución menor o igual a 1 km²; o un número demográfico igual o menor que 500; o con un nivel de impacto de las actividades humanas sobre el hábitat del taxón, el hábitat remanente no permite la viabilidad de las poblaciones existentes.
-  Amenazada: Valores > 1.7 y < 2 . O especies con distribución fragmentada y con densidades poblacionales menores a 1 individuo por 5 hectáreas o menor, y con un impacto antropogénico >0.3 a <0.4 .
-  Sujetas a Protección Especial: Valores ≤ 1.5 y < 1.7 . O especies con un impacto antropogénico ≥ 0.3 .

Anexo J

Evaluación y clasificación de la UICN.

Las definiciones de las categorías son:

Extinto (EX): taxones en donde investigaciones exhaustivas de sus hábitats, conocidos y/o esperados, en los momentos apropiados (diarios, estacionales y anuales), y a lo largo de su área de distribución histórica, no han podido detectar un solo individuo con vida.

Extinto en estado silvestre (EW): taxón que solo sobrevive en cultivo o en cautiverio o en poblaciones fuera de su distribución original.

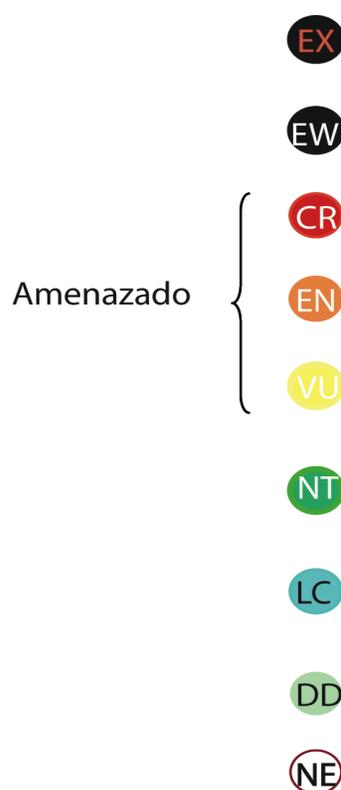


Figura J.1. Notación de las categorías de riesgo de la Lista Roja; las abreviaciones corresponden por sus siglas en inglés a: extinto (EX), extinto en estado silvestre (EW), peligro crítico (CR), peligro (EN), vulnerable (VU), casi amenazado (NT), y menor preocupación a (LC); fuera se encuentran clasificaciones para taxa con información insuficiente para su evaluación, datos insuficientes (DD), y taxa sin evaluación (NE).

Peligro crítico (CR): Taxón con características propias a la categoría en alguno de los cinco criterios de evaluación. Organismos con alto riesgo de extinción en su estado silvestre (ver Tabla J.1).

Peligro (EN): Taxón con características propias a la categoría en alguno de los cinco criterios de evaluación. Organismos con alto riesgo de extinción en su estado silvestre.

Vulnerable (VU): Taxón con características propias a la categoría en alguno de los cinco criterios de evaluación. Organismos con riesgo de extinción en su estado silvestre.

Casi amenazado (NT): No cumplen ninguno de los criterios que definen las categorías de amenazado, sin embargo estudios prospectivos sugieren una tendencia futura a algún estado amenazado.

Menor preocupación (LC): No cumplen ninguno de los criterios que definen las categorías de amenazado, siendo generalmente taxones abundantes y de amplia distribución.

Datos insuficientes (DD): No hay información adecuada para hacer una evaluación, directa y su estado de riesgo se infiere a partir de la distribución y/o condición de la población y se carecen de los datos apropiados de abundancia.

No evaluado (NE): La información del taxón no ha sido procesada o incluida en las revisiones del SIS.

Criterios de evaluación para categorías de amenaza en la lista roja, UICN.

Tabla J.1 Tabla de evaluación de los cinco criterios para la categorización de los taxones amenazados (en peligro crítico, en peligro y vulnerable).

Criterios A-E	En peligro crítico	En peligro	Vulnerable
A. Reducción de la población	Reducciones por más de 10 años o 3 generaciones		
A1	≥ 90%	≥ 70%	≥ 50%
A2, A3 & A4	≥ 80%	≥ 50%	≥ 30%
A1. Reducción de la población en el pasado, por causas reversibles, que han sido detectadas y actualmente no repercuten a la viabilidad de la población. Observadas, estimadas o inferidas a partir de:			
2) Observación directa			
3) Un índice de abundancia apropiado para el taxón			
4) Reducción del área de distribución (AOO), extensión del área de distribución (EOO) y/o la calidad del hábitat			
5) Niveles actuales o potenciales de explotación			
6) Efecto colateral de la introducción de especies, hibridación patógenos, polinizadores competidores o parásitos.			
A2. Reducción de la población observada, estimada, inferida en el pasado, debidas a causas			

que tal vez todavía afecten la viabilidad del taxón, o que no han sido estudiadas o que no son reversibles [de (a) hasta (e) en A1].

A3. Revisiones prospectivas de reducción en el tamaño de la población (a un máximo de 100 años [de (b) hasta (e) en A1].

A4. Revisiones prospectivas, estimadas o inferidas de reducción en el tamaño de la población (a un máximo de 100 años) mencionando los periodos en el pasado y en el futuro y las causas de reducción [de (a) hasta (e) en A1].

B. Distribución geográfica (extensión del área de distribución) Y/O B2 (área de distribución)

B1. Extensión del área de distribución (EOO) < 100 km² < 5,000 km² < 20,000 km²

B2. Área de distribución (AOO) < 10 km² < 500 km² < 2,000 km²

Y al menos 2 de los siguientes

(a) Severamente fragmentada, O

Número de localidades = 1 ≤ 5 ≤ 10

(b) Decremento constante en: (i) extensión del área de distribución ; (ii) área de distribución; (iii) área, extensión y/o calidad del hábitat (iv) número de localidades o subpoblaciones; (v) número de individuos maduros.

(c) Cambios extremos en: (i) extensión del área de distribución; (ii) área de distribución; (iii) número de localidades o subpoblaciones; (iv) número de individuos maduros.

C. Población pequeña o en reducción

Número de individuos maduros < 250 < 2,500 < 10,000

Y/ O **C1** o **C2**:

C1. Disminución continua en al menos el : 25% en 3 años o 1 generación en más de 100 años 20% en 5 años o 2 generaciones en más de 100 años 10% en 10 años o tres generaciones en más de 100 años

C2. Disminución continua **Y** (a) **y/o** (b):

(a.i) Número de individuos maduro en cada subpoblación:

o

(a. ii) %individuos en una subpoblación = 90–100% 95–100% 100%

(b) Fluctuaciones extremas en el número de individuos

maduros.

D. Población restringida o muy pequeña

O bien:

Número de individuos maduros. < 50 < 250 **D1.** < 1,000
y/o

VU D2. Área restringida de distribución o sitios de presencia con una futura amenaza plausible que podría conducir a que el taxón de CR o EX en muy poco tiempo. **D2.** comúnmente: AOO <20 km²
O con 5 localidades

E. Análisis cuantitativos

Indicar la probabilidad de extinción en el hábitat natural

≥ 50% in 10 años o tres generaciones (100 años max.)	≥ 20% in 20 años o 5 generaciones (100 años máx.)	≥ 10% en 100 años
--	---	-------------------

Anexo K

Método de Evaluación del Riesgo de Extinción de las Especies Silvestres en México resuelto para los pinos piñoneros de las subsecciones *Cembroides* y *Nelsoniae* de México.

	ÍNDICE DE RAREZA																															
	Criterio A					Criterio B					Criterio C																					
	1	2	3	4	Subtotal	1	2	3	4	5	Subtotal	C-1							C-2					C-3					Subtotal			
<i>Pinus cembroides</i>	2	1	1	0	0.364	3	1	0	0	1	0.556	0	1	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.130
<i>P. culminicola</i>	4	2	3	0	0.818	3	1	0	0	1	0.556	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.043
<i>P. discolor</i>	3	3	3	0	0.818	3	1	0	0	1	0.556	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.043
<i>P. johannis</i>	3	3	3	1	0.909	3	1	0	0	1	0.556	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.087
<i>P. lagunae</i>	3	3	3	0	0.818	3	1	0	0	1	0.556	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.130
<i>P. maximartinezii</i>	4	3	3	0	0.909	3	1	0	0	1	0.556	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.130
<i>P. nelsonii</i>	3	2	3	0	0.727	3	1	0	0	1	0.556	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.087
<i>P. pinceana</i>	3	1	3	0	0.636	3	1	1	0	1	0.667	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.130
<i>P. rzedowskii</i>	4	1	3	0	0.727	3	1	0	0	1	0.556	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.087

ÍNDICE DE IMPACTO ANTROPOGÉNICO Criterio D

	1	2	3	4	5	Subtotal	Total	Categoría
<i>Pinus cembroides</i>	1	2	1	2	1	0.7	1.750	Amenazado
<i>P. culminicola</i>	1	2	1	2	0	0.6	2.017	En peligro de extinción
<i>P. discolor</i>	1	2	1	2	0	0.6	2.017	En peligro de extinción
<i>P. johannis</i>	1	2	1	2	0	0.6	2.152	En peligro de extinción
<i>P. lagunae</i>	1	2	1	2	0	0.6	2.104	En peligro de extinción
<i>P. maximartinezii</i>	1	2	1	2	1	0.7	2.295	En peligro de extinción
<i>P. nelsonii</i>	1	2	1	2	0	0.6	1.970	Amenazado
<i>P. pinceana</i>	1	2	1	2	1	0.7	2.133	En peligro de extinción
<i>P. rzedowskii</i>	1	2	1	2	0	0.6	1.970	Amenazado